(19)日本国特許庁(JP)

(12)特許公報(B2)

(11)特許番号
特許第7628764号
(P7628764)

(45)発行日　令和7年2月12日(2025.2.12)

(24)登録日　令和7年2月3日(2025.2.3)

(51)国際特許分類		FI		
Ａ６１Ｋ	*39/395(2006.01)*	Ａ６１Ｋ	39/395	Ｎ
Ａ６１Ｋ	*31/7105(2006.01)*	Ａ６１Ｋ	31/7105	ＺＮＡ
Ａ６１Ｐ	*3/06 (2006.01)*	Ａ６１Ｐ	3/06	
Ａ６１Ｐ	*9/00 (2006.01)*	Ａ６１Ｐ	9/00	
Ａ６１Ｐ	*9/10 (2006.01)*	Ａ６１Ｐ	9/10	

請求項の数　33　（全1653頁）　最終頁に続く

(21)出願番号　特願2018-515951(P2018-515951)
(86)(22)出願日　平成28年9月28日(2016.9.28)
(65)公表番号　特表2018-535655(P2018-535655A)
(43)公表日　平成30年12月6日(2018.12.6)
(86)国際出願番号　PCT/US2016/054222
(87)国際公開番号　WO2017/058944
(87)国際公開日　平成29年4月6日(2017.4.6)
審査請求日　令和1年9月27日(2019.9.27)
審判番号　不服2022-312(P2022-312/J1)
審判請求日　令和4年1月7日(2022.1.7)
(31)優先権主張番号　62/259,553
(32)優先日　平成27年11月24日(2015.11.24)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
最終頁に続く

(73)特許権者　500049716
アムジエン・インコーポレーテツド
アメリカ合衆国 カリフォルニア州 ９１３２０，サウザンド オークス，ワン アムジエン センター ドライブ
(74)代理人　110001173
弁理士法人川口國際特許事務所
(72)発明者　ニオイ，ポール
アメリカ合衆国、マサチューセッツ・０２４８２、ウェルスレイ、ドニゼッティ・ストリート・１３
(72)発明者　カワード，ピーター
アメリカ合衆国、カリフォルニア・９４１１８、サン・フランシスコ、アルゲロ・ブールバード・３３０、ナンバー・１
最終頁に続く

(54)【発明の名称】　ＡＳＧＲ阻害剤

(57)【特許請求の範囲】

【請求項１】

ＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）の阻害剤の治療有効用量を含む、心血管疾患のリスクを低減することが必要な患者における心血管疾患のリスクを低減するための医薬組成物であって、前記阻害剤が、ＡＳＧＲ－１の発現を低下させる干渉ＲＮＡ、またはヒトＡＳＧＲ－１に結合して、ヒトＡＳＧＲ－１と無シアリル化糖タンパク質のＧａｌＮＡｃ残基との結合を阻害し、ＬＤＬコレステロールレベルを低下させる、単離された抗原結合性タンパク質である、医薬組成物。

【請求項２】

前記心血管疾患が、冠動脈疾患または心筋梗塞である、請求項１に記載の医薬組成物。

【請求項３】

ＡＳＧＲ－１の阻害剤の治療有効用量を含む、ＬＤＬコレステロールレベルを低下させることが必要な患者におけるＬＤＬコレステロールレベルを低下させるための医薬組成物であって、前記阻害剤が、ＡＳＧＲ－１の発現を低下させる干渉ＲＮＡ、またはヒトＡＳＧＲ－１に結合して、ヒトＡＳＧＲ－１と無シアリル化糖タンパク質のＧａｌＮＡｃ残基との結合を阻害し、ＬＤＬコレステロールレベルを低下させる、単離された抗原結合性タンパク質である、医薬組成物。

【請求項４】

ＡＳＧＲ－１の阻害剤の治療有効用量を含む、非ＨＤＬコレステロールレベルを低下させることが必要な患者における非ＨＤＬコレステロールレベルを低下させるための医薬組

成物であって、前記阻害剤が、ＡＳＧＲ－１の発現を低下させる干渉ＲＮＡ、またはヒトＡＳＧＲ－１に結合して、ヒトＡＳＧＲ－１と無シアリル化糖タンパク質のＧａｌＮＡｃ残基との結合を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質である、医薬組成物。

【請求項５】

ＡＳＧＲ－１の阻害剤の治療有効用量を含む、患者における血清ＡＬＰ（アルカリホスファターゼ）レベルを増加させるための医薬組成物であって、前記阻害剤が、ＡＳＧＲ－１の発現を低下させる干渉ＲＮＡ、またはヒトＡＳＧＲ－１に結合して、ヒトＡＳＧＲ－１と血清ＡＬＰのＧａｌＮＡｃ残基との結合を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質である、医薬組成物。

【請求項６】

前記阻害剤が、ＡＳＧＲ－１の発現を低下させる前記干渉ＲＮＡである、請求項１～５のいずれか一項に記載の医薬組成物。

【請求項７】

前記阻害剤が、前記単離された抗原結合性タンパク質である、請求項１～５のいずれか一項に記載の医薬組成物。

【請求項８】

コレステロールを低減させる少なくとも１種の薬剤と同時にまたは逐次に投与されるためのものである、請求項７に記載の医薬組成物。

【請求項９】

前記少なくとも１種の薬剤が、スタチン、抗ＰＣＳＫ９阻害剤またはそれらの組合せである、請求項８に記載の医薬組成物。

【請求項１０】

前記少なくとも１種の薬剤が、エボロクマブ、アリロクマブ、ボコシズマブ、ＡＬＮ－ＰＣＳ、アトルバスタチン、セリバスタチン、フルバスタチン、ロバスタチン、メバスタチン、ピタバスタチン、プラバスタチン、ロスバスタチン、シンバスタチンおよびそれらの何らかの組合せからなる群から選択される、請求項９に記載の医薬組成物。

【請求項１１】

心血管疾患のリスクを低減することが必要な患者における心血管疾患のリスクを低減するための、ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）の干渉ＲＮＡを含む、医薬組成物。

【請求項１２】

以下のうちの少なくとも１つである、請求項１１に記載の医薬組成物：

（ａ）前記心血管疾患が、冠動脈疾患または心筋梗塞である、

（ｂ）前記医薬組成物が、前記心血管疾患を処置するためのものである、または

（ｃ）前記医薬組成物が、前記心血管疾患を予防するためのものである。

【請求項１３】

ＬＤＬ（低密度リポタンパク質）コレステロールレベルを低下させることが必要な患者におけるＬＤＬコレステロールレベルを低下させるための、ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）の干渉ＲＮＡを含む、医薬組成物。

【請求項１４】

（ａ）前記患者が、冠動脈疾患を有しているもしくは冠動脈疾患を有するリスクがあるか、または心筋梗塞を有するリスクがある、および／あるいは

（ｂ）前記医薬組成物が、ＬＤＬコレステロールレベルを少なくとも２０％低下させるためのものである、

請求項１３に記載の医薬組成物。

【請求項１５】

非ＨＤＬ（非高密度リポタンパク質）コレステロールレベルを低下させることが必要な患者における非ＨＤＬコレステロールレベルを低下させるための、ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）の干渉ＲＮＡを含む、医薬組成物。

【請求項１６】

（ａ）前記患者が、冠動脈疾患を有しているもしくは冠動脈疾患を有するリスクがあるか、または心筋梗塞を有するリスクがある、および／あるいは
（ｂ）前記医薬組成物が、非ＨＤＬコレステロールレベルを少なくとも２０％低下させるためのものである、
請求項１５に記載の医薬組成物。
【請求項１７】
患者における血清ＡＬＰ（アルカリホスファターゼ）レベルを増加させるための、ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）の干渉ＲＮＡを含む、医薬組成物。
【請求項１８】
前記医薬組成物が、血清ＡＬＰレベルを少なくとも４０％増加させるためのものである、請求項１７に記載の医薬組成物。
【請求項１９】
以下のうちの少なくとも１つである、請求項１１～１８のいずれか一項に記載の医薬組成物：
（ａ）前記干渉ＲＮＡが、ｓｉＲＮＡもしくはｓｈＲＮＡを含むか、またはｓｉＲＮＡもしくはｓｈＲＮＡである、
（ｂ）前記干渉ＲＮＡが、少なくとも部分的に二本鎖である、あるいは
（ｃ）前記医薬組成物が、ＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）の発現を低下させるためのものである。
【請求項２０】
以下のうちの少なくとも１つである、請求項１１～１９のいずれか一項に記載の医薬組成物：
（ａ）前記干渉ＲＮＡが、センス鎖およびアンチセンス鎖を含むｓｉＲＮＡであり、前記アンチセンス鎖が、ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）配列に相補的な配列を有する領域を含み、前記領域が、少なくとも１５個の隣り合うヌクレオチドを含む、
（ｂ）前記干渉ＲＮＡが、センス鎖およびアンチセンス鎖を含み、前記センス鎖が、前記アンチセンス鎖の配列に実質的に相補的な配列を含み、１５～３０塩基対の長さの二重鎖領域を形成する、
（ｃ）前記干渉ＲＮＡが、センス鎖およびアンチセンス鎖を含み、前記センス鎖が、前記アンチセンス鎖の配列に相補的な配列を含み、１５～３０塩基対の長さの二重鎖領域を形成する、
（ｄ）前記干渉ＲＮＡが、１９～２５の塩基対の長さの二重鎖領域を含む、
（ｅ）前記干渉ＲＮＡが、１５～３０ヌクレオチドの長さであり、かつ、ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）内の配列に１００％相補的な配列を含み、前記ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）内の配列が、１５～３０ヌクレオチドの長さである、
（ｆ）前記干渉ＲＮＡが、１５～３０ヌクレオチドのセンス鎖および１５～３０ヌクレオチドのアンチセンス鎖を含むｓｉＲＮＡである、または
（ｇ）前記干渉ＲＮＡが、１９～２５ヌクレオチドのセンス鎖および１９～２５ヌクレオチドのアンチセンス鎖を含むｓｉＲＮＡである。
【請求項２１】
以下のうちの少なくとも１つである、請求項１１～２０のいずれか一項に記載の医薬組成物：
（ａ）前記干渉ＲＮＡが標的化部分にコンジュゲートされ、前記標的化部分が肝臓の細胞を標的化する、
（ｂ）前記干渉ＲＮＡが、修飾されたヌクレオチドを含む、または
（ｃ）前記医薬組成物が、非経口投与されるためのものである。
【請求項２２】
コレステロールを低減させる少なくとも１種の薬剤と同時にまたは逐次に投与されるた

めのものである、請求項１１～１２のいずれか一項に記載の医薬組成物。
【請求項２３】
前記少なくとも１種の薬剤が、スタチン、抗ＰＣＳＫ９阻害剤またはそれらの組合せである、請求項２２に記載の医薬組成物。
【請求項２４】
心血管疾患または心筋梗塞のリスクを低減することが必要な患者における心血管疾患または心筋梗塞のリスクを低減するための、ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）標的化ｓｉＲＮＡを含む、医薬組成物であって、前記ｓｉＲＮＡが、１５～３０ヌクレオチドの長さであるセンス鎖および１５～３０ヌクレオチドの長さであるアンチセンス鎖を含み、前記アンチセンス鎖が、ヒトＡＳＧＲ１配列に相補的な配列を含み、前記センス鎖が、前記アンチセンス鎖の配列に相補的な配列を含み、それにより、１５～３０塩基対の長さである二重鎖を形成する、医薬組成物。
【請求項２５】
患者における血清ＡＬＰ（アルカリフォスファターゼ）レベルを増加させるための、ヒトＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）標的化ｓｉＲＮＡを含む、医薬組成物であって、前記ｓｉＲＮＡが、１５～３０ヌクレオチドの長さであるセンス鎖および１５～３０ヌクレオチドの長さであるアンチセンス鎖を含み、前記アンチセンス鎖が、ヒトＡＳＧＲ１配列に相補的な配列を含み、前記センス鎖が、前記アンチセンス鎖の配列に相補的な配列を含み、それにより、１５～３０塩基対の長さである二重鎖を形成する、医薬組成物。
【請求項２６】
前記干渉ＲＮＡが、（ｅ）に記載される通りであり、さらに、前記ＡＳＧＲ－１（アシアロ糖タンパク質受容体１）が、配列番号３２６９９の配列を有するヒトＡＳＧＲ－１である、請求項２０に記載の医薬組成物。
【請求項２７】
前記干渉ＲＮＡが、１５～３０ヌクレオチドの長さであるセンス鎖および１５～３０ヌクレオチドの長さであるアンチセンス鎖から本質的になる、請求項２６に記載の医薬組成物。
【請求項２８】
前記センス鎖が、前記アンチセンス鎖に少なくとも９０％相補的であり、前記センス鎖および前記アンチセンス鎖によって形成される二重鎖が、１５～３０塩基対の長さである、請求項２７に記載の医薬組成物。
【請求項２９】
前記ＡＳＧＲ－１が、配列番号３２６９９の配列を有するヒトＡＳＧＲ－１である、請求項１１、１３、１５、および１７に記載の医薬組成物。
【請求項３０】
前記干渉ＲＮＡが、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡである、請求項２９に記載の医薬組成物。
【請求項３１】
前記干渉ＲＮＡが、修飾されたヌクレオチドを含む、請求項２９又は３０に記載の医薬組成物。
【請求項３２】
前記干渉ＲＮＡが、標的化部分にコンジュゲートされる、請求項２９～３１のいずれか一項に記載の医薬組成物。
【請求項３３】
前記心血管疾患が、冠動脈疾患である、請求項２４に記載の医薬組成物。
【発明の詳細な説明】
【技術分野】
【０００１】
本願は、それらの全体を参照により本明細書に組み込む、２０１６年４月７日に出願さ

れた米国特許仮出願第６２／３１９，７４０号、２０１５年１１月２４日に出願された米国特許仮出願第６２／２５９，５５３号および２０１５年９月２９日に出願された米国特許仮出願第６２／２３４，５４６号に対する優先権を主張するものである。
電子フォーマットの配列リストおよび表の参照
本願は、ＡＳＣＩＩフォーマットで電子的に提出された、その全体を参照により本明細書に組み込む、配列リストを含有する。２０１６年９月２８日に作成された前記ＡＳＣＩＩコピーは、ＡＰＭＯＬ０１７ＷＯＳＥＱＵＥＮＣＥ．ｔｘｔと命名され、１４，７７２，８１２バイトのサイズである。
【０００２】
分野
本発明の分野は、抗ＡＳＧＲ、抗ＡＳＧＲ－１および／または抗ＡＳＧＲ－２抗原結合性タンパク質が挙げられるがこれらに限定されない、ＡＳＧＲ阻害剤に関係する組成物および方法に関する。
【背景技術】
【０００３】
心臓または血管が関与する心血管疾患は、依然として、世界的規模の死亡率の主因である。心血管疾患は、狭心症および心筋梗塞（ＭＩ）を引き起こし得る冠動脈疾患（ＣＡＤ）、脳卒中、高血圧性心疾患、リウマチ性心疾患ならびに心血管系の他の障害を含む。心血管疾患、特に、冠動脈疾患を処置するための薬は、ここ数年間にわたって導入されている（例えば、スタチンと呼ばれる小分子クラスの薬物、および近年承認された、ＰＣＳＫ９を標的とする抗体であるＲｅｐａｔｈａ（登録商標））。
【発明の概要】
【発明が解決しようとする課題】
【０００４】
（発明の要旨）
一部の態様では、本発明は、ヒトＡＳＧＲに結合し、ＡＳＧＲ機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲに結合し、リガンドへのＡＳＧＲ結合を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。別の実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、リガンドへのＡＳＧＲ－１結合および／またはＡＳＧＲ－２とのＡＳＧＲ－１相互作用を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。別の実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－２に結合し、リガンドへのＡＳＧＲ－２結合および／またはＡＳＧＲ－１とのＡＳＧＲ－２相互作用を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。さらに別の実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１およびヒトＡＳＧＲ－２に結合し、リガンドへのＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２結合を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、単離された結合タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する。
【０００５】
一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、表（Ｔａｂｌｅ）３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個

以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ａに記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｂに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｂに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｂに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸

配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表Ｂに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｂに記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。さらに一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｃに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｃに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｃに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表Ｃに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｃに記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。さらなる実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表６に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表６に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表６に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表６に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表６に記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。

【０００６】

一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表３－７に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖（ｈｅａｖｙ　ｃｈａｉｎ）可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表３－７に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖（ｌｉｇｈｔ　ｃｈａｉｎ）可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表３－７に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表３－７に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを

含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表３－７に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および表３－７に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ａに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ａに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ａに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表Ａに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｂに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｂに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｂに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表Ｂに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｃに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｃに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｃに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表Ｃに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表６に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくと

も９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表６に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表６に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表６に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表６に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および表６に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。

【０００７】

一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１８個以下のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１４個以下のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１８個以下のアミノ酸残基置換、挿入（ｉｎｓｅｒｉｏｎ）もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１４個以下のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１８個以下のアミノ酸残基置換、

挿入または欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１４個以下のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに最大１８個のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに最大１４個のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに最大１８個のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに最大１４個のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。

【０００８】

一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、図５５に描写されている通り表１９Ａに、または図５６に描写されている通り表２１－３４に、または図５６に描写されている通り表４９－９５に記されている、ＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、図５５に描写されている通り表２０Ａに、または図５６に描写されている通り表３５－４８に、または図５７に描写されている通り表９６－１３４に記されている、ＶＬドメインアミノ

酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り表１９Ａに、または図５６に描写されている通り表２１－３４に、または図５７に描写されている通り表４９－９５に記されている、ＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および図５５に描写されている通り表２０Ａに、または図５６に描写されている通り表３５－４８に、または図５７に描写されている通り表９６－１３４に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り表１９Ａに、または図５６に描写されている通り表２１－３４に、または図５７に描写されている通り表４９－９５に記されている、ＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および図５５に描写されている通り表２０Ａに、または図５６に描写されている通り表３５－４８に、または図５７に描写されている通り表９６－１３４に記されている、ＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む。

【０００９】

一部の態様では、本発明は、本明細書に開示されている抗原結合性タンパク質のいずれかによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表２－７に記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表Ａに記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表Ｂに記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表Ｃに記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表６に記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。

【００１０】

一部の態様では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１への結合に関して、本明細書に開示されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、結合に関して、表２－７に記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、結合に関して、表Ａに記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、結合に関して、表Ｂに記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。さらに一部の実施形態では、本発明は、結合に関して、表Ｃに記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。さらに別の実施形態では、本発明は、結合に関して、表６に記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。

【００１１】

一部の態様では、本発明は、炭水化物認識ドメイン（「ＣＲＤ」）（炭水化物結合ドメインまたは「ＣＢＤ」としても知られている）内でヒトＡＳＧＲ－１に結合し、リガンドへのヒトＡＳＧＲ－１結合を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１４８－２９１または１４９－２９１または１５０－２９１または１５１－２９１または１５２－２９１または１５３－２９１または１５４－２９１または１５５－２９１内でヒトＡＳＧＲ－

１に結合する。一部の実施形態では、本発明は、ヘリックス（ｈｅｌｉｘ）α－１内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１７４－１８６内でヒトＡＳＧＲ－１に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ヘリックスα－２内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１９４－２０６内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基２３７－２７３または残基２４０－２６７内でヒトＡＳＧＲ－１に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に対し少なくとも９０％同一であるアミノ酸配列を有するＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、抗体である。

【００１２】

一部の態様では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質または抗体を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質または抗体は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１がリガンドに結合することを阻害する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ

１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９

６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、

Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、

Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ

２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ

２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１

に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ１に結合する：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７またはＴ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧ

Ｒ－１に結合する：Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９またはＧ２５２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８またはＣ２６９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４またはＱ２７０（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ

２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【００１３】

一部の態様では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープを提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１がリガンドに結合することを阻害する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１４８－２９１内でヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、

Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３

４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ ＮＯ：５）。

【００１４】

一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、

Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、

Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６またはＤ２６７（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６またはＤ２６７（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８またはＲ２７１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８またはＣ２６９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体が、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４またはＱ２７０（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合される

ときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ

２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、ヒトＡＳＧＲ－１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）の次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８

５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ

１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、ヒトＡＳＧＲ－１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）の次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７またはＴ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形

態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、

Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９またはＧ２５２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に
結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【００１５】

一部の態様では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質または抗体を含む。一部の実施形態では、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する単離された抗原結合性タンパク質または抗体は、リガンドへのヒトＡＳＧＲ－１の結合を阻害する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、リガンドがヒトＡＳＧＲ－１に結合する場所と重複する場所において、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する。一部の実施形態では、リガンドがＡＳＧＲ－１に結合する場所は、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８またはＲ２７１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）からなる群から選択される少なくとも１つのアミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質または抗体は、リガンドがＡＳＧＲ－１に結合する場所と重複する場所において、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する。一部の実施形態では、リガンドがヒトＡＳＧＲ－１に結合する場所は、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７およびＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）からなる群から選択される少なくとも１つのアミノ酸残基を含む。

【００１６】

一部の態様では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、ヒトＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質であって、バリアント（ｖａｒｉａｎｔ）ＡＳＧＲ－１タンパク質に結合しない抗原結合性タンパク質であり、前記バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｐ２２０、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｅ２５３、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４、およびＥ２８０からなる群から選択される残基の単一突然変異を含む、抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質または抗体が考慮される。バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質への測定された抗体結合シグナル低下（野生型ＡＳＧＲ－１への結合に関して決定されたシグナルと比較して）が、後述する実施例７Ｅに記載の方法のような、当業者に知られたあらゆる方法によって測定された場合に統計的に有意

である場合、抗原結合性タンパク質は、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質に「結合しない」。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｐ２２０、Ｇ２５１およびＲ２６３からなる群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｐ２２０およびＧ２５１からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５、Ｅ１９６およびＫ１９９からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５、Ｅ１９６およびＨ２０４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５、Ｋ１９９およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５およびＥ１９６からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５およびＫ１９９からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５またはＰ２０７からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｈ２０３およびＨ２０４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｋ１９９およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、残基Ｗ１９５の突然変異である。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｈ２１５、Ｐ２２０、Ｐ２３８、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｇ２５１およびＮ２６５からなる群から選択される残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｈ２１５、Ｐ２２０、Ｇ２４６、Ｇ２４８、Ｇ２５１およびＮ２６５からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｌ１８４、Ｐ２２０、Ｐ２３８、Ｈ２４７およびＧ２５１からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１７０、Ｓ１７１およびＬ１８４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、残基Ｒ１８３の突然変異である。一部の実施形態では、単一突然変異は、残基Ｌ１８４の突然変異である。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２５１、Ｅ２５３およびＤ２６０からなる群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２５１、Ｅ２５３およびＤ２６０からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｐ２４１、Ｄ２４３およびＥ２５３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、残基Ｄ２６０の突然変異である。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３およびＮ２６５からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ２３７、Ｄ２６０およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ２３７、Ｔ２５９、Ｄ２６０およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１７０、Ｒ２３７、Ｐ２４１、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３およびＮ２６５からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３およびＮ２６５からなる群から選択される。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｅ１９６、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｐ２３８、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４およびＥ２８０からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｅ１９６、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｐ２３８、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｑ２７

０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４およびＥ２８０からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｅ１９６、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｄ２４３、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｄ２６０、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４およびＥ２８０からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｖ２０８、Ｒ２７１、Ｐ２７２およびＲ２７４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｒ２７１およびＲ２７４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｎ２０９およびＲ２７１からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１７０、Ｇ１７２、Ｖ２０８、Ｒ２７１およびＰ２７２からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｖ２０８、Ｐ２３８、Ｒ２７１、Ｐ２７２およびＲ２７４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｐ２３８、Ｒ２７１、Ｐ２７２およびＲ２７４からなる群から選択される。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｇ１７２、Ｐ２３８、Ｒ２７１およびＲ２７４からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｇ１７２、Ｖ２０８およびＲ２７４からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｒ１８３、Ｈ２１５およびＱ２７０からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｐ２４１、Ｔ２５９およびＮ２６５からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｐ２０７およびＲ２６３からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｇ１７２、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｈ２４７、Ｌ２４９、Ｎ２６５、Ｒ２７１およびＰ２７２からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、２つ以上のバリアントＡＳＧＲ－１タンパク質に結合せず、このバリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、この群の単一突然変異を個々に含む。

【００１７】

一部の態様では、本発明は、本明細書に記載されている核酸分子を含むベクターを含む。一部の実施形態では、本発明は、本明細書に記載されている核酸分子を含む宿主細胞を含む。

【００１８】

一部の態様では、本発明は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質をコードする核酸分子を含む。

【００１９】

一部の態様では、本発明は、本明細書に記載されている少なくとも１つの抗原結合性タンパク質を含む医薬組成物を含む。

【００２０】

一部の態様では、本発明は、心血管疾患を処置または予防する方法であって、心血管疾患の処置または予防を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１つ以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻

害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、心血管事象の相対リスク低下は、患者において、少なくとも約５％、少なくとも約１０％、少なくとも約１５％、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％である。

【００２１】

一部の態様では、本発明は、冠動脈疾患になるまたは心筋梗塞（ＭＩ）を有するリスクを減少させる方法であって、冠動脈疾患になるまたは心筋梗塞（ＭＩ）を有するリスクの減少を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１つ以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、冠動脈疾患またはＭＩの相対リスク低下は、患者において、少なくとも約５％、少なくとも約１０％、少なくとも約１５％、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％である。

【００２２】

他の態様では、本発明は、患者における血中ＬＤＬコレステロールレベルを低下させる方法であって、血中ＬＤＬコレステロールレベルの低下を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１つ以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、血中ＬＤＬコレステロールは、患者における血中ＬＤＬコレステロールの投薬前レベルと比較して、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％、少なくとも約６５％、少なくとも約７０％、少なくとも約７５％、少なくとも約８０％、少なくとも約８５％または少なくとも約９０％低下される。

【００２３】

さらに他の態様では、本発明は、患者における非ＨＤＬコレステロールレベルを低下させる方法であって、非ＨＤＬコレステロールレベルの低下を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１つ以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、非ＨＤＬコレステロールは、患者における非ＨＤＬコレステロールの投薬前レベルと比較して、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約

６０％、少なくとも約６５％、少なくとも約７０％、少なくとも約７５％、少なくとも約８０％、少なくとも約８５％または少なくとも約９０％低下される。

【００２４】

一部の態様では、本発明は、患者におけるアルカリホスファターゼ（「ＡＬＰ」）レベルを増加させる方法であって、ＡＬＰレベルの増加を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１つ以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、ＡＬＰレベルは、患者における投薬前ＡＬＰレベルと比較して、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％、少なくとも約６５％、少なくとも約７０％、少なくとも約７５％、少なくとも約８０％、少なくとも約８５％または少なくとも約９０％増加される。一部の実施形態では、ＡＬＰレベルは、処置前よりも少なくとも約１．２５×、１．５×、２×、２．５×、３×、３．５×、４×、４．５×および５×増加される。

【００２５】

一部の態様では、本発明は、患者におけるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２をアンタゴナイズする方法であって、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２のアンタゴナイズを必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１つ以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。

【図面の簡単な説明】

【００２６】

【図１Ａ】ヒト（ｈｕｍａｎ）（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６９９）、カニクイザル（ｃｙｎｏ）（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７００）、イヌ（ｄｏｇ）（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７０１）、ブタ（ｐｉｇ）（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７０２）、ラット（ｒａｔ）（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７０３）およびマウス（ｍｏｕｓｅ）ＡＳＧＲ－１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７０４）のＡＳＧＲ－１配列アラインメントの図である。ＡＳＧＲ－１の異なる領域を示す四角で囲った領域（すなわち、細胞質（ｃｙｔｏｐｌａｓｍｉｃ）、膜貫通（ｔｒａｎｓｍｅｍｂｒａｎｅ）および炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ；炭水化物認識ドメイン（ｃａｒｂｏｈｙｄｒａｔｅ　ｂｉｎｄｉｎｇ　ｄｏｍａｉｎ）、すなわちＣＤＲとも呼ばれる）は、これらの領域のおおよそのアミノ酸位置の代表である；ヒトＹ２７３アミノ酸は四角で囲まれている。

【図１Ｂ】ヒトＡＳＧＲ－１配列アラインメント（出現の順序でそれぞれ、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯＳ　３２７０５－３２７１０）の図である。

【図２】ヒト（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７１３）、カニクイザル（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７１４）、イヌ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７１６）、ブタ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７１５）、ラット（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７１２）およびマウスＡＳＧＲ－２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７１１）のＡＳＧＲ－２配列アラインメントの図である。ＡＳＧＲ－２の異なる領域を示す四角で囲った領域（すなわち、細胞質、膜貫通および炭水化物結合

ドメイン（ＣＢＤ；炭水化物認識ドメイン、すなわちＣＤＲとも呼ばれる）は、これらの領域のおおよそのアミノ酸位置の代表である。
【図３】ヒトＡＳＧＲ－１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７１７）対ヒトＡＳＧＲ－２ｖ２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２７１８）アラインメントが提供されている図である。
【図４】ｄｅｌ１２バリアントがＡＳＧＲ－１におけるスプライシングエラーおよびフレームシフトと関連する図である。（Ａ）ＡＳＧＲ－１　ｍＲＮＡの構造の概観。エクソン（ＥＸＯＮ））４および５が、ｃＤＮＡを増幅させるために使用されるＰＣＲプライマー（ｐｒｉｍｅｒ）（赤色矢印）の位置と共に強調される（ｄｅｌ１２バリアントはスプライシングされていないＲＮＡにおけるエクソン４と５との間のイントロン４内にある）。（Ｂ）ｄｅｌ１２保因者（ｃａｒｒｉｅｒ）および非保因者（ｎｏｎ－ｃａｒｒｉｅｒ）の血液から単離されたＲＮＡから生成されたｃＤＮＡを増幅させることによって生成されたＰＣＲ産物を示すアガロースゲル。矢印は、ｄｅｌ１２ヘテロ接合体保因者においてのみ観測された切断されたバンド（２１７ｂｐ）のサイズと共に予測されたＰＣＲ産物（２３９ｂｐ）のサイズの両方を示す。（Ｃ）サンガー配列決定に基づいて全長（２３９ｂｐ）とバリアント（２１７ｂｐ）ｃＤＮＡ断片との間の配列の相違が示されている。ｄｅｌ１２保因者におけるバリアント配列は、終止コドンのフレームシフトおよび導入を生じる野性型配列と比較してエクソン４の末端において２２ｂｐを欠失している。（Ｄ）ｄｅｌ１２保因者において観察されたスプライシング欠損の図表示。エクソン４－イントロン４境界周囲の配列（大文字のエクソン４配列および小文字のイントロン４配列）が、非保因者における５’スプライス部位（ｓｐｌｉｃｅ　ｓｉｔｅ）およびｄｅｌ１２保因者において活性化された潜在性の５’スプライス部位と共に示されている。（Ｅ）ＩｌｌｕｍｉｎａＴｒｕＳｅｑ法を使用した、ｄｅｌ１２の保因者および非保因者由来の増幅したｃＤＮＡ産物の配列決定後に生成した配列決定読み取りの直接デジタル計数によるヘテロ接合体ｄｅｌ１２保因者および非保因者由来の全長（２３９ｂｐ）およびバリアント（２１７ｂｐ）ｃＤＮＡ断片の定量化。不正確にスプライシングしたＡＳＧＲ－１転写産物のパーセンテージ（％　ｏｆ　ｔｏｔａｌ　ＡＳＧＲ１　ｔｒａｎｓｃｒｉｐｔ　ｉｎｃｏｒｒｅｃｔｌｙ　ｓｐｌｉｃｅｄ）を示す。不正確にスプライシングした形態は非保因者において完全に検出できなかったことに留意されたい。
【図５】（Ａ）ｄｅｌ１２バリアントを、合計で４１，６４８人のＣＡＤ症例および２４７，３７４人の対照の示した集団において型に分けた図である。各コホートに関して、四角（組み合わせた推定値の場合、ダイヤモンド）は推定されるオッズ比を示し、線は９５％の信頼区間を示す。８つの研究集団にわたって異質性の証拠はなかった（Ｐｈｅｔ＝０．９６）。（Ｂ）性別によって階層化されたＡＳＧＲ－１におけるｄｅｌ１２の保因者および非保因者における最初の心筋梗塞に対する生存率についてのカプラン－マイヤー曲線である。心筋梗塞を有さなかった個体の割合をｙ軸に示し、ｘ軸に年齢に対してプロットした。男性（Ｍａｌｅ）および女性（Ｆｅｍａｌｅ）は別々に表し、区別を各場合においてｄｅｌ１２保因者と非保因者との間で行う。
【図６】ＡＳＧＲ－１における以前に同定した配列バリアントとｄｅｌ１２との間のＣＡＤと非ＨＤＬコレステロールレベルとの間の関係の比較の図である。アイスランド人の集団に基づいて、非ＨＤＬコレステロールレベル（Ｎ＝１１９，１４６）に対するマイナーアレル（ｍｉｎｅｒ　ａｌｌｅｌｅ）の推定効果の関数として冠動脈疾患（ＣＡＤ、４１，６４８人の症例および２４７，３７４人の対照）についてのマイナーアレルの推定オッズ比（Ｏｄｄｓ　Ｒａｔｉｏ：ＯＲ）。含まれる配列バリアントの完全なリストは表１．７に提供されている。エラーバーは９５％信頼区間を表す。ＡＳＧＲ－１におけるｄｅｌ１２バリアントが示されている。線は原点を通る最適な線形回帰適合を示す。
【図７】ＡＳＧＲ－１ノックアウトマウス由来の血清ＡＬＰ、ＡＬＴおよびＡＳＴの解析が提供されている図である。パネルＡは研究したオスのマウス（ｍａｌｅ　ｍｉｃｅ）からのデータであり、パネルＢはメスのマウス（ｆｅｍａｌｅ　ｍｉｃｅ）からのデータである。
【図８】構築物Ｓ１６６２を使用してｈＡＳＧＲ－１をトランスフェクトしたＣＨＯ細胞

におけるＲＮＡｉインビトロデータの図である。パネルＡはヒトＡＳＧＲ－１の発現の低減を実証するウェスタンブロットである。パネルＢはヒトＡＳＧＲ－１の発現の相対的低減のグラフ表示である。パネルＣは、構築物Ｓ１６６２を受容しているＣＨＯ細胞がリガンド（β－ＧａｌＮＡｃ）の内部移行の劇的な低減を示すことを実証している。

【図９】様々な構築物を使用してｍＡＳＧＲ－１をトランスフェクトしたＣＨＯ細胞におけるＲＮＡｉインビトロデータの図である。パネルＡはマウスＡＳＧＲ－１の発現の低減を実証するウェスタンブロットである。パネルＢはマウスＡＳＧＲ－１の発現の相対的低減のグラフ表示である。パネルＣは、様々な構築物を受容しているＣＨＯ細胞がリガンド（β－ＧａｌＮａｃ）の内部移行の劇的な低減を示すことを実証している。

【図１０】構築物Ｓ１６６２を使用したＨｅｐＧ２細胞におけるＲＮＡｉインビトロデータの図である。パネルＡはヒトＡＳＧＲ－１の発現の低減を実証するウェスタンブロットである。パネルＢはヒトＡＳＧＲ－１の発現の相対的低減のグラフ表示である。

【図１１】様々な構築物を使用したｈＡＳＧＲ－２をトランスフェクトしたＣＨＯ細胞におけるＲＮＡｉインビトロデータの図である。パネルＡはヒトＡＳＧＲ－２の発現の低減を実証するウェスタンブロットである。パネルＢは様々な構築物によるヒトＡＳＧＲ－２の発現の相対的低減のグラフ表示である。

【図１２】様々な他の構築物を使用してｍＡＳＧＲ－１およびｍＡＳＧＲ－２をトランスフェクトしたＣＨＯ細胞におけるＲＮＡｉインビトロデータの図である。パネルＡはマウスＡＳＧＲ－１（抗マウスＡＳＧＲ－１または抗ｆｌａｇ）またはマウスＡＳＧＲ－２（抗ｈｉｓ）の発現の低減を実証するウェスタンブロットである。パネルＢは様々な構築物によるマウスＡＳＧＲ－１の発現の相対的低減のグラフ表示である。パネルＣは様々な構築物によるマウスＡＳＧＲ－２の発現の相対的低減のグラフ表示である。

【図１３】様々な構築物を使用したＨｅｐＧ２細胞におけるＲＮＡｉインビトロデータの図である。パネルＡはヒトＡＳＧＲ－２の発現の低減を実証するウェスタンブロットである。パネルＢは様々な構築物によるヒトＡＳＧＲ－２の発現の相対的低減のグラフ表示である。

【図１４】０日目に１回の注射、２日目に１回の注射および４日目に１回の注射の、合計で３回の注射をした、７日にわたって様々な構築物を使用したＣ５７ＢＬ／６ＪマウスにおけるｍＲＮＡｉインビボデータの図である。パネルＡは、肝臓におけるｍＡＳＧＲ－１　ＲＮＡの発現の相対的低減を示す定量的ｐｃｒデータのグラフ表示である。パネルＢは肝臓におけるｍＡＳＧＲ－２　ＲＮＡの発現の相対的低減のグラフ表示である。

【図１５】０日目に１回の注射、２日目に１回の注射および４日目に１回の注射の、合計で３回の注射をした、７日にわたって様々な構築物を使用したＣ５７ＢＬ／６ＪマウスにおけるｍＲＮＡｉインビボデータの図である。パネルＡは、マウスＡＳＧＲ－１タンパク質の発現の低減を実証するウェスタンブロットである。パネルＢは、血清ＡＬＰ活性の相対的増加のグラフ表示である。

【図１６】０日目に１回の注射をした、７日にわたって様々な構築物を使用したＣ５７ＢＬ／６ＪマウスにおけるｍＲＮＡｉインビボデータの図である。パネルＡは、肝臓におけるｍＡＳＧＲ－２の発現の相対的低減のグラフ表示である。パネルＢは、肝臓におけるｍＡＳＧＲ－１の発現の相対的低減のグラフ表示である。

【図１７】０日目に１回の注射をした、７日にわたって様々なＡＳＧＲ－２構築物を使用したＣ５７ＢＬ／６ＪマウスにおけるｍＲＮＡｉインビボデータの図である。この図は血清ＡＬＰ活性の相対的増加のグラフ表示である。

【図１８】パネルＡは、ＡＳＧＲ－１／ラクトース（ｌａｃｔｏｓｅ）複合体の結晶構造のコンピュータ表現を示す図である。パネルＢは、観察された電子密度のコンピュータ表現の図である。パネルＣは、炭水化物結合ドメインの拡大図である。

【図１９】パネルＡは、ＡＳＧＲ－１／ガラクトース（ｇａｌａｃｔｏｓｅ）複合体の結晶構造のコンピュータ表現を示す図である。パネルＢは、観察された電子密度のコンピュータ表現の図である。パネルＣは、炭水化物結合ドメインの拡大図である。

【図２０】ＡＳＧＲ－１／ラクトース（白色）複合体とＡＳＧＲ－１／ガラクトース（黒

色）複合体との間のＲ２３７の立体構造の相違の拡大図の結晶構造のコンピュータ表現の図である。
【図２１】パネルＡは、ＡＳＧＲ－１／ＧａｌＮＡｃ複合体の結晶構造のコンピュータ表現を示す図である。パネルＢは、観察された電子密度のコンピュータ表現の図である。パネルＣは、炭水化物結合ドメインの拡大図である。
【図２２】パネルＡは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび５Ｅ５　Ｆａｂの構造の描写を示す図である。パネルＢは、破線により不規則な炭水化物結合ループを表し、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の間接的な阻害を強調するＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび５Ｅ５　Ｆａｂの拡大図である。パネルＢはまた、先端から先端まで５オングストローム距離（ｄｉｓｔａｎｃｅ）を表す両矢印も組み込んでいる。
【図２３】パネルＡは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢおよび２２Ｇ５　Ｆａｂの構造の描写を示す図である。パネルＢは、破線により不規則な炭水化物結合ループを表し、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の間接的な阻害を強調するＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび２２Ｇ５　Ｆａｂの拡大図である。パネルＢはまた、先端から先端まで５オングストローム距離を表す両矢印も組み込んでいる。
【図２４】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび４Ａ２　Ｆａｂの構造の描写の図である。
【図２５】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤヘリックスアルファ－２と相互作用する４Ａ２　ＦａｂのＣＤＲを示し、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の間接的な阻害を強調するＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび４Ａ２　Ｆａｂの構造の拡大図である。この図は先端から先端まで５オングストローム距離を表す両矢印を組み込んでいる。
【図２６】先端から先端まで５オングストローム距離を表す両矢印を含む４Ａ２　Ｆａｂを有するおよび有さないＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび炭水化物結合ループ（ｃａｒｂｏｈｙｄｒａｔｅ　ｂｉｎｄｉｎｇ　ｌｏｏｐ）の構造の拡大図である。
【図２７】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび７Ｅ１１　Ｆａｂの構造の描写の図である。
【図２８】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび７Ｅ１１　Ｆａｂの構造の拡大図である。この図は、破線により不規則な炭水化物結合ループを表し、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の間接的な阻害を強調する。この図は、先端から先端まで５オングストローム距離を表す両矢印を組み込んでいる。
【図２９】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび４Ｈ６　Ｆａｂの構造の描写の図である。
【図３０】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび４Ｈ６　Ｆａｂの構造の拡大図である。この図は、破線により不規則な炭水化物結合ループを表し、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の間接的な阻害を強調する。この図は、先端から先端まで５オングストローム距離を表す両矢印を組み込んでいる。
【図３１】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび７２Ｇ９　Ｆａｂの構造の描写の図である。
【図３２】パネルＡは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび７２Ｇ９　Ｆａｂの構造の拡大図であり、パネルＢは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤならびにＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンドの構造とも重なる７２Ｇ９　Ｆａｂの構造の描写の図であり、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の直接的な阻害を強調する。
【図３３】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび１９４Ａ４　Ｆａｂの構造の描写の図である。
【図３４】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび１９４Ａ４　Ｆａｂの構造の拡大図である。この図は、破線により不規則な炭水化物結合ループを表し、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の間接的な阻害を強調する。この図は、先端から先端まで５オングストローム距離を表す両矢印を組み込んでいる。
【図３５】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび５４Ｅ９　Ｆａｂの構造の描写の図である。
【図３６】パネルＡは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび５４Ｅ９　Ｆａｂの構造の拡大図であり、パネルＢは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤならびにＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンドの構造とも重なる５４Ｅ９　Ｆａｎの構造の描写の図であり、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の直接的な阻害を強調する。
【図３７】パネルＡは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび２１８Ｇ４　Ｆａｂの構造の描写の図であり、パネルＢは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび２１８Ｇ４　Ｆａｂの構造の拡大図であ

る。
【図３８】パネルＡおよびＢは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤならびにＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンドの構造とも重なる２１８Ｇ４　Ｆａｂの構造の拡大図である。これらの図は、２１８Ｇ４　Ｆａｂが存在する場合、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の直接的な阻害を強調する。
【図３９】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび１７６Ｈ４　Ｆａｂの構造の描写の図である。
【図４０】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤならびにＡＳＧＲ－１およびリガンドの構造とも重なる１７６Ｈ４　Ｆａｂの構造の拡大図である。この図は、１７６Ｈ４　Ｆａｂが存在する場合、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の直接的な阻害を強調する。
【図４１】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび１９４Ｃ１０　Ｆａｂの構造の描写の図である。この図は、破線により不規則な炭水化物結合ループを示し、表し、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の起こり得る間接的な阻害を強調する。
【図４２】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび１９４Ｃ１０　Ｆａｂの構造の拡大図である。この図は、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤと相互作用する１９４Ｃ１０のＣＤＲを示し、これらはＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびリガンド（ＧａｌＮＡｃ）結合の直接的な阻害であり得ることを強調する。
【図４３】パネルＡ－Ｃは、ヒトＡＳＧＲ－１およびヒトＡＳＧＲ－２を発現する細胞からの抗体結合（ｂｉｎｄｉｎｇ　ｏｆ　ａｎｔｉｂｏｄｙ）結果を示すグラフ表示の図である。
【図４４】パネルＡは、肥満カニクイザルにおける血清（ｓｅｒｕｍ）ＬＤＬコレステロール（ｃｈｏｌｅｓｔｅｒｏｌ）レベルに対するＡＳＧＲ－１抗体、４Ａ２の効果のグラフ表示の図である。パネルＢは、肥満カニクイザルにおける血清アルカリホスファターゼレベルに対するＡＳＧＲ－１抗体、４Ａ２の効果のグラフ表示の図である。データはベースラインからの変化％において表す（Ｄａｔａ　ｅｘｐｒｅｓｓｅｄ　ａｓ　％　ｃｈａｎｇｅ　ｆｒｏｍ　ｂａｓｅｌｉｎｅ）。
【図４５】パネルＡは、正常なカニクイザルにおける血清ＬＤＬコレステロールレベルに対するＡＳＧＲ－１抗体、４Ａ２の効果のグラフ表示の図である。パネルＢは、正常なカニクイザルにおける血清アルカリホスファターゼ（ａｌｋａｌｉｎｅ　ｐｈｏｓｐｈａｔａｓｅ）レベルに対するＡＳＧＲ－１抗体、４Ａ２の効果のグラフ表示の図である。データはベースラインからの変化パーセントにおいて表す。
【図４６】アルギニン／グルタミン酸スキャニング突然変異導入法からの試験ＡＳＧＲ－１リガンド遮断抗体－参照抗体の組合せの決定係数プロファイルを表す決定係数ヒートマップ（ｃｏｅｆｆｉｃｉｅｎｔ　ｏｆ　ｄｅｔｅｒｍｉｎａｔｉｏｎ　ｈｅａｔ　ｍａｐ）の図である（実施例７Ｅ）。暗陰影は高度に類似したデータを表すのに対して、明陰影は高度に類似していないデータを表す。相対的エピトーププロファイリング（ｒｅｌａｔｉｖｅ　ｅｐｉｔｏｐｅ　ｐｒｏｆｉｌｉｎｇ）（抗体競合／結合）ビン（ｂｉｎ）割当も示す。
【図４７】ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤタンパク質およびアルギニン／グルタミン酸スキャニング突然変異導入法により抗体結合にとって重要であると同定したアミノ酸残基の表面位置の代替の図を示すコンピュータ表現の図である（実施例７Ｅ）。相対的エピトーププロファイリング（抗体競合／結合）ビン割当も示す。リガンド（ＧａｌＮＡｃ）を棒状表現（黒色）として示す。ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤを表面表現（薄灰色）として示す。Ａｒｇ／Ｇｌｕ突然変異走査によって同定したアミノ酸の位置を示す（濃灰色表面）。各々のビンにおける重要なアミノ酸の相対位置を参照のみのために示す。
【図４８】ヒト、マウス、ラット、ブタ、イヌおよびカニクイザルＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２についての様々なタンパク質配列を提示する表である（表１）。
【図４９】本発明の特定の抗原結合性タンパク質についての可変軽および重鎖ＣＤＲ１、ＣＤＲ２およびＣＤＲ３アミノ酸配列を提示する２つの表である（表２Ａおよび表２Ｂ）。表２Ａは可変軽鎖ＣＤＲ１、ＣＤＲ２およびＣＤＲ３を提示するのに対して、表２Ｂは可変重鎖ＣＤＲ１、ＣＤＲ２およびＣＤＲ３を提示する。表２Ａおよび２ＢにおけるＣＤ

Ｒ配列は空間の問題に起因して折り返して表記され、他に述べられない限り、単一アミノ酸配列であると理解されるべきである。
【図５０】本発明の特定の抗原結合性タンパク質についての軽および重鎖可変ドメインのアミノ酸配列を提示する表を表（表３）に示す。表３における軽および重鎖可変ドメインのアミノ酸配列は空間の問題に起因して折り返して表記され、他に述べられない限り、単一アミノ酸配列であると理解されるべきである。
【図５１】本発明の特定の抗原結合性タンパク質についての軽および重可変領域のタンパク質アラインメントを提示する表である（表４）。アスタリスク「＊」は終止コドンを示す。終止コドンを含有する配列は配列表において異なる配列として表すが、これらの配列は関連する。しかしながら、一般的に言えば、表４に提示されるタンパク質アラインメントにおける軽および重鎖可変ドメインのアミノ酸配列は空間の問題に起因して折り返して表記され、他に述べられない限り、１つ以上の終止コドンを有する配列の場合と同じように、単一アミノ酸配列であると理解されるべきである。
【図５２】本発明の特定の抗原結合性タンパク質についての軽および重可変領域のコンセンサスタンパク質アラインメント（ｃｏｎｓｅｎｓｕｓ　ｐｒｏｔｅｉｎ　ａｌｉｇｎｍｅｎｔ）を提示する表である（表５）。アスタリスク「＊」は終止コドンを示す。終止コドンを含有する配列は配列表に異なる配列として表すが、これらの配列は関連する。しかしながら、一般的に言えば、表５に提示されるコンセンサスタンパク質アラインメントにおける軽および重鎖可変ドメインのアミノ酸配列は空間の問題に起因して折り返して表記され、他に述べられない限り、１つ以上の終止コドンを有する配列の場合と同じように、単一アミノ酸配列であると理解されるべきである。
【図５３】本発明の特定の最適化抗原結合性タンパク質についての軽および重可変領域のタンパク質アラインメントを提示する表である（表６）。表６に提示されるタンパク質アラインメントにおける軽および重鎖可変ドメインのアミノ酸配列は空間の問題に起因して折り返して表記され、他に述べられない限り、単一アミノ酸配列であると理解されるべきである。
【図５４】本発明の特定の最適化抗原結合性タンパク質についての軽および重可変領域のコンセンサスタンパク質アラインメントを提示する表である（表７）。表７に提示されるコンセンサスタンパク質アラインメントにおける軽および重鎖可変ドメインのアミノ酸配列は空間の問題に起因して折り返して表記され、他に述べられない限り、単一アミノ酸配列であると理解されるべきである。
【図５５】様々な重および軽鎖可変領域（それぞれ表１９Ａおよび２０Ａ）のコンセンサス配列ならびに本発明の特定の抗原結合性タンパク質についての様々な重および軽鎖可変領域（それぞれ表１９ＢおよびＣならびに表２０Ｂおよび２０Ｃ）のＣＤＲのコンセンサス配列を提示する表の群である。
【図５６】本発明の特定の抗原結合性タンパク質についての様々な軽および重鎖可変領域の詳細なコンセンサスタンパク質アラインメントを提示する表の群である（表２１－４８）。表２１－４８に提示されるコンセンサスタンパク質アラインメントにおけるアミノ酸残基の陰影は、当業者が遺伝子操作のために標的とすることを望み得る特定の残基を示す。
【図５７】本発明の特定の抗原結合性タンパク質についての様々な軽および重鎖可変領域のコンセンサスタンパク質アラインメントを提示する表の群である（表４９－１３４）。
【図５８】カニクイザルにおけるタンパク質測定の信頼性を示すグラフである。２つの種における平均タンパク質レベルのＬｏｇ１０　ＲＦＵをプロットし、低い信頼性（明るいドット）および高い信頼性（より暗いドット）を有するものに印をつけている。
【図５９】抗ＡＳＧＲ－１抗体により処置したカニクイザルの血清タンパク質解析の図である。パネルＡは、時点にわたる異なる処置群の個々の動物におけるＴＮＦＳＦ８タンパク質レベルを示すグラフである。パネルＢは、時点にわたる異なる処置群の個々の動物における正規化したＴＮＦＳＦ８タンパク質レベル（時点０のパーセント）を示すグラフである。パネルＣは、各処置群におけるＴＮＦＳＦ８タンパク質レベルを示すグラフであり（ｎ＝３、エラーバーはＳＥＭを表す）、パネルＤは、ヒトＡＳＧＲ１　ｄｅｌ１２保因

者および非保因者におけるＴＮＦＳＦ８タンパク質レベルの分布を示すグラフである。
【発明を実施するための形態】
【００２７】
後述する実施例１に示す通り、ＡＳＧＲ－１における配列バリアント（これは、より速く分解するＡＳＧＲ１または機能喪失型のＡＳＧＲ１突然変異のいずれかをもたらした）は、ヒトにおける非ＨＤＬコレステロールのレベルの低減をもたらした。これは次いで、そのようなヒトによって経験される冠動脈疾患のリスクの減少をもたらした。ＡＳＧＲ－１における機能喪失型突然変異は、非ＨＤＬコレステロールの低減および冠動脈疾患の低減の両方をもたらしたため、ＡＳＧＲを有効に遮断する抗体および阻害性ＲＮＡを使用して、冠動脈疾患のリスクを低減することができる。
【００２８】
本発明は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の阻害剤を対象とする。本発明は、ヒトＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合し、リガンドへのヒトＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２結合を阻害する、抗原結合性タンパク質を提供する。本発明は、他の種のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する、抗原結合性タンパク質も提供する。本発明はさらに、ヒト対象における心血管疾患を処置または予防する方法であって、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の阻害剤を投与するステップを含み、ＡＳＧＲ阻害剤が、抗原結合性タンパク質および／または干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である、方法を対象とする。
【００２９】
本発明は、ヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２に特異的に結合する抗原結合性タンパク質に関する組成物、キットおよび方法をさらに提供する。ヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２に特異的に結合するポリペプチドの全体または部分をコードするポリヌクレオチドの配列を含む核酸分子も提供される。本発明は、このような核酸を含むベクターおよびプラスミド、ならびにこのような核酸および／またはベクターおよびプラスミドを含む細胞または細胞株をさらに提供する。提供されている方法は、例えば、ヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２に結合する抗原結合性タンパク質を作製、同定または単離する方法、抗原結合性タンパク質が、ヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２に結合するか決定する方法、ヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２に結合する抗原結合性タンパク質を含む医薬組成物のような組成物を作製する方法、ならびにヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２に結合する抗原結合性タンパク質をヒト対象に投与するための方法をさらに含む。
【００３０】
前述の概要および後述する詳細な説明が、請求されている本発明に関して単に例示的および説明的であり、限定的ではないことを理解するべきである。本願において、単数形の使用は、特に他の記述がない限り、複数形を含む。本願において、「または」の使用は、他の記述がない限り、「および／または」を意味する。さらに、用語「含むこと（ｉｎｃｌｕｄｉｎｇ）」ならびに「含む（ｉｎｃｌｕｄｅｓ）」および「含まれる（ｉｎｃｌｕｄｅｄ）」のような他の形態の使用は、限定的なものではない。また、「エレメント」または「構成要素」のような用語は、特に他の記述がない限り、１ユニットを含むエレメントおよび構成要素ならびに２以上のサブユニットを含むエレメントおよび構成要素の両方を包含する。また、用語「部分（ｐｏｒｔｉｏｎ）」の使用は、部分（ｍｏｉｅｔｙ）の一部または部分（ｍｏｉｅｔｙ）全体を含むことができる。
【００３１】
本明細書において他に定めがなければ、本発明に関連して使用される科学および技術用語は、当業者によって一般的に理解される意義を有するものとする。さらに、文脈がそれ以外を要求しない限り、単数形の用語は複数を含み、複数形の用語は、単数を含むものとする。一般に、本明細書に記載されている細胞および組織培養、分子生物学、免疫学、微

生物学、遺伝学ならびにタンパク質および核酸化学ならびにハイブリダイゼーションに関連して使用される命名法およびそれらの技法は、本技術分野で周知であり一般的に使用されているものである。本発明の方法および技法は、一般に、他に断りがなければ、本技術分野で周知の従来方法に従って、また、本明細書を通して引用および記述されている様々な一般的およびより詳細な参考文献に記載されている通りに実行される。例えば、参照により本明細書に組み込む、Ｓａｍｂｒｏｏｋら、Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｃｌｏｎｉｎｇ：Ａ　Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ　Ｍａｎｕａｌ、第２版、Ｃｏｌｄ　Ｓｐｒｉｎｇ　Ｈａｒｂｏｒ　Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ　Ｐｒｅｓｓ、Ｃｏｌｄ　Ｓｐｒｉｎｇ　Ｈａｒｂｏｒ、Ｎ．Ｙ．（１９８９）ならびにＡｕｓｕｂｅｌら、Ｃｕｒｒｅｎｔ　Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ　ｉｎ　Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｂｉｏｌｏｇｙ、Ｇｒｅｅｎｅ　Ｐｕｂｌｉｓｈｉｎｇ　Ａｓｓｏｃｉａｔｅｓ（１９９２）ならびにＨａｒｌｏｗおよびＬａｎｅ、Ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ：Ａ　Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ　Ｍａｎｕａｌ　Ｃｏｌｄ　Ｓｐｒｉｎｇ　Ｈａｒｂｏｒ　Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ　Ｐｒｅｓｓ、Ｃｏｌｄ　Ｓｐｒｉｎｇ　Ｈａｒｂｏｒ、Ｎ．Ｙ．（１９９０）を参照されたい。酵素反応および精製技法は、本技術分野で一般的に達成される通りに、または本明細書に記載されている通りに、製造業者の明細に従って実行される。本明細書に記載されている分析化学、合成有機化学ならびに薬および医薬品化学に関連して使用される用語法ならびにそれらの研究室手順および技法は、本技術分野で周知であり一般的に使用されているものである。化学合成、化学的解析、医薬品調製、製剤化および送達ならびに患者処置のために、標準技法を使用することができる。

【００３２】

ポリヌクレオチドおよびポリペプチド配列は、標準１文字または３文字略語を使用して示されている。他に断りがなければ、ポリペプチド配列は、そのアミノ末端を左に、そのカルボキシ末端を右に置き、一本鎖核酸配列、および二本鎖核酸配列の上の鎖は、その５’末端を左に、その３’末端を右に置く。ポリペプチドの特定のセクションは、アミノ酸１から５０のようなアミノ酸残基番号によって、またはアスパラギンからプロリンのような当該部位における実際の残基によって指定することができる。特定のポリペプチドまたはポリヌクレオチド配列は、これが参照配列とどのように異なるかを説明することにより記載することもできる。

【００３３】

次の用語は、他に断りがなければ、次の意義を有すると理解されるものとする。

【００３４】

用語「阻害剤」は、本明細書で使用される場合、阻害剤の非存在下で観察される活性または機能の大きさと比較して、分子の少なくとも１つの活性または機能の大きさを減少させる化合物である。一部の事例では、阻害剤は、阻害剤の非存在下で観察される活性または機能の大きさと比較して、分子の少なくとも１つの活性または機能の大きさを実質的に減少させる。一部の事例では、阻害剤は、阻害剤の非存在下で観察される活性または機能の大きさと比較して、分子の少なくとも１つの活性または機能の大きさを完全に縮小させる。ある特定の例示的な阻害剤として、タンパク質、ペプチド、抗体、ペプチボディ、アプタマー、アンチセンスオリゴヌクレオチド、干渉ＲＮＡ、炭水化物または有機小分子が挙げられるがこれらに限定されない。

【００３５】

用語「単離された分子」（この場合、分子は、例えば、ポリペプチド、ポリヌクレオチド、抗原結合性タンパク質または抗体である）は、その起源または派生元に基づいて、（１）そのネイティブ状態でこれを伴う天然に会合した構成要素と会合していない、（２）同じ種由来の他の分子を実質的に含まない、（３）異なる種由来の細胞によって発現される、または（４）天然で発生しない、分子である。よって、化学的に合成される、またはこれが天然に起源をもつ細胞とは異なる細胞系において発現される分子は、その天然に会合した構成要素から「単離」されることになる。分子は、本技術分野で周知の精製技法を使用した単離によって、天然に会合した構成要素を実質的に含まなくされてもよい。分子純度または均一性は、本技術分野で周知の多数の手段によってアッセイすることができる

。例えば、ポリペプチド試料の純度は、本技術分野で周知の技法を使用して、ポリアクリルアミドゲル電気泳動およびポリペプチドを可視化するためのゲルの染色を使用してアッセイすることができる。ある目的のため、精製のための本技術分野で周知のＨＰＬＣまたは他の手段を使用することにより、より高い分解能が得られる場合もある。

【００３６】

用語「ポリヌクレオチド」、「オリゴヌクレオチド」および「核酸」は、全文にわたり互換的に使用されており、ＤＮＡ分子（例えば、ｃＤＮＡまたはゲノムＤＮＡ）、ＲＮＡ分子（例えば、ｍＲＮＡ）、ヌクレオチドアナログ（例えば、ペプチド核酸および非天然起源のヌクレオチドアナログ）を使用して生成されたＤＮＡまたはＲＮＡのアナログ、およびそれらのハイブリッドを含む。核酸分子は、一本鎖であっても二本鎖であってもよい。一実施形態では、本発明の核酸分子は、本発明の抗体またはその断片、誘導体、ムテインもしくはバリアントをコードする近接オープンリーディングフレームを含む。

【００３７】

「ベクター」は、これに連結された別の核酸の細胞への導入に使用することができる核酸である。ベクターの一型は、「プラスミド」であり、これは、その中に追加的な核酸セグメントをライゲーションすることができる直鎖状または環状二本鎖ＤＮＡ分子を指す。別の型のベクターは、ウイルスベクター（例えば、複製欠損レトロウイルス、アデノウイルスおよびアデノ随伴ウイルス）であり、この場合、追加的なＤＮＡセグメントは、ウイルスゲノム中に導入することができる。ある特定のベクターは、これが導入された宿主細胞において自律的に複製することができる（例えば、細菌複製起点を含む細菌ベクターおよびエピソーム哺乳動物ベクター）。他のベクター（例えば、非エピソーム哺乳動物ベクター）は、宿主細胞への導入後に、宿主細胞のゲノム中に組み込まれ、これにより、宿主ゲノムと共に複製される。「発現ベクター」は、選ばれたポリヌクレオチドの発現を指示できるベクターの一型である。

【００３８】

調節配列が、ヌクレオチド配列の発現（例えば、発現のレベル、タイミングまたは場所）に影響を与える場合、ヌクレオチド配列は、調節配列に「作動可能に連結」されている。「調節配列」は、これが作動可能に連結された核酸の発現（例えば、発現のレベル、タイミングまたは場所）に影響を与える核酸である。調節配列は、例えば、調節される核酸に直接的に、または１つ以上の他の分子（例えば、調節配列に結合するポリペプチドおよび／または核酸）の作用を介して、その効果を発揮することができる。調節配列の例として、プロモーター、エンハンサーおよび他の発現制御エレメント（例えば、ポリアデニル化シグナル）が挙げられる。調節配列のさらに別の例は、例えば、Ｇｏｅｄｄｅｌ、１９９０、Ｇｅｎｅ Ｅｘｐｒｅｓｓｉｏｎ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ：Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｅｎｚｙｍｏｌｏｇｙ １８５、Ａｃａｄｅｍｉｃ Ｐｒｅｓｓ、Ｓａｎ Ｄｉｅｇｏ、ＣＡおよびＢａｒｏｎら、１９９５、Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ．２３：３６０５－０６頁に記載されている。

【００３９】

「宿主細胞」は、核酸、例えば、本発明の核酸の発現に使用することができる細胞である。宿主細胞は、原核生物、例えば、Ｅ．コリ（Ｅ．ｃｏｌｉ）であってもよく、または真核生物、例えば、単細胞真核生物（例えば、酵母または他の真菌）、植物細胞（例えば、タバコまたはトマト植物細胞）、動物細胞（例えば、ヒト細胞、サル細胞、ハムスター細胞、ラット細胞、マウス細胞または昆虫細胞）もしくはハイブリドーマであってもよい。典型的に、宿主細胞は、ポリペプチドコード核酸により形質転換またはトランスフェクトすることができる培養細胞であり、続いてこの核酸は、宿主細胞において発現させることができる。語句「組換え宿主細胞」は、発現されるべき核酸により形質転換またはトランスフェクトされた宿主細胞の表示に使用することができる。宿主細胞は、核酸を含むが、調節配列が、核酸と作動可能に連結される状態になるように、宿主細胞に導入されない限り、核酸を所望のレベルで発現しない細胞となることもできる。宿主細胞という用語が、特定の対象細胞のみならず、このような細胞の後代または潜在的な後代も指すことが理

解される。若干の修飾が、例えば、突然変異または環境の影響により、後継世代において発生し得るため、このような後代は、実際には、親細胞と同一でない場合があるが、本明細書で使用される場合、この用語の範囲内に依然として含まれる。

ＡＳＧＲ

【００４０】

ゲノムデータベース解析は、疾患状態ならびに特定の標的および／または経路の間の関連性の発見を可能にする一様式である。例えば、家族性高コレステロール血症患者の遺伝的解析は、血清ＬＤＬコレステロールレベルの調節および冠動脈疾患の発症リスクと関与するプロタンパク質転換酵素サブチリシン／ケキシン９型（ＰＣＳＫ９）の発見をもたらし、最終的に、抗ｈＰＣＳＫ９抗体である近年承認されたＲｅｐａｔｈａ（登録商標）の開発をもたらした（例えば、Ｊａｃｋｓｏｎら、米国特許第８，０３０，４５７号を参照）。ＤＮＡ配列決定技術における進歩は、多数の個体のゲノムを配列決定する手段を提供し、希少なバリアントの発見を可能にする。ｄｅＣＯＤＥ　Ｇｅｎｅｔｉｃｓ（Ａｍｇｅｎ社）は、遺伝的バリアントおよび目的の形質の間の関連を探索するために、多数のアイスランド人の全ゲノムを解析する方法を以前に報告した（Ｇｕｄｂｊａｒｔｓｓｏｎら、Ｎａｔｕｒｅ　Ｇｅｎｅｔｉｃｓ；４７巻；（５）号；２０１５年5月；４３５－４４４頁）。

【００４１】

この方法論は、現在、コレステロールレベルならびに冠動脈疾患および心筋梗塞（ＭＩ）の発症リスクを含む心血管疾患に影響を与える新規遺伝的バリアントの探索において適用されている。実行された画期的な解析は、心血管疾患に関係づけられるＡｓｈｗｅｌｌ－Ｍｏｒｅｌｌ受容体の新規配列バリアントを同定した。

【００４２】

本発明において、アイスランド人の全ゲノム配列決定は、他のヨーロッパ系の人々にも存在する、ＡＳＧＲ－１遺伝子のイントロン４における希少な１２塩基対欠失（「ｄｅｌ１２」）を発見した。この欠失は、オリゴマー形成および細胞外炭水化物認識ドメイン（「ＣＲＤ」、「炭水化物結合ドメイン」または「ＣＢＤ」としても知られている）の両方を欠いている、トランケートされたＡＳＧＲ－１受容体サブユニットを生成すると予測されるフレームシフトをもたらす、またはナンセンス変異依存分解機構により、不安定で急速に分解される転写物を生成し得る（したがって、タンパク質が生じない）。本発明において、アイスランド人の全ゲノム配列決定は、ＡＳＧＲ－１遺伝子における２番目に希少な機能喪失型バリアント、すなわち、エクソン７における４塩基対挿入（ｃ．４６９－４７２ｄｕｐＡＡＣＴまたは「Ｗ１５８Ｘ」）も発見した。エクソン７におけるこの４塩基対挿入は、フレームシフトを引き起こし、２９１アミノ酸全長タンパク質のうちのアミノ酸１５８に中途の終止コドンを導入する（ＮＰ＿００１６６２．１：ｐ．Ｗ１５８Ｘ）。このバリアントは、受容体の炭水化物認識ドメインを欠くタンパク質をコードすることが予測され、またはナンセンス変異依存分解機構により、不安定で急速に分解される転写物を生成し得る（したがって、タンパク質が生じない）。さらに、Ｗ１５８Ｘバリアントは、発現の組織または細胞型に関係なく、ＡＳＧＲ－１のあらゆる報告されたｒｅｆｓｅｑ転写物をもたらす。いずれか特定の仮説によって制約されることは望まないが、解析は、ｄｅｌ１２およびＷ１５８Ｘが、より低い非ＨＤＬコレステロールレベル、ＣＡＤおよびＭＩからの保護をもたらし、延命を達成することを示す。その上、解析は、ｄｅｌ１２およびＷ１５８Ｘが、循環ＡＬＰおよびビタミンＢ１２のレベル増加とも関連することを示す。このようなｄｅｌ１２およびＷ１５８ＸとＡＬＰレベル増加との関連を支持するものに、ＡＳＧＲ－１にＹ２７２Ｃバリアントを有するマウスのデータがあり、このデータは、そのようなマウスが、増加した血漿ＡＬＰの表現型を示すことを示す（Ｓａｂｒａｕｔｚｋｉら、Ｍａｍｍ．Ｇｅｎｏｍｅ、２３、４１６－４３０頁、２０１２）。マウスＡＳＧＲ－１におけるＹ２７２位置は、ヒトＡＳＧＲ－１におけるＹ２７３位置に対応する（図１Ａを参照）。

【００４３】

本来、肝アシアロ糖タンパク質受容体と命名されたＡｓｈｗｅｌｌ－Ｍｏｒｅｌｌ受容体（ＡＭＲ）は、単離および同定された最初の細胞受容体の１つであった（Ｇｒｅｗａｌ、Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｅｎｚｙｍｏｌｏｇｙ、４７９巻、１３章、２０１０、２２３－２４１頁）。この受容体は、Ａｓｈｗｅｌｌ受容体、肝ガラクトース／Ｎ－アセチルガラクトサミン（ＧａｌＮＡｃ）受容体または肝レクチン受容体としても知られている。しかし、この受容体は現在、より一般的に、「ＡＳＧＰＲ」または単純に「ＡＳＧＲ」として知られている。

【００４４】

ＡＳＧＲは、肝細胞の表面において発現されるＣ型レクチンであり、４８ｋＤａメジャーサブユニット（複数可）（ＡＳＧＲ－１）および４０ｋＤａマイナーサブユニット（複数可）（ＡＳＧＲ－２）で構成されている（Ｒｏｇｇｅｎｂｕｃｋら、Ａｕｔｏｉｍｍｕｎｅ Ｈｉｇｈｌｉｇｈｔｓ、２０１２、３：１１９－１２５頁）。ＡＳＧＲの機能的バリアントは、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２サブユニットのオリゴマー形成によって形成される（Ｇｒｅｗａｌ）。受容体複合体は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２サブユニットのホモオリゴマーおよびヘテロオリゴマーを含むことができ、$(ASGR-1)_2$－$(ASGR-2)_1$三量体が、最も一般的な形態であり、基質に対し最高の親和性を有する（Ｇｒｅｗａｌ）。ＡＳＧＲの他の同定された形態は、$(ASGR-1)_2$、$(ASGR-1)_3$、$(ASGR-1)_2$－$(ASGR-2)_2$、$(ASGR-1)_3$－$(ASGR-2)_2$を含む（Ｇｒｅｗａｌ）。

いくつかの種のＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２のポリヌクレオチドおよびポリペプチド配列が知られている。表１は、ヒト、マウス、ラット、ブタ、イヌおよびカニクイザルの配列を示す。図１Ａ、図１Ｂおよび図２は、様々な種のＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の配列アラインメントを示し、図３は、ヒトＡＳＧＲ－１およびヒトＡＳＧＲ－２の間の配列アラインメントを示す。

【００４５】

ＡＳＧＲ－１は、１回膜貫通タンパク質であり、ＡＳＧＲのメジャーサブユニットである。糖タンパク質のガラクトース（Ｇａｌ）またはＮ－アセチルガラクトサミン（ＧａｌＮＡｃ）残基は、シアリダーゼによるシアル酸の除去によって露出され、したがって、ＡＳＧＲのリガンドに対するアシアロ糖タンパク質と呼ばれる。ＡＳＧＲ発現は、他の組織においても検出されるが、肝臓は、優勢な発現部位である。エクソン２を欠くＡＳＧＲ－１転写物から生成された受容体の循環形態も報告されている（Ｌｉｕ Ｊ、Ｈｕ Ｂ、Ｙａｎｇ Ｙら、Ａ ｎｅｗ ｓｐｌｉｃｅ ｖａｒｉａｎｔ ｏｆ ｔｈｅ ｍａｊｏｒ ｓｕｂｕｎｉｔ ｏｆ ｈｕｍａｎ ａｓｉａｌｏｇｌｙｃｏｐｒｏｔｅｉｎ ｒｅｃｅｐｔｏｒ ｅｎｃｏｄｅｓ ａ ｓｅｃｒｅｔｅｄ ｆｏｒｍ ｉｎ ｈｅｐａｔｏｃｙｔｅｓ．ＰｌｏＳ ｏｎｅ ２０１０；５：ｅ１２９３４）。ｄｅｌ１２およびＷ１５８Ｘバリアントは、受容体の膜結合および循環形態の両方をトランケートすることが予測され、上述の通り、Ｗ１５８Ｘバリアントは、ナンセンス変異依存分解機構により、不安定で急速に分解される転写物を生成し得る（したがって、タンパク質が生じない）。

【００４６】

ＡＳＧＲの主要な報告された機能は、末端ガラクトースまたはＮ－アセチルガラクトサミン残基を含有する循環中の糖タンパク質（アシアロ糖タンパク質）を結合および内部移行し、循環からのこれらのタンパク質のクリアランスをもたらすことである（Ｒｏｇｇｅｎｂｕｃｋ）。報告された内因性リガンドは、血小板およびフォン・ヴィルブランド因子のような血液凝固系の構成要素を含む（Ｇｒｅｗａｌ）。

【００４７】

本明細書で使用される場合、用語「ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２機能」または「ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２活性」は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の任意の生物学的効果を含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ機能または活性は、リガンドと相互作用または結合するＡＳＧＲの能力を含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ機能または活性は、ラクトース、ガラクト

ースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質と相互作用または結合するＡＳＧＲの能力によって表される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ機能または活性は、ＡＳＧＲ応答に起因する任意の生物活性を含む。例示的な活性として、循環からのアシアロ糖タンパク質のクリアランス、循環からのＩｇＡのクリアランス、アポトーシス細胞の除去、低密度リポタンパク質（ＬＤＬ）のクリアランスおよび／または細胞フィブロネクチンの処分が挙げられるがこれらに限定されない（Ｒｏｇｇｅｎｂｕｃｋ）。

【００４８】

肝臓の肝細胞の表面におけるＡＳＧＲの場所およびある特定のウイルスによる肝細胞進入におけるその意義を考慮すると（Ｒｏｇｇｅｎｂｕｃｋ）、受容体は、肝臓への送達および細胞内への内部移行を必要とする治療薬のための便利な標的となった。このような使用の例として、肝細胞癌へのドキソルビシンの標的化された送達（Ｗｅｉら、Ｉｎｔ Ｊ Ｎａｎｏｍｅｄｉｃｉｎｅ、２０１５、１０：５１２３－３７頁）、肝細胞への遺伝子送達（Ｄ’Ｓｏｕｚａら、Ｊ Ｃｏｎｔｒｏｌ Ｒｅｌｅａｓｅ、２０１５、２０３：１２６－３９頁）および肝細胞へのｓｉＲＮＡの標的化された送達（Ｒａｊｅｅｖら、Ｃｈｅｍｂｉｏｃｈｅｍ、２０１５、１６（６）：９０３－８頁）が挙げられる。

【００４９】

ＡＳＧＲならびに脱シアリル化糖タンパク質のエンドサイトーシスおよび分解を媒介するその能力は、ほぼ４０年間知られていたが、この受容体の内因性リガンドおよび生理的機能は、確立が困難であった（Ｗｅｉｇｅｌ ＰＨ、Ｙｉｋ ＪＨ．、Ｇｌｙｃａｎｓ ａｓ ｅｎｄｏｃｙｔｏｓｉｓ ｓｉｇｎａｌｓ：ｔｈｅ ｃａｓｅｓ ｏｆ ｔｈｅ ａｓｉａｌｏｇｌｙｃｏｐｒｏｔｅｉｎ ａｎｄ ｈｙａｌｕｒｏｎａｎ／ｃｈｏｎｄｒｏｉｔｉｎ ｓｕｌｆａｔｅ ｒｅｃｅｐｔｏｒｓ．、Ｂｉｏｃｈｉｍｉｃａ ｅｔ ｂｉｏｐｈｙｓｉｃａ ａｃｔａ ２００２；１５７２：３４１－６３頁）。ＡＳＧＲ－１－／－マウス（いかなるＡＳＧＲ活性も欠く）が、正常に健康に育ち、その循環中に脱シアル化糖タンパク質を蓄積しないが、外因的に加えられたアシアロ糖タンパク質を排除することができないことが報告された。このことは、正常な生理的条件下では、ＡＳＧＲが、循環するアシアロ糖タンパク質の恒常性に必須ではないことを示唆する（Ｔｏｚａｗａ Ｒ、Ｉｓｈｉｂａｓｈｉ Ｓ、Ｏｓｕｇａ Ｊら、Ａｓｉａｌｏｇｌｙｃｏｐｒｏｔｅｉｎ ｒｅｃａｐｔｏｒ ｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｉｎ ｍｉｃｅ ｌａｃｋｉｎｇ ｔｈｅ ｍａｊｏｒ ｒｅｃｅｐｔｏｒ ｓｕｂｕｎｉｔ． Ｉｔｓ ｏｂｌｉｇａｔｅ ｒｅｑｕｉｒｅｍｅｎｔ ｆｏｒ ｔｈｅ ｓｔａｂｌｅ ｅｘｐｒｅｓｓｉｏｎ ｏｆ ｏｌｉｇｏｍｅｒｉｃ ｒｅｃｅｐｔｏｒ．、Ｔｈｅ Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｂｉｏｌｏｇｉｃａｌ Ｃｈｅｍｉｓｔｒｙ ２００１；２７６：１２６２４－８頁）。

【００５０】

明らかな表現型を欠くＡＳＧＲ－１ノックアウトマウスとは対照的に、本発明は、例えば、非ＨＤＬレベルの調節ならびにＣＡＤおよびＭＩリスクのモジュレーションが挙げられるがこれらに限定されない、心血管疾患におけるヒトＡＳＧＲ－１の明瞭な生理的役割を確立した。本発明は、循環ＡＬＰおよびビタミンＢ１２のレベル増加とｄｅｌ１２およびＷ１５８Ｘとの関連も実証した。さらに、ｄｅｌ１２のヘテロ接合体保因者は、非保因者よりも平均１．５年間長く生きることから、本発明は、ＡＳＧＲ－１の一方のアレルの妨害が、全体的な有益な効果を有すると思われることを示す。

【００５１】

驚いたことに、本明細書に提供されている様々な実施形態は、ｄｅｌ１２バリアントおよびＷ１５８バリアントの両方が、ＡＬＰおよびビタミンＢ１２レベルにおけるこれらの効果と反対の、非ＨＤＬレベルに効果を有することを実証する；減少する非ＨＤＬならびに増加するＡＬＰおよびビタミンＢ１２。いずれか特定の仮説によって制約されることは望まないが、ＡＬＰおよびＬＤＬコレステロールと関連する以前に記載された共通バリアントも、これらの血清構成要素に反対の効果を有することに留意することが重要である；

したがって、ＡＳＧＲ－１は、異なる機構によりこれらの分子のレベルに影響を与え得る。肝臓機能の他の尺度は影響を受けないため、ｄｅｌ１２またはＷ１５８Ｘによって媒介されるＡＬＰ増加が、根底にある肝臓疾患を反映する可能性は低い。循環中のＡＬＰおよびビタミンＢ１２トランスポーター、ハプトコリンの両方は、ＡＳＧＲ－１に結合し、この受容体によって循環から排除されることが知られた、無シアリル化糖タンパク質である（Ｔｕｉｎ Ａ，Ｈｕｉｚｉｎｇａ－Ｖａｎ ｄｅｒ Ｖｌａｇ Ａ、ｖａｎ Ｌｏｅｎｅｎ－Ｗｅｅｍａｅｓ ＡＭ、Ｍｅｉｊｅｒ ＤＫ、Ｐｏｅｌｓｔｒａ Ｋ.、Ｏｎ ｔｈｅ ｒｏｌｅ ａｎｄ ｆａｔｅ ｏｆ ＬＰＳ－ｄｅｐｈｏｓｐｈｏｒｙｌａｔｉｎｇ ａｃｔｉｖｉｔｙ ｉｎ ｔｈｅ ｒａｔ ｌｉｖｅｒ.、Ａｍｅｒｉｃａｎ Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｐｈｙｓｉｏｌｏｇｙ Ｇａｓｔｒｏｉｎｔｅｓｔｉｎａｌ ａｎｄ Ｌｉｖｅｒ Ｐｈｙｓｉｏｌｏｇｙ ２００６；２９０：Ｇ３７７－８５頁；Ｆｕｒｇｅｒ Ｅ、Ｆｅｄｏｓｏｖ ＳＮ、Ｌｉｌｄｂａｌｌｅ ＤＬら、Ｃｏｍｐａｒｉｓｏｎ ｏｆ ｒｅｃｏｍｂｉｎａｎｔ ｈｕｍａｎ ｈａｐｔｏｃｏｒｒｉｎ ｅｘｐｒｅｓｓｅｄ ｉｎ ｈｕｍａｎ ｅｍｂｒｙｏｎｉｃ ｋｉｄｎｅｙ ｃｅｌｌｓ ａｎｄ ｎａｔｉｖｅ ｈａｐｔｏｃｏｒｒｉｎ.、ＰｌｏＳ ｏｎｅ ２０１２；７：ｅ３７４２１頁；Ｂｕｒｇｅｒ ＲＬ、Ｓｃｈｎｅｉｄｅｒ ＲＪ、Ｍｅｈｌｍａｎ ＣＳ，Ａｌｌｅｎ ＲＨ.、Ｈｕｍａｎ ｐｌａｓｍａ Ｒ－ｔｙｐｅ ｖｉｔａｍｉｎ Ｂ１２－ｂｉｎｄｉｎｇ ｐｒｏｔｅｉｎｓ．ＩＩ．Ｔｈｅ ｒｏｌｅ ｏｆ ｔｒａｎｓｃｏｂａｌａｍｉｎ Ｉ，ｔｒａｎｓｃｏｂａｌａｍｉｎ ＩＩＩ，ａｎｄ ｔｈｅ ｎｏｒｍａｌ ｇｒａｎｕｌｏｃｙｔｅ ｖｉｔａｍｉｎ Ｂ１２－ｂｉｎｄｉｎｇ ｐｒｏｔｅｉｎ ｉｎ ｔｈｅ ｐｌａｓｍａ ｔｒａｎｓｐｏｒｔ ｏｆ ｖｉｔａｍｉｎ Ｂ１２.、Ｔｈｅ Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｂｉｏｌｏｇｉｃａｌ Ｃｈｅｍｉｓｔｒｙ １９７５；２５０：７７０７－１３頁；Ｓｔｅｉｒｅｒ ＬＭ、Ｐａｒｋ ＥＩ、Ｔｏｗｎｓｅｎｄ ＲＲ、Ｂａｅｎｚｉｇｅｒ ＪＵ.、Ｔｈｅ ａｓｉａｌｏｇｌｙｃｏｐｒｏｔｅｉｎ ｒｅｃｅｐｔｏｒ ｒｅｇｕｌａｔｅｓ ｌｅｖｅｌｓ ｏｆ ｐｌａｓｍａ ｇｌｙｃｏｐｒｏｔｅｉｎｓ ｔｅｒｍｉｎａｔｉｎｇ ｗｉｔｈ ｓｉａｌｉｃ ａｃｉｄ ａｌｐｈａ２，６－ｇａｌａｃｔｏｓｅ.、Ｔｈｅ Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｂｉｏｌｏｇｉｃａｌ Ｃｈｅｍｉｓｔｒｙ ２００９；２８４：３７７７－８３頁）。いずれか特定の仮説によって制約されることは望まないが、ｄｅｌ１２保因者およびＷ１５８Ｘ保因者におけるＡＬＰおよびビタミンＢ１２のレベル増加に関する、より可能性の高い根拠は、ｄｅｌ１２保因者およびＷ１５８Ｘ保因者における低下した数の機能的ＡＳＧＲ受容体による、循環からのこれらの分子の脱シアル化形態のクリアランス減少であり、これは、循環ＡＬＰおよびビタミンＢ１２の恒常性の維持におけるＡＳＧＲ－１の役割を示唆する。

【００５２】

いずれか特定の仮説によって制約されることは望まないが、ＡＳＧＲ－１機能低下にもかかわらず、ｄｅｌ１２保因者およびＷ１５８Ｘ保因者における非ＨＤＬのレベル減少は、ＡＳＧＲ－１が、コレステロール粒子の直接結合およびエンドサイトーシス以外の機構によって非ＨＤＬレベルに影響を与えることを示唆する。シアル酸残基を切断し、これによりＡＳＧＲ－１の基質を生成するシアリダーゼであるノイラミニダーゼ１（Ｎｅｕ１）の低形質形態を発現するマウスにおいて、ＬＤＬ受容体（ＬＤＬＲ）は、シアリル化され、受容体のこの形態は、野生型ＬＤＬＲの無シアリル化形態よりも安定しており、よりも活発にＬＤＬコレステロールを取り入れた（ＬＤＬレベルは、これらのマウスにおいて減少した）（Ｙａｎｇ Ａ、Ｇｙｕｌａｙ Ｇ、Ｍｉｔｃｈｅｌｌ Ｍ、Ｗｈｉｔｅ Ｅ、Ｔｒｉｇａｔｔｉ ＢＬ Ｉｇｄｏｕｒａ ＳＡ.、Ｈｙｐｏｍｏｒｐｈｉｃ ｓｉａｌｉｄａｓｅ ｅｘｐｒｅｓｓｉｏｎ ｄｅｃｒｅａｓｅｓ ｓｅｒｕｍ ｃｈｏｌｅｓｔｅｒｏｌ ｂｙ ｄｏｗｎｒｅｇｕｌａｔｉｏｎ ｏｆ ＶＬＤＬ ｐｒｏｄｕｃｔｉｏｎ ｉｎ ｍｉｃｅ、Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｌｉｐｉｄ Ｒｅｓｅａｒｃｈ ２０１２；５３：２５７３－２５８５頁）。ＡＳＧＲおよびＬＤＬＲの両方は、肝細胞におけるクラスリン被覆ピットに位置づけられ、ＡＳＧＲは、ＬＤＬＲの無シアリル化形態と相互作用し、その活性を遮断することができる場合がある。

【００５３】
非ＨＤＬレベルの低減ならびにＣＡＤおよびＭＩからの保護が挙げられるがこれらに限定されない、心血管疾患において役割を果たす、ＡＳＧＲ－１における２つの新規の希少なバリアントが、本明細書において同定された。これらのバリアントは、ＡＳＧＲ－１タンパク質機能を撹乱する。したがって、本発明はさらに、ＡＳＧＲ機能を阻害する方法、ＡＳＧＲ－１機能を阻害する方法および／またはＡＳＧＲ－２機能を阻害する方法を対象とする。本発明はさらに、ＡＳＧＲ機能、ＡＳＧＲ－１機能および／またはＡＳＧＲ－２機能を阻害する分子（例えば、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡが挙げられるがこれらに限定されない）を対象とする。

【００５４】
抗原結合性タンパク質
一部の実施形態では、本発明は、ヒト、カニクイザル、ブタ、イヌ、マウスおよびラットが挙げられるがこれらに限定されない、異なる種のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に結合する抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ヒト、カニクイザル、ブタ、イヌおよびマウスおよびラットが挙げられるがこれらに限定されない、異なる種のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する。ヒト、カニクイザル、イヌ、ブタ、ラットおよびマウスＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の例示的なアミノ酸配列は、図１－図３に提示されている。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２がリガンドに結合することをさらに阻害する。

【００５５】
「抗原結合性タンパク質」は、抗原に結合する抗原結合性断片および任意選択的に、抗原結合性断片に、抗原への抗原結合性タンパク質の結合を促進する立体構造をとらせる足場またはフレームワーク部分を含むタンパク質である。本願において、抗原は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２タンパク質、またはそれらの断片である。一部の実施形態では、抗原結合性断片は、抗原に結合する抗体由来の少なくとも１個のＣＤＲを含み、一部の実施形態では、抗原に結合する抗体由来の重鎖ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、抗原結合性断片は、抗原に結合する抗体の重鎖由来の、または抗原に結合する抗体の軽鎖由来の全３個のＣＤＲを含む。さらに一部の実施形態では、抗原結合性断片は、抗原に結合する抗体由来の全６個のＣＤＲ（３個は重鎖由来であり、３個は軽鎖由来）を含む。抗原結合性断片は、ある特定の実施形態では、抗体断片である。

【００５６】
抗原結合性タンパク質の非限定例として、抗体、抗体断片（例えば、抗体の抗原結合性断片）、抗体誘導体および抗体アナログが挙げられる。さらなる具体例として、単鎖可変断片（ｓｃＦｖ）、ナノボディ（例えば、ラクダ科動物重鎖抗体のＶＨドメイン；ＶＨＨ断片、Ｃｏｒｔｅｚ－Ｒｅｔａｍｏｚｏら、Ｃａｎｃｅｒ　Ｒｅｓｅａｒｃｈ、６４巻：２８５３－５７頁、２００４を参照）、Ｆａｂ断片、Ｆａｂ’断片、Ｆ（ａｂ’）２断片、Ｆｖ断片、Ｆｄ断片および相補性決定領域（ＣＤＲ）断片が挙げられるがこれらに限定されない。これらの分子は、ヒト、マウス、ラット、ウサギまたはブタ、イヌまたはラクダ科動物のような、任意の哺乳動物供給源に由来することができる。抗体断片は、標的抗原の結合に関して、インタクト抗体と競合することができ、断片は、インタクト抗体の修飾（例えば、酵素または化学的切断）によって産生することができるか、または組換えＤＮＡ技術もしくはペプチド合成を使用してデノボ合成することができる。抗原結合性タンパク質は、例えば、グラフトされたＣＤＲまたはＣＤＲ誘導体による代替タンパク質足場または人工足場を含むことができる。このような足場として、例えば、抗原結合性タンパク質の三次元構造を安定化するために導入された突然変異を含む抗体由来の足場、および例えば、生体適合性ポリマーを含む全面的に合成された足場が挙げられるがこれらに限定されない。例えば、Ｋｏｒｎｄｏｒｆｅｒら、２００３、Ｐｒｏｔｅｉｎｓ：　Ｓｔｒｕｃｔｕｒｅ，　Ｆｕｎｃｔｉｏｎ，　ａｎｄ　Ｂｉｏｉｎｆｏｒｍａｔｉｃｓ、５３巻、１号：１２１－１２９頁（２００３）；Ｒｏｑｕｅら、Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．　Ｐｒｏｇ．

、２０：６３９－６５４頁（２００４）を参照されたい。加えて、ペプチド抗体ミメティック（「ＰＡＭ」）と共に、足場としてフィブロネクチン構成要素を利用した抗体ミメティックに基づく足場が使用され得る。

【００５７】

抗原結合性タンパク質は、単一のポリペプチド鎖または複数のポリペプチド鎖に取り込まれた１個以上の抗体断片を含むタンパク質を含むこともできる。例えば、抗原結合性タンパク質として、ダイアボディ（例えば、ＥＰ４０４，０９７；ＷＯ９３／１１１６１；およびＨｏｌｌｉｎｇｅｒら、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ、９０巻：６４４４－６４４８頁、１９９３を参照）、イントラボディ、ドメイン抗体（単一のＶＬもしくはＶＨドメインまたはペプチドリンカーによって接続された２個以上のＶＨドメイン；Ｗａｒｄら、Ｎａｔｕｒｅ、３４１巻：５４４－５４６頁、１９８９年を参照）、マキシボディ（Ｆｃ領域に融合された２個のｓｃＦｖ、Ｆｒｅｄｒｉｃｋｓら、Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｅｎｇｉｎｅｅｒｉｎｇ，Ｄｅｓｉｇｎ ＆ Ｓｅｌｅｃｔｉｏｎ、１７巻：９５－１０６頁、２００４およびＰｏｗｅｒｓら、Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｉｍｍｕｎｏｌｏｇｉｃａｌ Ｍｅｔｈｏｄｓ、２５１巻：１２３－１３５頁、２００１を参照）、トリアボディ、テトラボディ、ミニボディ（ＣＨ３ドメインに融合されたｓｃＦｖ；Ｏｌａｆｓｅｎら、Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｅｎｇ Ｄｅｓ Ｓｅｌ．、１７巻：３１５－２３頁、２００４を参照）、ペプチボディ（Ｆｃ領域に取り付けられた１個以上のペプチド、ＷＯ００／２４７８２を参照）、直鎖状抗体（相補的軽鎖ポリペプチドと一緒になって、一対の抗原結合領域を形成する、一対のタンデムＦｄセグメント（ＶＨ－ＣＨ１－ＶＨ－ＣＨ１）、Ｚａｐａｔａら、Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｅｎｇ．、８巻：１０５７－１０６２頁、１９９５を参照）、小モジュラー免疫医薬品（米国特許出願公開第２００３０１３３９３９号を参照）、および免疫グロブリン融合タンパク質（例えば、ＩｇＧ－ｓｃＦｖ、ＩｇＧ－Ｆａｂ、２ｓｃＦｖ－ＩｇＧ、４ｓｃＦｖ－ＩｇＧ、ＶＨ－ＩｇＧ、ＩｇＧ－ＶＨおよびＦａｂ－ｓｃＦｖ－Ｆｃ）を挙げることができるがこれらに限定されない。

【００５８】

ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、例えば、免疫グロブリンの構造を有することができる。「免疫グロブリン」は、四量体分子であり、各四量体は、ポリペプチド鎖の２個の同一ペアを含み、各ペアは、１個の「軽」（約２５ｋＤａ）および１個の「重」鎖（約５０－７０ｋＤａ）を有する。各鎖のアミノ末端部分は、主に抗原認識の原因となる、約１００から１１０個以上のアミノ酸の可変領域を含む。各鎖のカルボキシ末端部分は、主にエフェクター機能の原因となる定常領域を定義する。

【００５９】

軽鎖および重鎖内で、可変（Ｖ）および定常領域（Ｃ）は、約１２個以上のアミノ酸の「Ｊ」領域によって接続され、重鎖は、約１０個以上のアミノ酸の「Ｄ」領域も含む。全般的には、Ｆｕｎｄａｍｅｎｔａｌ Ｉｍｍｕｎｏｌｏｇｙ、７章（Ｐａｕｌ，Ｗ．編、第２版、Ｒａｖｅｎ Ｐｒｅｓｓ、Ｎ．Ｙ．（１９８９））（あらゆる目的のため、その全体を参照により本明細書に組み込む）を参照されたい。インタクト免疫グロブリンが、２個の結合部位を有するように、各軽鎖／重鎖ペアの可変領域は、抗体結合部位を形成する。

【００６０】

免疫グロブリン鎖は、相補性決定領域またはＣＤＲとも呼ばれる３個の高頻度可変領域によって接続された、相対的に保存されたフレームワーク領域（ＦＲ）の同じ一般構造を示す。Ｎ末端からＣ末端へと、軽鎖および重鎖は両者共に、ドメインＦＲ１、ＣＤＲ１、ＦＲ２、ＣＤＲ２、ＦＲ３、ＣＤＲ３およびＦＲ４を含む。

【００６１】

ヒト軽鎖は、カッパーおよびラムダ軽鎖として分類される。用語「軽鎖」は、アミノ末端からカルボキシル末端へと、単一の免疫グロブリン軽鎖可変領域（ＶＬ）および単一の免疫グロブリン軽鎖定常ドメイン（ＣＬ）を含むポリペプチドを指す。重鎖は、ミュー（μ）、デルタ（Δ）、ガンマ（γ）、アルファ（α）およびイプシロン（ε）として分類

され、抗体のアイソタイプを、それぞれＩｇＭ、ＩｇＤ、ＩｇＧ、ＩｇＡおよびＩｇＥとして定義する。用語「重鎖」は、アミノ末端からカルボキシル末端へと、単一の免疫グロブリン重鎖可変領域（ＶＨ）、免疫グロブリン重鎖定常ドメイン１（ＣＨ１）、免疫グロブリンヒンジ領域、免疫グロブリン重鎖定常ドメイン２（ＣＨ２）、免疫グロブリン重鎖定常ドメイン３（ＣＨ３）および任意選択的に、免疫グロブリン重鎖定常ドメイン４（ＣＨ４）を含むポリペプチドを指す。ＩｇＧクラスは、サブクラス、すなわち、ＩｇＧ１、ＩｇＧ２、ＩｇＧ３およびＩｇＧ４へとさらに分けられる。ＩｇＡクラスは、サブクラス、すなわち、ＩｇＡ１およびＩｇＡ２へとさらに分けられる。ＩｇＭは、ＩｇＭ１およびＩｇＭ２が挙げられるがこれらに限定されない、サブクラスを有する。ＩｇＧ、ＩｇＡおよびＩｇＤ抗体における重鎖は、３個のドメイン（ＣＨ１、ＣＨ２およびＣＨ３）を有する一方、ＩｇＭおよびＩｇＥ抗体における重鎖は、４個のドメイン（ＣＨ１、ＣＨ２、ＣＨ３およびＣＨ４）を有する。免疫グロブリン重鎖定常ドメインは、サブタイプを含む任意の免疫グロブリンアイソタイプに由来することができる。抗体鎖は、ＣＬドメインおよびＣＨ１ドメインの間（すなわち、軽鎖および重鎖の間）ならびに抗体重鎖のヒンジ領域の間のポリペプチド間ジスルフィド結合を介して一体に連結される。

【００６２】

用語「抗体」は、任意のアイソタイプのインタクト免疫グロブリンを指し、例えば、キメラ、ヒト化、ヒトおよび二特異性抗体を含む。「抗体」は、抗原結合性タンパク質の一種である。インタクト抗体は、一般に、少なくとも２個の全長重鎖および２個の全長軽鎖を含む。抗体配列は、もっぱら単一種に由来してもよく、または「キメラ」となることができる、すなわち、さらに後述する通り、抗体の異なる部分が、２つの異なる種に由来することができる。他に断りがなければ、用語「抗体」は、２個の実質的に全長の重鎖および２個の実質的に全長の軽鎖を含む抗体も含むが、ただしこの場合、抗体は、２個の全長軽鎖および重鎖で構成された抗体と同じまたは同様の結合および／または機能を保持しているべきである。例えば、重鎖および／または軽鎖のＮ末端および／またはＣ末端に１、２、３、４または５個のアミノ酸残基置換、挿入または欠失を有する抗体は、この定義に含まれるが、ただしこの場合、抗体は、２個の全長重鎖および２個の全長軽鎖を含む抗体と同じまたは同様の結合および／または機能を保持しているべきである。さらに、明確に除外されない限り、抗体は、例えば、モノクローナル抗体、ポリクローナル抗体、キメラ抗体、ヒト化抗体、ヒト抗体、二特異性抗体および合成抗体を含む。本開示のいくつかのセクションにおいて、抗原結合性タンパク質の例は、ハイブリドーマ系統番号の観点から、「数字／文字／数字」（例えば、２５Ａ４）として本明細書に記載されている。このような事例において、正確な名称は、特異的軽鎖可変領域および重鎖可変領域を有する特異的ハイブリドーマに由来する特異的モノクローナル抗体を表示する。本開示のいくつかのセクションにおいて、抗原結合性タンパク質の例は、「数字／文字／数字／「ドット」／数字」（例えば、２５Ａ４．００１）または「数字／文字／数字／「ドット」／数字／「ドット」／数字」（例えば、２５Ａ４．００１．００１）の観点から、本明細書に記載されている。このような事例において、名称は、ハイブリドーマに由来する抗体に関係するがそれとは別個の、軽鎖可変領域および重鎖可変領域を有する特異的抗体のバリアントを表示する。すなわち、例えば、２５Ａ４と命名された抗原結合性タンパク質は、２５Ａ４．００１と命名された抗体または２５Ａ４．００１．００１と命名された抗体と同じではない。

【００６３】

「ポリクローナル抗体」は、組成および結合特異性が典型的に広く変動した抗体の集団を指す。「モノクローナル抗体」（「ｍＡｂ」）は、本明細書で使用される場合、同一の配列を有する抗体の集団の１つ以上を指す。モノクローナル抗体は、抗原上の特定のエピトープにおいて、抗原に結合する。

【００６４】

一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、抗体の「断片」または「抗原結合性断片」である。本明細書で使用される場合、また、他に明記されていなければ、「抗体断片

」は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への特異的抗原結合の付与に十分な、免疫グロブリンの少なくとも１個のＣＤＲを含有するＦａｂ、Ｆａｂ’、Ｆ（ａｂ’）２およびＦｖ断片を指す。抗体断片は、組換えＤＮＡ技法によってまたはインタクト抗体の酵素もしくは化学的切断によって産生することができる。

【００６５】

Ｆａｂ断片は、ＶＬ、ＶＨ、ＣＬおよびＣＨ１ドメインを有する一価断片であり；Ｆ（ａｂ’）２断片は、ヒンジ領域においてジスルフィド架橋によって連結された２個のＦａｂ断片を有する二価断片であり；Ｆｄ断片は、ＶＨおよびＣＨ１ドメインを有し；Ｆｖ断片は、抗体の単一腕のＶＬおよびＶＨドメインを有し；ｄＡｂ断片は、ＶＨドメイン、ＶＬドメインまたはＶＨもしくはＶＬドメインの抗原結合性断片を有する（米国特許第６，８４６，６３４号、同第６，６９６，２４５号、米国特許出願公開第０５／０２０２５１２号、同第０４／０２０２９９５号、同第０４／００３８２９１号、同第０４／０００９５０７号、同第０３／００３９９５８号、Ｗａｒｄら、Ｎａｔｕｒｅ ３４１：５４４－５４６頁（１９８９））。ある特定の実施形態では、これらの抗体断片は、単一ドメイン抗体、単鎖抗体、マキシボディ、ミニボディ、イントラボディ、ダイアボディ、トリアボディ、テトラボディ、ｖ－ＮＡＲおよびｂｉｓ－ｓｃＦｖに取り込まれてもよい（例えば、ＨｏｌｌｉｎｇｅｒおよびＨｕｄｓｏｎ、２００５、Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ、２３、９、１１２６－１１３６頁を参照）。想定される他の抗原結合性タンパク質は、フィブロネクチンポリペプチドモノボディを含む、米国特許第６，７０３，１９９号に開示されるもののような抗体ポリペプチド、米国特許出願公開第２００５／０２３８６４６号に開示されているポリペプチドである。一部の実施形態では、抗体は、本明細書の表２または６に記されている少なくとも１個のＣＤＲを含む。

【００６６】

「単鎖可変断片」（「ｓｃＦｖ」）は、ＶＬおよびＶＨ領域がリンカー（例えば、アミノ酸残基の合成配列）を介して接続されて連続的なタンパク質鎖を形成した、融合タンパク質であり、このリンカーは、タンパク質鎖が自分自身で折り畳み、一価抗原結合部位を形成するのに十分なほど長い（例えば、Ｂｉｒｄら、Ｓｃｉｅｎｃｅ ２４２：４２３－２６頁（１９８８）およびＨｕｓｔｏｎら、１９８８、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８５：５８７９－８３頁（１９８８）を参照）。明確にするために、「単鎖可変断片」は、本明細書に定義されている抗体または抗体断片ではない。ダイアボディは、２個のポリペプチド鎖を含む二価抗体であり、各ポリペプチド鎖は、同じ鎖上の２個のドメインの間でペア形成させるには短すぎるリンカーによって接続されたＶＨおよびＶＬドメインを含むため、各ドメインは、別のポリペプチド鎖上の相補的ドメインとペア形成させられる（例えば、Ｈｏｌｌｉｇｅｒら、１９９３、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ９０：６４４４－４８頁（１９９３）およびＰｏｌｊａｋら、Ｓｔｒｕｃｔｕｒｅ ２：１１２１－２３頁（１９９４）を参照）。ダイアボディの２個のポリペプチド鎖が同一である場合、それらのペア形成から得られるダイアボディは、２個の同一抗原結合部位を有することになる。異なる配列を有するポリペプチド鎖を使用して、２個の異なる抗原結合部位を有するダイアボディを作製することができる。同様に、トリボディおよびテトラボディは、それぞれ３および４個のポリペプチド鎖を含み、同一でありまたは異なることができる、それぞれ３および４個の抗原結合部位を形成する抗体である。

【００６７】

用語「ＣＤＲ」は、抗体可変配列内の相補性決定領域（「最小認識ユニット」または「高頻度可変領域」とも言われる）を指す。ＣＤＲは、抗原結合性タンパク質が、目的の特定の抗原に特異的に結合することを可能にする。３個の重鎖可変領域ＣＤＲ（ＣＤＲＨ１、ＣＤＲＨ２およびＣＤＲＨ３）および３個の軽鎖可変領域ＣＤＲ（ＣＤＲＬ１、ＣＤＲＬ２およびＣＤＲＬ３）が存在する。２本の鎖のそれぞれにおけるＣＤＲは典型的に、フレームワーク領域によって整列されて、標的タンパク質における特異的エピトープまたはドメインに特異的に結合する構造を形成する。Ｎ末端からＣ末端へと、天然起源の軽鎖お

よび重鎖可変領域は両者共に典型的に、これらのエレメントの次の順序に従う：ＦＲ１、ＣＤＲ１、ＦＲ２、ＣＤＲ２、ＦＲ３、ＣＤＲ３およびＦＲ４。これらのドメインのそれぞれにおける位置を占有するアミノ酸に番号を割り当てるために、ナンバリング方式が考案された。このナンバリング方式は、Ｋａｂａｔ Ｓｅｑｕｅｎｃｅｓ ｏｆ Ｐｒｏｔｅｉｎｓ ｏｆ Ｉｍｍｕｎｏｌｏｇｉｃａｌ Ｉｎｔｅｒｅｓｔ（１９８７および１９９１、ＮＩＨ、Ｂｅｔｈｅｓｄａ、ＭＤ）またはＣｈｏｔｈｉａ＆Ｌｅｓｋ、１９８７、Ｊ．Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．１９６：９０１－９１７頁；Ｃｈｏｔｈｉａら、１９８９、Ｎａｔｕｒｅ ３４２：８７８－８８３頁に定義されている。所定の抗体の相補性決定領域（ＣＤＲ）およびフレームワーク領域（ＦＲ）は、この方式を使用して同定することができる。免疫グロブリン鎖におけるアミノ酸のための他のナンバリング方式は、ＩＭＧＴ（登録商標）（ｔｈｅ ｉｎｔｅｒｎａｔｉｏｎａｌ ＩｍＭｕｎｏＧｅｎｅＴｉｃｓ ｉｎｆｏｒｍａｔｉｏｎ ｓｙｓｔｅｍ；Ｌｅｆｒａｎｃら、Ｄｅｖ． Ｃｏｍｐ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．２９：１８５－２０３頁；２００５）およびＡＨｏ（ＨｏｎｅｇｇｅｒおよびＰｌｕｃｋｔｈｕｎ、Ｊ．Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．３０９（３）：６５７－６７０頁；２００１）を含む。１個以上のＣＤＲが、共有結合または非共有結合のいずれかにより分子に取り込まれて、この分子を抗原結合性タンパク質にすることができる。

【００６８】

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、より大型のポリペプチド鎖の一部としてＣＤＲ（複数可）を取り込んでも、ＣＤＲ（複数可）を別のポリペプチド鎖に共有結合により連結しても、またはＣＤＲ（複数可）を非共有結合により取り込んでもよい。抗原結合性分子は、生体適合性フレームワーク構造に取り込まれた、本明細書に記載されているＣＤＲのうち少なくとも１個を含むことができる。一例では、生体適合性フレームワーク構造は、抗原に結合するアミノ酸（例えば、ＣＤＲ、可変領域等）の１つ以上の配列を局在化された表面領域に表示することができる、立体構造的に安定した構造的支持またはフレームワークまたは足場を形成するのに十分なポリペプチドまたはその部分を含む。このような構造は、天然起源のポリペプチドもしくはポリペプチド「フォールド」（構造モチーフ）となることができ、または天然起源のポリペプチドもしくはフォールドと比べて、アミノ酸の付加、欠失もしくは置換のような１個以上の修飾を有することができる。このような足場は、ヒト、他の哺乳動物、他の脊椎動物、無脊椎動物、植物、細菌またはウイルスのような任意の種（または２つ以上の種）のポリペプチドに由来することができる。

【００６９】

典型的に、生体適合性フレームワーク構造は、免疫グロブリンドメイン以外のタンパク質足場または骨格に基づく。例えば、フィブロネクチン、アンキリン、リポカリン、ネオカルチノスタチン（ｎｅｏｃａｒｚｉｎｏｓｔａｉｎ）、チトクロムｂ、ＣＰ１ジンクフィンガー、ＰＳＴ１、コイルドコイル、ＬＡＣＩ－Ｄ１、Ｚドメインおよびテンダミスタットドメインに基づく構造が使用されてもよい（例えば、ＮｙｇｒｅｎおよびＵｈｌｅｎ、１９９７、Ｃｕｒｒｅｎｔ Ｏｐｉｎｉｏｎ ｉｎ Ｓｔｒｕｃｔｕｒａｌ Ｂｉｏｌｏｇｙ、７、４６３－４６９頁を参照）。

【００７０】

抗原結合性タンパク質は、１個以上の結合部位を有することができる。２個以上の結合部位が存在する場合、結合部位は、互いに同一であっても、異なっていてもよい。例えば、抗体は典型的に、２個の同一の結合部位を有するが、「二特異性」または「二機能性」抗体は、２個の異なる結合部位を有する。二特異性抗原結合性タンパク質または抗体の２個の結合部位は、同一であるかまたは異なるタンパク質標的に存在し得る、２つの異なるエピトープに結合する。

【００７１】

一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、二特異性抗体である。ある特定の実施形態では、二特異性抗体は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２およびＰＣＳＫ９に結合する。一部の実施形態では、二特異性抗体は、ＰＣＳＫ９への結合

およびＬＤＬＲへのＰＣＳＫ９の結合の阻害に加えて、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合し、ＡＳＧＲ－１機能を阻害する。二特異性抗体を作製する方法は、本技術分野で公知である。「二特異性」または「二機能性」抗原結合性タンパク質または抗体を作製するこのような方法の１つは、ハイブリドーマの融合またはＦａｂ’断片の連結が関与する。例えば、ＳｏｎｇｓｉｖｉｌａｉおよびＬａｃｈｍａｎｎ、１９９０、Ｃｌｉｎ．Ｅｘｐ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．７９：３１５－３２１頁；Ｋｏｓｔｅｌｎｙら、１９９２、Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１４８：１５４７－１５５３頁を参照されたい。別の方法は、細胞内で同時発現されたときに重鎖のヘテロ二量体形成を容易にする「ノブ」および「ホール」の作製のような、重鎖のＦｃ部分の遺伝子操作が関与する。Ｕ．Ｓ．７，６９５，９６３。さらに別の方法も、重鎖のＦｃ部分の遺伝子操作が関与するが、細胞内で同時発現されたときに重鎖のホモ二量体形成を妨げつつヘテロ二量体形成を促すために静電ステアリングを使用する。その全体を参照により本明細書に組み込む、ＷＯ０９／０８９，００４。

【００７２】

用語「ヒト抗体」は、例えば、Ｋａｂａｔら（１９９１）（上記引用文献中）によって記載されたものを含む、本技術分野で公知のヒト生殖系列免疫グロブリン配列に実質的に対応する可変および定常領域またはドメインのような抗体領域を有する抗体を含む。本発明のヒト抗体は、例えば、ＣＤＲ、特に、ＣＤＲ３に、ヒト生殖系列免疫グロブリン配列によってコードされないアミノ酸残基（例えば、インビトロでのランダムもしくは部位特異的突然変異誘発またはインビボでの体細胞突然変異によって導入された突然変異）を含むことができる。ヒト抗体は、ヒト生殖系列免疫グロブリン配列によってコードされないアミノ酸残基により置き換えられた、少なくとも１、２、３、４、５個以上の位置を有することができる。ヒト抗体の定義は、本明細書で使用される場合、Ｘｅｎｏｍｏｕｓｅが挙げられるがこれらに限定されない、例えば、ファージディスプレイ技術またはトランスジェニックマウス技術のような本技術分野で公知の技術または系を使用することによって得ることができるため、抗体の非人工的におよび／または遺伝的に変更されたヒト配列のみを含む、完全なヒト抗体も考慮する。

【００７３】

ヒト化抗体が、ヒト対象に投与された場合に、非ヒト種抗体と比較して、免疫応答を誘導する可能性が低くなるように、および／またはより重篤でない免疫応答を誘導するように、ヒト化抗体は、１個以上のアミノ酸置換、欠失および／または付加によって、非ヒト種に由来する抗体の配列とは異なる配列を有する。一実施形態では、非ヒト種抗体の重鎖および／または軽鎖のフレームワークおよび定常ドメインにおけるある特定のアミノ酸が突然変異されて、ヒト化抗体を産生する。別の実施形態では、ヒト抗体由来の定常ドメイン（複数可）は、非ヒト種の可変ドメイン（複数可）に融合される。別の実施形態では、非ヒト抗体の１個以上のＣＤＲ配列における１個以上のアミノ酸残基が、ヒト対象に投与された場合の、非ヒト抗体の免疫原性の可能性を低下させるように変化させられる。ここでは、抗原へのヒト化抗体の結合がこの抗原への非ヒト抗体の結合よりも有意に悪くないように、変化したアミノ酸残基がその抗原への抗体の免疫特異的結合に重大な意味を持たないか、または為されたアミノ酸配列への変化が保存的変化であるのいずれかである。ヒト化抗体を作製する方法の例は、米国特許第６，０５４，２９７号、同第５，８８６，１５２号および同第５，８７７，２９３号に見出すことができる。

【００７４】

用語「キメラ抗体」は、１つの抗体由来の１個以上の領域、および１つ以上の他の抗体由来の１個以上の領域を含有する抗体を指す。一実施形態では、ＣＤＲの１個以上は、ヒト抗ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２抗体に由来する。別の実施形態では、ＣＤＲの全ては、ヒト抗ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２抗体に由来する。別の実施形態では、２つ以上のヒト抗ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２抗体由来のＣＤＲが、混合され、そしてマッチングされて、キメラ抗体になる。例えば、キメラ抗体は、第１のヒト抗ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２抗体の軽鎖由来のＣＤＲ１、第２のヒト抗ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２抗体の軽鎖由来のＣＤＲ２お

よびＣＤＲ３、ならびに第３の抗ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２抗体由来の重鎖由来のＣＤＲを含むことができる。さらに、フレームワーク領域は、同じ抗ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１もしくはＡＳＧＲ－２抗体の１つに由来しても、ヒト抗体のような１つ以上の異なる抗体に由来しても、またはヒト化抗体に由来してもよい。キメラ抗体の一例では、重鎖および／または軽鎖の部分は、特定の種由来のまたは特定の抗体クラスもしくはサブクラスに属する抗体と同一であるか、これと相同であるか、またはこれに由来する一方、鎖（複数可）の残りは、別の種由来の抗体または別の抗体クラスもしくはサブクラスに属する抗体（単数または複数）と同一であるか、これと相同であるか、またはこれに由来する。所望の生物活性を示すこのような抗体の断片も含まれる。

【００７５】

「中和抗原結合性タンパク質」または「阻害性抗原結合性タンパク質」または「アンタゴナイズ抗原結合性タンパク質」（例えば、「中和抗体」または「阻害性抗体」または「アンタゴナイズ抗体」）は、標的分子に結合し、該標的分子の生物学的効果を低下させそして／または防止する、それぞれ抗原結合性タンパク質または抗体を指す。これは、例えば、標的分子が他の分子と相互作用する標的分子における部位を直接的に遮断（例えば、受容体のリガンド結合部位を遮断）することにより、または標的分子が他の分子と相互作用する標的分子における部位を間接的に遮断する（標的分子における構造またはエネルギー的変更のような）ことにより、行うことができる。一部の実施形態では、これらの用語は、これが結合する標的分子が生物機能を果たすことを防止する、抗原結合性タンパク質または抗体を表示することもできる。抗原結合性タンパク質、例えば、抗体またはその免疫学的機能断片の結合および／または特異性の評価において、過剰な抗体が、標的分子に結合した結合パートナーの含量を少なくとも約１－２０、２０－３０％、３０－４０％、４０－５０％、５０－６０％、６０－７０％、７０－８０％、８０－８５％、８５－９０％、９０－９５％、９５－９７％、９７－９８％、９８－９９％、９９．５％、９９．９％および１００％低下させる場合、抗体または断片は、その結合パートナーへの標的分子の結合を実質的に阻害することができる。一部の実施形態では、阻害は完全である。結合の低下の測定は、当業者に知られた様々なアッセイ（例えば、インビトロ競合的結合アッセイ）を使用して為され、実際の阻害が測定されるように、関連した対照分子を使用して行われる。例えば、多数の競合アッセイが、本技術分野で周知であり、非限定例は、競合ＥＬＩＳＡ、ＢｉａＣｏｒｅ（登録商標）プラットフォーム、Ｋｉｎｅｘａ（登録商標）プラットフォームその他の使用である。さらに別の例として、固相直接または間接ラジオイムノアッセイ（ＲＡ）、固相直接または間接エンザイムイムノアッセイ（ＥＩＡ）、サンドイッチ競合アッセイ（例えば、Ｓｔａｈｌｉら、１９８３、Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｅｎｚｙｍｏｌｏｇｙ ９：２４２－２５３頁を参照）；固相直接ビオチン－アビジンＥＩＡ（例えば、Ｋｉｒｋｌａｎｄら、１９８６、Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１３７：３６１４－３６１９頁を参照）固相直接標識アッセイ、固相直接標識サンドイッチアッセイ（例えば、ＨａｒｌｏｗおよびＬａｎｅ、１９８８、Ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ， Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ、Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ Ｐｒｅｓｓを参照）；Ｉ－１２５標識を使用した固相直接標識ＲＩＡ（例えば、Ｍｏｒｅｌら、１９８８、Ｍｏｌｅｃ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．２５：７－１５頁を参照）；固相直接ビオチン－アビジンＥＩＡ（例えば、Ｃｈｅｕｎｇら、１９９０、Ｖｉｒｏｌｏｇｙ １７６：５４６－５５２頁を参照）；および直接標識ＲＩＡ（Ｍｏｌｄｅｎｈａｕｅｒら、１９９０、Ｓｃａｎｄ．Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．３２：７－８２頁）が挙げられる。典型的に、このようなアッセイは、固体表面に結合した精製抗原またはこれらのいずれかを有する細胞、標識されていない被験抗原結合性タンパク質および標識された参照抗原結合性タンパク質の使用が関与する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の場合、このような中和抗原結合性タンパク質または抗体は、リガンドに結合するＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の能力を縮小することができる。一部の実施形態では、中和能力は、競合アッセイにより特徴付けられ、そして／または記載される。一部の実施形態では、中和能力は、IC_{50}またはEC_{50}値の観点から記載される。少なくとも表

Ｃにおける抗原結合性タンパク質は、強い中和剤である。一部の実施形態では、抗体または抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２へと結合し、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃのような糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼのようなそのような糖を提示する糖タンパク質を含むリガンドにＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２が結合することを防止することにより（またはリガンドに結合するＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の能力を低下させることにより）中和する。

【００７６】

競合的阻害は、被験抗原結合性タンパク質の存在下で、固体表面または細胞に結合した標識されたリガンドの量を決定することにより測定することができる。通常、被験抗原結合性タンパク質は、過剰に存在する。競合アッセイによって同定された抗原結合性タンパク質または抗体（競合抗原結合性タンパク質または抗体）は、参照抗原結合性タンパク質と同じエピトープに結合する抗原結合性タンパク質、および参照抗原結合性タンパク質によって結合されるエピトープの（立体障害が発生するほど十分に）近位にある隣接エピトープに結合する抗原結合性タンパク質を、含む。通常、競合抗原結合性タンパク質が、過剰に存在する場合、標的抗原への参照抗原結合性タンパク質の特異的結合を少なくとも４０－４５％、４５－５０％、５０－５５％、５５－６０％、６０－６５％、６５－７０％、７０－７５％または７５％以上阻害する（例えば、低下させる）。一部の実施形態では、結合は、少なくとも４０％、４５％、５０％、５５％、６０％、６５％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％または９５％阻害される。一部の実施形態では、結合は、少なくとも８０－８５％、８５－９０％、９０－９５％、９５－９７％または９７％以上阻害され、これは、最大１００％阻害を含む。

【００７７】

一部の実施形態では、リガンド結合アッセイが使用され、このアッセイでは、標的タンパク質（例えば、ＡＳＧＲ－１）を発現する細胞が、抗原結合性タンパク質と混合され、一定時間インキュベートされ、続いて洗浄される。次に、このような細胞は、標識されたリガンド（例えば、β－ＧａｌＮＡｃ）と共に一定時間インキュベートされ、続いて洗浄され、リガンド結合に関して解析される。この解析において、関連した対照抗原結合性タンパク質と比較して低下したリガンド結合は、この結合を遮断または阻害する抗原結合性タンパク質による、結合の阻害を示す。

【００７８】

結合の低下を測定することができる別の様式は、最大半量阻害濃度（ＩＣ５０）である。ＩＣ５０は、所定の性質（例えば、リガンド結合）を半分阻害するために必要とされる、抗原結合性タンパク質の量または濃度を測定する。ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、ヒト抗体）は、９０ｎＭ以下のＩＣ５０値を有し、別の実施形態では、８０ｎＭ以下のＩＣ５０値、別の実施形態では、７０ｎＭ以下、別の実施形態では、６０ｎＭ以下、別の実施形態では、５０ｎＭ以下、別の実施形態では、４０ｎＭ以下、別の実施形態では、３０ｎＭ以下、別の実施形態では、２５ｎＭ以下のＩＣ５０値を有する。

【００７９】

ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１単量体に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１オリゴマーに結合する。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－２単量体に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－２オリゴマーに結合する。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１単量体およびＡＳＧＲ－２単量体の両方に結合する。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、$(ＡＳＧＲ－１)_{2}$－$(ＡＳＧＲ－２)_{1}$三量体を含むＡＳＧＲオリゴマーに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、$(ＡＳＧＲ－１)_{2}$二量体を含むＡＳＧＲオリゴマーに結合する。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、$(ＡＳＧＲ－１)_{3}$三量体を含むＡＳＧＲ

オリゴマーに結合する。またさらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、（ＡＳＧＲ－１）$_2$－（ＡＳＧＲ－２）$_2$四量体を含むＡＳＧＲオリゴマーに結合する。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、（ＡＳＧＲ－１）$_3$－（ＡＳＧＲ－２）$_2$五量体を含むＡＳＧＲオリゴマーに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の少なくとも２個のサブユニットを含む多量体複合体に結合する。

【００８０】

ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体、抗体断片等）は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に結合し、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２がリガンドに結合することを阻害し、抗原結合性タンパク質は、分子（例えば、ＶＨ、ＶＬまたはＣＤＲ）における特定の位置（ｐｏｓｉｔｏｎ）に特異的アミノ酸残基を含む。このような残基は、所望の分子の結合特性に関与し得る（例えば、パラトープの一部）。「パラトープ」は、本明細書で使用されている場合、抗原に結合する抗体における場所である。パラトープは、ＶＨおよび／またはＶＬ　ＣＤＲ由来のいくつかのアミノ酸残基を含むことができ、フレームワーク領域由来の残基を含むこともできる。パラトープは、抗原のエピトープに結合する。パラトープは、エピトープ決定について記載したものと同様の方法論を使用して決定することができる。所望の分子の結合特性に関与するアミノ酸残基がひとたび同定されれば、この情報を使用して、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に結合し、ＡＳＧＲ機能を阻害（例えば、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２がリガンドに結合することを阻害）することができる抗原結合性タンパク質（例えば、抗体、抗体断片等）を設計することができる。

【００８１】

代表的な抗体およびヒトＡＳＧＲ－１の間の結合部位（または界面）は、多数の方法で決定／定義され得る。例えば、ヒトＡＳＧＲ－１への代表的な抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）の結合は、実施例１０において、Ｘ線結晶学を使用して解析され、結合部位または界面は、距離を使用して決定された。抗体／ｈｕＡＳＧＲ１複合体の結晶構造は、代表的な抗体のいずれの残基が、ヒトＡＳＧＲ－１との界面を形成するかに関する情報を提供する。上述の通り、当業者は、この情報を使用して、９０％同一性以上、９５％同一性以上、９７％同一性以上、９９％同一性以上を有する可変ドメインを含有するもの、または本明細書に開示されている抗原結合性タンパク質の軽鎖および／または重鎖可変ドメイン内に２０個以下、１５個以下または１０個以下または５個以下の挿入、欠失および／または置換を有する可変ドメインを含有する抗原結合性タンパク質バリアントを含む、抗原結合性タンパク質および抗原結合性タンパク質バリアントを設計することができる。非界面残基を変更しつつ、界面内のアミノ酸を維持することを望む場合がある。よって、一部の実施形態では、ヒトＡＳＧＲ－１への結合を維持し、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２機能を阻害（例えば、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２がリガンドに結合することを阻害）する１個以上のＣＤＲ内に１個以上のアミノ酸付加、置換および／または欠失を有する、本明細書に開示されている抗原結合性タンパク質の抗原結合性タンパク質および抗原結合性タンパク質バリアントを、設計および作製することができる。

【００８２】

一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２５０１０のＱ２７、Ｒ３０、Ｄ３２、Ｈ９１、Ｙ９２、Ｓ９３、Ｙ９４、Ｉ２、Ｇ２８、Ｉ２９、Ｌ３３、Ｑ９０、Ｐ９５およびＲ９６からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２９０１６のＳ３０、Ｎ３１、Ｗ５２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｓ５６、Ｎ５７、Ｙ５９、Ｙ１０１、Ｓ１０２、Ｓ１０３、Ｇ１０４、Ｗ１０５、Ｙ１０６、Ｄ１０７、Ｙ３２、Ｖ３３、Ｖ５０、Ｇ５５、Ｋ５８、Ｎ７４、Ｅ９９、Ｖ１００

およびＹ１０８からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２５０１０のＱ２７、Ｒ３０、Ｄ３２、Ｈ９１、Ｙ９２、Ｓ９３およびＹ９４からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２９０１６のＳ３０、Ｎ３１、Ｗ５２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｓ５６、Ｎ５７、Ｙ５９、Ｙ１０１、Ｓ１０２、Ｓ１０３、Ｇ１０４、Ｗ１０５、Ｙ１０６およびＤ１０７からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２５１６４のＨ３１、Ｓ３３、Ｎ３４、Ｎ３６、Ｙ３８、Ｗ５６、Ｙ９７、Ｙ９８、Ｉ２９、Ｓ３２、Ｎ３５、Ｎ３７、Ｙ５５、Ｔ５９、Ｑ９６、Ｎ９９、Ｔ１００からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２９１７０のＴ２８、Ｆ２９、Ｔ３０、Ｎ３１、Ｙ３２、Ｄ３３、Ｗ５０、Ｈ５２、Ｓ５５、Ｎ５７、Ｓ９９、Ｓ１００、Ｇ１０１、Ｗ１０２、Ｙ１０３、Ｙ２７、Ｉ３４、Ｎ３５、Ｗ４７、Ｍ５１、Ｐ５３、Ｎ５４、Ｇ５６、Ｔ５８、Ｇ５９、Ｙ１０４、Ｄ１０６からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２５１６４のＨ３１、Ｓ３３、Ｎ３４、Ｎ３６、Ｙ３８、Ｗ５６、Ｙ９７、Ｙ９８からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２９１７０のＴ２８、Ｆ２９、Ｔ３０、Ｎ３１、Ｙ３２、Ｄ３３、Ｗ５０、Ｈ５２、Ｓ５５、Ｎ５７、Ｓ９９、Ｓ１００、Ｇ１０１、Ｗ１０２、Ｙ１０３からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２４９０８のＩ３０、Ｙ３２、Ｔ９１、Ｙ９２、Ｓ９３、Ｔ９４、Ｉ９６、Ｉ２、Ｑ２７、Ｎ２８、Ｉ２９、Ｓ３１、Ｌ３３、Ｎ３４、Ｔ５０、Ｓ６７、Ｑ８９、Ｑ９０、Ｐ９５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２８９１４のＳ３０、Ｓ３１、Ｉ５０、Ｗ５２、Ｈ５３、Ｓ５６、Ｎ５７、Ｙ５９、Ｓ０１、Ｍ１０２、Ｇ１０３、Ｔ２８、Ｆ２９、Ｆ３２、Ｇ３３、Ｈ３５、Ｗ４７、Ｉ５１、Ｄ５４、Ｋ５８、Ｄ９９、Ｌ１００、Ｇ１０４からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２４９０８のＩ３０、Ｙ３２、Ｔ９１、Ｙ９２、Ｓ９３、Ｔ９４、Ｉ９６からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２８９１４のＳ３０、Ｓ３１、Ｉ５０、Ｗ５２、Ｈ５３、Ｓ５６、Ｎ５７、Ｙ５９、Ｓ０１、Ｍ１０２、Ｇ１０３からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２４３６２のＹ３２、Ｓ９１、Ｙ９２、Ｒ９３、Ｔｈｒ９４、Ｐｒｏ９５、Ｆ９７、Ｉｌｅ２、Ｑ２７、Ｎ２８、ＮＡＧ１００、Ｉｌｅ２９、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｑ９０およびＬ９６からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：２８３６８のＡ３３、Ｖａ

ｌ５０、Ｉｌｅ５１、Ｓ５２、Ｒ５３、Ｓ５４、Ｇ５５、Ｇ５６、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｒ９９、Ａ１０１、Ａ１０３、Ｇ１０４、Ｅ１０６、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｍｅｔ３４、Ｎ３５、Ｗ４７、Ｓ４９、Ｔｈｒ５８、Ｒ７２、Ｎ７４、Ｌ１００、Ｖａｌ１０２およびＳ１０５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２４３６２のＹ３２、Ｓ９１、Ｙ９２、Ｒ９３、Ｔｈｒ９４、Ｐｒｏ９５およびＦ９７からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２８３６８のＡ３３、Ｖａｌ５０、Ｉｌｅ５１、Ｓ５２、Ｒ５３、Ｓ５４、Ｇ５５、Ｇ５６、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｒ９９、Ａ１０１、Ａ１０３、Ｇ１０４およびＥ１０６からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２４９３０のＱ２７、Ｗ３２、Ａ９１、Ｎ９２、Ｓ９３、Ｆ９４、Ｆ９６、Ｄ１、Ｉ２、Ｇ２８、Ｉ２９、Ｓ３０、Ｒ３１、Ｙ４９、Ｇ５０、Ｑ８９、Ｑ９０およびＰ９５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２８９３６のＹ３３、Ｈ３５、Ｗ５０、Ｈ５２、Ｓ５５、Ｇ５７、Ｔ５８、Ｎ５９、Ｄ９９、Ｇ１００、Ｔ１０１、Ｓ１０２、Ｄ３１、Ｙ３２、Ｌ３４、Ｗ４７、Ｉ５１、Ｎ５４、Ｇ５６、Ｙ６０、Ｑ６５、Ｓ１０３およびＦ１０４からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２４９３０のＱ２７、Ｗ３２、Ａ９１、Ｎ９２、Ｓ９３、Ｆ９４およびＦ９６からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２８９３６のＹ３３、Ｈ３５、Ｗ５０、Ｈ５２、Ｓ５５、Ｇ５７、Ｔ５８、Ｎ５９、Ｄ９９、Ｇ１００、Ｔ１０１およびＳ１０２からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２８０７４のＹ３２、Ｙ４９、Ｔ５０、Ｑ５５、Ｓ９１、Ｈ９２、Ｓ９３、Ｆ９４、Ｆ９６、Ｓ２８、Ｉ２９、Ｔ３０、Ｎ３３、Ｌ４６、Ｓ５３、Ｌ５４、Ｓ５６、Ｑ８９、Ｑ９０およびＰ９５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２０８０のＧ２６、Ｆ２７、Ｔ２８、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｓ３３、Ｓ５２、Ｇ５３、Ｓ５４、Ｓ５６、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｒ９８、Ｇ１００、Ｓ１０１、Ｒ１０２、Ｖ２、Ｆ２９、Ｎ３５、Ｓ５０、Ｔ５１、Ｓ５５、Ｉ５８、Ｒ７２、Ｇ９９、Ｇ１０３、Ｆ１０４およびＤ１０５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２８０７４のＹ３２、Ｙ４９、Ｔ５０、Ｑ５５、Ｓ９１、Ｈ９２、Ｓ９３、Ｆ９４およびＦ９６からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２０８０のＧ２６、Ｆ２７、Ｔ２８、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｓ３３、Ｓ５２、Ｇ５３、Ｓ５４、Ｓ５６、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｒ９８、Ｇ１００、Ｓ１０１およびＲ１０２からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域

を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２６８１４のＶ２９、Ｓ３０、Ｉ３２、Ｙ３３、Ｌ４７、Ｙ５０、Ｒ５５、Ａ５６、Ｔ５７、Ｙ９４、Ｇ２８、Ｎ３１、Ｌ４８、Ｉ４９、Ｇ５１、Ｎ５４、Ｇ５８、Ｉ５９、Ｓ６８、Ｇ６９、Ｄ９３およびＳ９５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３０８２０のＶ３１、Ｙ３２、Ｙ３３、Ｗ５０、Ｎ５２、Ｓ５５、Ｇ５７、Ｒ９８、Ｇ９９、Ｙ１００、Ｄ１０１、Ｉ１０２、Ｔ２０４、Ｖ２、Ｙ２７、Ｔ３０、Ｌ３４、Ｎ３５、Ｐ５３、Ｎ５４、Ｇ５６、Ｔ５８、Ｎ５９、Ａ９７、Ｌ１０３およびＧ１０５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２６８１４のＶ２９、Ｓ３０、Ｉ３２、Ｙ３３、Ｌ４７、Ｙ５０、Ｒ５５、Ａ５６、Ｔ５７およびＹ９４からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３０８２０のＶ３１、Ｙ３２、Ｙ３３、Ｗ５０、Ｎ５２、Ｓ５５、Ｇ５７、Ｒ９８、Ｇ９９、Ｙ１００、Ｄ１０１、Ｉ１０２およびＴ２０４からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：
２７４８２のＮ３１、Ｙ５０、Ｖ５１、Ｑ５４からなる群から選択される少なくとも１、２、３もしくは全アミノ酸残基を含む；および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３１４８８のＮ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｓ５２、Ｙ５４、Ｎ５５、Ｋ５９、Ｒ９８、Ｄ１００、Ｆ１０１、Ｗ１０２、Ｓ１０３、Ｇ１０４、Ｙ１０５、Ｋ１０７、Ｄ１１０、Ｖ２、Ｙ２７、Ｔ２８、Ｆ２９、Ｇ３３、Ｗ５０、Ａ５３、Ｇ５６、Ｎ５７、Ｈ９９、Ｙ１０６もしくはＧ１０８からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３１４８８のＮ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｓ５２、Ｙ５４、Ｎ５５、Ｋ５９、Ｒ９８、Ｄ１００、Ｆ１０１、Ｗ１０２、Ｓ１０３、Ｇ１０４、Ｙ１０５、Ｋ１０７およびＤ１１０からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５または全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２７７８０のＹ３３、Ｙ５０、Ｄ５１、Ｎ５３、Ｋ５４、Ｓ５７、Ｖ３４、Ｓ５２、Ｒ５５、Ｐ５６、Ｇ５８およびＧ６５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３１７８６のＱ１、Ｖ２、Ｆ２７、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｗ９９、Ｙ１００、Ｙ１０１、Ｙ１０２、Ｇ２６、Ｔ２８、Ｆ２９、Ｇ３３、Ｗ５２、Ｇ５５、Ｒ７２、Ｎ７４、Ｎ９８、Ｙ１０３、Ｙ１０４、Ｄ１０７およびＶ１０８からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２７７８０のＹ３３、Ｙ５０、Ｄ５１、Ｎ５３、Ｋ５４およびＳ５７からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３１７８６のＱ１、Ｖ２、Ｆ２７、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｗ９９、Ｙ１００、Ｙ１０１およびＹ１０２からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可

変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２６５３６のＨ３１、Ｇ３２、Ｄ３３、Ｇ３４、Ｋ３５、Ｙ３７、Ｉ９７、Ｑ９８、Ｉ９９、Ｉ２、Ｑ２７、Ｓ２８、Ｌ２９、Ｌ３０、Ｔ３６、Ｅ５５、Ｑ９５、Ｓ９６、Ｐ１００およびＷ１０１からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３０５４２のＳ３１、Ｗ５２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｄ１０２、Ｆ１０３、Ｗ１０４、Ｔ２８、Ｓ３０、Ｙ３２、Ｇ３３、Ｗ４７、Ｉ５０、Ｉ５１、Ｓ５６、Ｋ５８、Ｙ６０、Ｋ６５、Ｄ９９、Ｈ１０１、Ｓ１０５およびＧ１０６からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２６５３６のＨ３１、Ｇ３２、Ｄ３３、Ｇ３４、Ｋ３５、Ｙ３７、Ｉ９７、Ｑ９８およびＩ９９からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３０５４２のＳ３１、Ｗ５２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｄ１０２、Ｆ１０３およびＷ１０４からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、軽鎖可変領域および／または重鎖可変領域を含み、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２６８２６のＮ３０、Ｓ３１、Ｙ３３、Ｆ５０、Ｓ５４、Ｓ６８、Ｙ９２、Ｅ９３、Ｗ９７、Ｓ２８、Ｖ２９、Ｇ３２、Ｌ４７、Ｇ５１、Ａ５２、Ｓ５３、Ｒ５５、Ａ５６、Ｇ６９、Ｑ９０、Ｑ９１、Ｓ９４およびＳ９５からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３０８３２のＲ３０、Ｙ３１、Ｙ３３、Ｅ５０、Ｓ５４、Ｓ５６、Ｎ５８、Ｄ９８、Ｙ９９、Ｇ１００、Ｓ２８、Ｙ３２、Ｗ３４、Ｓ３５、Ｗ４７、Ｇ４９、Ｉ５１、Ｓ５２、Ｈ５３、Ｇ５５、Ｔ５７、Ｒ９７、Ａ１０１、Ｆ１０２およびＤ１０３からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４もしくは全アミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、軽鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２６８２６のＮ３０、Ｓ３１、Ｙ３３、Ｆ５０、Ｓ５４、Ｓ６８、Ｙ９２、Ｅ９３およびＷ９７からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８もしくは全アミノ酸残基を含み、および／または重鎖可変領域は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３０８３２のＲ３０、Ｙ３１、Ｙ３３、Ｅ５０、Ｓ５４、Ｓ５６、Ｎ５８、Ｄ９８、Ｙ９９およびＧ１００からなる群から選択される少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９もしくは全アミノ酸残基を含む。

【００８３】

さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質の間のコンセンサス配列が想定される。例えば、本発明の可変重鎖および可変軽鎖領域（ＶＨおよびＶＬ）ならびにＣＤＲ（ＨＣＤＲ１／２／３およびＬＣＤＲ１／２／３）は、関連するモノクローナル抗体の群に由来するコンセンサス配列を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、配列相同性および機能の両方によって関連付けられてもよい。本明細書に記載されている通り、「コンセンサス配列」は、多数の配列の間で共通した保存されたアミノ酸、およびある特定の位置において所定のアミノ酸配列内で変動するアミノ酸を有するアミノ酸配列を指す。一部の実施形態では、ある特定の位置におけるアミノ酸改変は、置換である。一部の実施形態では、ある特定の位置におけるアミノ酸改変は、欠失である。一部の実施形態では、ある特定の位置におけるアミノ酸改変は、付加または挿入である。これらのアミノ酸改変は、特定の抗体ＶＨ、ＶＬおよび／またはＣＤＲ配列を解析する際に、当業者にとって明らかである。

【００８４】

例えば、抗体配列は、次の方法論を使用して解析された。Ｓｍｉｔｈ－Ｗａｔｅｒｍａ

ｎアルゴリズムは、翻訳されたＩＭＧＴ生殖系列Ｖ、ＤおよびＪ遺伝子に対するアミノ酸配列の整列に使用された。先ずＶ遺伝子が、位置づけられ、続いてＪ遺伝子が、位置づけられたＶ遺伝子の下流の領域に位置づけられ、最後にＤ遺伝子が、ＶおよびＪ領域の間の領域に位置づけられた。Ｄ遺伝子は、高頻度可変ＣＤＲ３領域に位置づけられる相対的に短い配列であるため、疑似的なマッチングが可能であり、そのようなものが考慮に入れられたことに留意されたい。

【００８５】

次に、各群由来の配列が、標準ＣｌｕｓｔａｌWアルゴリズム（Ｔｈｏｍｐｓｏｎら、１９９４、Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ．２２：４６７３－４６８０頁を参照）を用いるプログラムを使用した配列類似性アラインメント照合に付された。一部の事例では、Ｂｉｏｓｕｍコストマトリクスが使用され、ギャップ作製ペナルティ５０が、ギャップ伸長ペナルティ０．１と共に用いられた。アラインメントが作成され、次いでＰＤＦ画像としてエクスポートされた後、配列ロゴスが、Ｇｅｎｅｉｏｕｓ（ｖ８．１．７、Ｂｉｏｍａｔｔｅｒｓ）によって作成された。コンセンサス配列が、０％閾値によりＧｅｎｅｉｏｕｓ（ｖ８．１．７、Ｂｉｏｍａｔｔｅｒｓ）において作成され、ＦＡＳＴＡファイルとしてエクスポートされた。各群内で変動したアミノ酸は、各コンセンサス配列内において記号Ｘで記載した。この解析から得られるコンセンサス配列については、図５５における表１９Ａ ＶＨコンセンサス１－１４および表２０Ａ ＶＬコンセンサス１－１４ならびに図５６における表２１－４８を参照されたい。他の事例では、コンセンサス配列は、Ａｂｉｎｉｔｉｏにおいて作成された。この解析から得られるコンセンサス配列については、図５５における表１９Ａ ＶＨコンセンサス－１５－６０および表２０Ａ ＶＬコンセンサス１５－５４ならびに図５７における表４９－１３４を参照されたい。

【００８６】

代わりに、当業者が直ちに利用できる異なる解析方法が使用されてもよい。例えば、コンセンサス配列は、抗体のＶＨ（すなわち、可変重等）＆ＶＬ（すなわち、可変軽等）に対応するＣＤＲの標準系統学的解析を使用して決定することができる。例えば、ＶＨまたはＶＬの任意の可変ドメイン全体に対応するアミノ酸配列は、比較アラインメントの処理および系統発生の推論を容易にするために、ＦＡＳＴＡフォーマットに変換することができる。次に、ＶＨまたはＶＬに対応する同じ配列内で近接にＣＤＲを維持し続けながら、同時発生的事象（例えば、共通生殖系列フレームワーク遺伝形質を思いがけなく共有する無関係の抗体のような）によるいかなるアミノ酸位置重み付けバイアスも導入することなく、ＣＤＲ単独の試験を行うことができるように、これらの配列のフレームワーク領域は、人工リンカー配列により置き換えることができる。次に、このフォーマットのＶＨまたはＶＬ配列は、標準ＣｌｕｓｔａｌW様アルゴリズム（Ｔｈｏｍｐｓｏｎら、１９９４、Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ．２２：４６７３－４６８０頁を参照）を用いるプログラムを使用した配列類似性アラインメント照合に付すことができる。ギャップ作製ペナルティ８．０は、ギャップ伸長ペナルティ２．０と共に用いることができる。このプログラムは同様に、ＵＰＧＭＡ（無荷重平均距離法）または近隣結合法（ＳａｉｔｏｕおよびＮｅｉ、１９８７、Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ ａｎｄ Ｅｖｏｌｕｔｉｏｎ ４：４０６－４２５頁を参照）のいずれかを使用した配列類似性アラインメントに基づき系統樹（系統学的樹形図）を作成して、分枝長比較および群分けにより配列群の類似性および差異を構築＆例証した。作成された本来の配列アラインメントは、コンセンサス群により各位置において許容されるアミノ酸の発生の経験的な試験および実証に用いることができる。次に、各ＣＤＲ内の同様の配列の群のコンセンサス配列が調製されてもよい。

【００８７】

別の種類のアプローチでは、ＣＤＲコンセンサス配列は、同一の配列内のＶＨまたはＶＬに対応する連続したつながり方とは関係なく、別々のＣＤＲ毎に決定することができる。このアプローチでは、コンセンサス配列は、群における各Ｈ－ＣＤＲ１、Ｈ－ＣＤＲ２、Ｈ－ＣＤＲ３、Ｌ－ＣＤＲ１、Ｌ－ＣＤＲ２およびＬ－ＣＤＲ３を整列することにより決定することができる、すなわち、抗原結合性タンパク質の個々のＨ－ＣＤＲ１配列を整

列することにより、Ｈ－ＣＤＲ１コンセンサス配列を決定することができ、抗原結合性タンパク質の個々のＨ－ＣＤＲ２配列を整列することにより、Ｈ－ＣＤＲ２コンセンサス配列を決定することができ、抗原結合性タンパク質の個々のＨ－ＣＤＲ３配列を整列することにより、Ｈ－ＣＤＲ３コンセンサス配列を決定することができ、抗原結合性タンパク質の個々のＬ－ＣＤＲ１配列を整列することにより、Ｌ－ＣＤＲ１コンセンサス配列を決定することができ、抗原結合性タンパク質の個々のＬ－ＣＤＲ２配列を整列することにより、Ｌ－ＣＤＲ２コンセンサス配列を決定することができ、抗原結合性タンパク質の個々のＬ－ＣＤＲ３配列を整列することにより、Ｌ－ＣＤＲ３コンセンサス配列を決定することができる。それぞれ個々のＣＤＲ配列内の配列間の類似性が同定されてもよい。それにより、各ＣＤＲ内の同様の配列の群のコンセンサス配列が提示されてもよい。

【００８８】

本発明の可変重鎖（ＶＨ）コンセンサスアミノ酸配列の様々な実施形態（ｅｍｏｂｏｄｉｍｅｎｔ）は、図５５の表１９Ａに記されている（ＣＤＲに下線が引かれ、最初に登場するのがＣＤＲ１である）。本発明のＶＨ　ＣＤＲコンセンサスアミノ酸配列の様々な実施形態が、図５５の表１９Ｂおよび１９Ｃに記されている。一部の事例では、「Ｘ」が、表１９Ａおよび１９Ｂに記されているアミノ酸配列に存在し、これは、２個以上のアミノ酸（または０個のアミノ酸）が、この場所に存在し得ることを示す（コンセンサスタンパク質アラインメントの詳細については、図５６および図５７を参照）。一部の事例では、「－」が、表１９Ａ（これは、コンセンサスアラインメントの結果である）に存在し、アミノ酸がこの場所に存在しないことを示す（コンセンサスタンパク質アラインメントの詳細については、図５６および図５７を参照）。ＶＨコンセンサス配列およびＶＨ　ＣＤＲコンセンサス配列は、上述の通り、８つ以上の整列されたＶＨ／ＶＨ　ＣＤＲ抗体配列の解析に基づく。一部の事例では、ＶＨ／ＶＨ　ＣＤＲコンセンサス配列は、２５以上の、５０以上の、７５以上のまたは１００以上の整列されたＶＨ抗体配列の解析に基づく。一事例では、ＶＨ／ＶＨ　ＣＤＲコンセンサス配列は、１４９の整列されたＶＨ抗体配列の解析に基づく。

【００８９】

本発明の可変軽鎖（ＶＬ）コンセンサスアミノ酸配列の様々な実施形態（ｅｍｏｂｏｄｉｍｅｎｔ）は、図５５の表２０Ａに記されている（ＣＤＲに下線が引かれ、最初に登場するのがＣＤＲ１である）。本発明のＶＬ　ＣＤＲコンセンサスアミノ酸配列の様々な実施形態は、図５５の表２０Ｂおよび２０Ｃに記されている。上述の通り、一部の事例では、「Ｘ」が、表２０Ａおよび２０Ｂに記されているアミノ酸配列に存在し、これは、２個以上のアミノ酸（または０個のアミノ酸）が、この場所に存在し得ることを示す（コンセンサスタンパク質アラインメントの詳細については、図５６および図５７を参照）。一部の事例では、「－」が、表２０Ａ（これは、コンセンサスアラインメントの結果である）に存在し、アミノ酸が、この場所に存在しないことを示す（コンセンサスタンパク質アラインメントの詳細については、図５６および図５７を参照）。ＶＬコンセンサス配列およびＶＬ　ＣＤＲコンセンサス配列は、上述の通り、８つ以上の整列されたＶＬ／ＶＬ　ＣＤＲ抗体配列の解析に基づく。一部の事例では、ＶＬ／ＶＬ　ＣＤＲコンセンサス配列は、２５以上の、５０以上の、７５以上のまたは１００以上の、１２５以上のまたは１５０以上の整列されたＶＬ抗体配列の解析に基づく。一事例では、ＶＬ／ＶＬ　ＣＤＲコンセンサス配列は、２０９の整列されたＶＬ抗体配列の解析に基づく。

【００９０】

上に記述されている通り、コンセンサス配列は、ある特定の実施形態では、配列における異なる位置に置換、欠失または付加／挿入を含むことができる。このような置換、欠失または付加／挿入の具体例は、図５５の表１９Ｃおよび２０Ｃ、ならびに図５６の表２１－４８および図５７の表４９－１３４に見出すことができ、これらの全ては、本明細書に含まれている。しかし、決して、図５５の表１９Ａ－Ｃおよび２０Ａ－Ｃまたは図５６の表２１－４８または図５７の表４９－１３４に例証されているアミノ酸置換、欠失または付加／挿入は、本明細書で考慮されている任意のアミノ酸による、同定されたコンセンサ

ス配列（ＶＨ、ＶＬおよび／またはＣＤＲ）の任意の位置におけるアミノ酸置換、欠失または付加のみに、本発明を限定するものと解釈されるべきではない。

【００９１】

ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、３個のＶＨ　ＣＤＲおよび３個のＶＬ　ＣＤＲを含み、少なくとも１個のＶＨ　ＣＤＲは、図５５に描写されている通り、表１９Ｂまたは表１９Ｃから選択されるＶＨ１　ＣＤＲである。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、３個のＶＨ　ＣＤＲおよび３個のＶＬ　ＣＤＲを含み、少なくとも１個のＶＨ　ＣＤＲは、図５５に描写されている通り、表１９Ｂまたは表１９Ｃから選択されるＶＨ２　ＣＤＲである。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、３個のＶＨ　ＣＤＲおよび３個のＶＬ　ＣＤＲを含み、少なくとも１個のＶＨ　ＣＤＲは、図５５に描写されている通り、表１９Ｂまたは表１９Ｃから選択されるＶＨ３　ＣＤＲである。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、３個のＶＨ　ＣＤＲおよび３個のＶＬ　ＣＤＲを含み、ＶＨ１　ＣＤＲ、ＶＨ２　ＣＤＲおよびＶＨ３　ＣＤＲは、図５５に描写されている通り、表１９Ｂまたは表１９Ｃから選択される。

【００９２】

ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、３個のＶＨ　ＣＤＲおよび３個のＶＬ　ＣＤＲを含み、少なくとも１個のＶＬ　ＣＤＲは、図５５に描写されている通り、表２０Ｂまたは表２０Ｃから選択されるＶＬ１　ＣＤＲである。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、３個のＶＨ　ＣＤＲおよび３個のＶＬ　ＣＤＲを含み、少なくとも１個のＶＬ　ＣＤＲは、図５５に描写されている通り、表２０Ｂまたは表２０Ｃから選択されるＶＬ２　ＣＤＲである。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、３個のＶＨ　ＣＤＲおよび３個のＶＬ　ＣＤＲを含み、少なくとも１個のＶＬ　ＣＤＲは、図５５に描写されている通り、表２０Ｂまたは表２０Ｃから選択されるＶＬ３　ＣＤＲである。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、３個のＶＨ　ＣＤＲおよび３個のＶＬ　ＣＤＲを含み、ＶＬ１　ＣＤＲ、ＶＬ２　ＣＤＲおよびＶＬ３　ＣＤＲは、図５５に描写されている通り、表２０Ｂまたは表２０Ｃから選択される。

【００９３】

一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＨの１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＬの１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＨ１　ＣＤＲ内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＨ２　ＣＤＲ内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＨ３　ＣＤＲ内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＬ１　ＣＤＲ内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＬ２　ＣＤＲ内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＬ３　ＣＤＲ内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。

【００９４】

一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＨコンセンサス配列の１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＬコンセンサス配列の１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＨ１　ＣＤＲコンセンサス配列内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＨ２　Ｃ

ＤＲコンセンサス配列内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＨ３　ＣＤＲコンセンサス配列内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＬ１　ＣＤＲコンセンサス配列内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＬ２　ＣＤＲコンセンサス配列内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＶＬ３　ＣＤＲコンセンサス配列内に１、２、３、４、５または６個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を含む。

【００９５】

一部の実施形態では、フレームワークコンセンサス配列が、本発明によって包含される。このようなフレームワークコンセンサス配列および付加、欠失または置換の例は、本明細書における図５６の表２１－４８および図５７の表４９－１３４に示されている。

【００９６】

さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒト、カニクイザル、ブタ、イヌ、マウスおよびラットが挙げられるがこれらに限定されない、異なる種のＡＳＧＲに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒトに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、カニクイザルＡＳＧＲに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ブタＡＳＧＲに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、イヌＡＳＧＲに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、マウスＡＳＧＲに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ラットＡＳＧＲに結合する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、異なる種のＡＳＧＲに特異的に結合する。

【００９７】

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒト、カニクイザル、ブタ、イヌ、マウスおよびラットが挙げられるがこれらに限定されない、異なる種のＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、カニクイザルＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ブタＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、イヌＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、マウスＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ラットＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、異なる種のＡＳＧＲ－１に特異的に結合する。

【００９８】

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒト、カニクイザル、ブタ、イヌ、マウスおよびラットが挙げられるがこれらに限定されない、異なる種のＡＳＧＲ－２に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－２に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、カニクイザルＡＳＧＲ－２に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ブタＡＳＧＲ－２に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、イヌＡＳＧＲ－２に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、マウスＡＳＧＲ－２に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ラットＡＳＧＲ－２に結合する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、異なる種のＡＳＧＲ－２に特異的に結合する。

【００９９】

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、２以上の異なる種由来のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に結合し、かつ／または同じ種由来のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に結合する。例えば、ヒトおよびカニクイザルＡＳＧＲ－１に結合する抗体；ヒト、カニクイザルおよびブタＡＳＧＲ－１に結

合する抗体；ヒト、カニクイザル、ラットおよびマウスＡＳＧＲ－２に結合する抗体；ヒトＡＳＧＲ－１およびヒトＡＳＧＲ－２に結合する抗体；ヒトおよびカニクイザルＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２に結合する抗体が挙げられるがこれらに限定されない。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、２以上の異なる種由来のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合し、かつ／または同じ種由来のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する。

【０１００】

本明細書に記述されている通り、ＡＳＧＲ受容体ならびにＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２は別々に、リガンド結合後に細胞へと内部移行する。したがって、ある特定の実施形態では、本発明は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の内部移行を阻害または低下させる抗原結合性タンパク質を提供する。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、リガンド結合を低下させ、また、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の内部移行を阻害する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、必ずしもリガンド結合を阻害せずに、内部移行を阻害する。

【０１０１】

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、ｐＨおよび／またはカルシウム非感受性分子であると共に、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に結合し、リガンドへの結合を阻害する。これらの特性が、分子の半減期を延長させるために、エンドサイトーシス過程において分子が受容体から解離することの低下または防止に望まれることが想定される。一部の実施形態では、生理的ｐＨ（すなわち、ｐＨ７．４）における抗原結合に対する親和性が、エンドソームｐＨ（すなわち、ｐＨ５．５－６．０）におけるそれと同様であるような、その抗原へのｐＨ非依存性結合を行う抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）。一部の実施形態では、アッセイ条件（すなわち、１ｍＭカルシウム）における抗原結合に対する親和性が、外因的に加えられたカルシウムの非存在下でのそれと同様であるような、その抗原へのカルシウム非依存性結合を行う抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）。一部の実施形態では、生理的ｐＨにおけるカルシウムの存在下での抗原結合に対する親和性が、エンドソームｐＨ（すなわち、ｐＨ５．５－６．０）におけるカルシウムの非存在下でのそれと同様であるような、その抗原へのｐＨおよびカルシウム非依存性結合の両方を行う抗原結合性タンパク質。後述する実施例７Ｃに記載されている方法のような、当業者に知られたあらゆる方法が、ｐＨおよび／またはカルシウム非感受性の測定に使用されてもよい。

【０１０２】

アシアロ糖タンパク質受容体であるＡＳＧＲ－１は、Ｎ末端サイトゾルドメイン、膜貫通ドメイン、ストーク領域および炭水化物認識ドメイン（ＣＲＤ）（代わりに、炭水化物結合ドメインまたは「ＣＢＤ」としても公知）を含有する。ＡＳＧＲ－１の炭水化物認識ドメイン（「ＣＲＤ」）構造は、文献に報告されている（Ｍ．Ｍｅｉｅｒら、ＪＭＢ（２０００）３００、８５７－８６５頁）。報告されているよりも高い分解能における、また、様々なリガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）に結合されたときのＡＳＧＲ－１の構造が、本明細書に提供されている（本明細書における実施例１０および図１８－２１を参照）。ＡＳＧＲ－１の機能に対するこのドメインの重要性を考慮すると、一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質によりこのドメインを標的とすることが望ましい。

【０１０３】

したがって、一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１のＣＢＤに結合する。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－１のＣＢＤに結合する。ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５のＣＢＤに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の１４８－２９１、１４９－２９１、１５０－

２９１、１５１－２９１、１５２－２９１、１５３－２９１および１５４－２９１からなる群から選択されるアミノ酸残基に結合する。一部の実施形態では、本発明は、ヘリックスα－１またはヘリックスα－２内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１７４－１８６内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１９４－２０６内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質、またはＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に結合することができる他の糖および糖タンパク質）が結合する場所と同じまたは重複する結合部位においてヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基２３７－２７３または残基２４０－２６７内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、カニクイザルＡＳＧＲ－１のＣＢＤに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ブタＡＳＧＲ－１のＣＢＤに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、イヌＡＳＧＲ－１のＣＢＤに結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、マウスＡＳＧＲ－１のＣＢＤに結合する。さらに一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ラットＡＳＧＲ－１のＣＢＤに結合する。さらに一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、例えば、ヒトＡＳＧＲ－１およびカニクイザルＡＳＧＲ－１、またはヒトＡＳＧＲ－１、カニクイザルＡＳＧＲ－１およびイヌＡＳＧＲ－１、またはヒトＡＳＧＲ－１およびマウスＡＳＧＲ－１が挙げられるがこれらに限定されない、２以上の異なるＡＳＧＲ－１種のＣＢＤに結合する。

【０１０４】

さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１に結合し、ＡＳＧＲ－１へのリガンドの結合を阻害する。特異的な実施形態では、阻害されるリガンドとして、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質、またはＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に結合することができる他の糖および糖タンパク質が挙げられるがこれらに限定されない。

【０１０５】

マウスＡＳＧＲ－１の位置２７２（ヒトＡＳＧＲ－１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）の位置２７３）におけるチロシンは、マウスＡＳＧＲ－１のＤ２６６への水素結合およびマウスＡＳＧＲ－１の他の残基（Ｎ２０８、Ｗ２１０、Ｈ２５６およびＲ２７０）へのいくつかのファンデルワールス接触を表示するため、タンパク質安定性にとって重要であると思われる。その上、他のレクチンとの類推により、マウスＡＳＧＲ－１のＹ２７２は、炭水化物結合における役割およびＡＳＧＲ－１の機能を果たし得る。したがって、一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－１のＹ２７３に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－１のＹ２７３を含むエピトープにおいてＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、リガンド結合に参加できないヒトＡＳＧＲ－１のＹ２７３をもたらすエピトープにおいてＡＳＧＲ－１に結合する。

【０１０６】

ｈＡＳＧＲ－１の結晶構造の解析は、ｈＡＳＧＲ－１およびリガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げら

れるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）の間の相互作用に関与する特異的アミノ酸を明らかにした。したがって、さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて結合する。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。

【０１０７】

さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて結合する。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。

【０１０８】

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも２つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも３つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも４つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、

Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも５つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも６つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも７つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも８つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも９つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１０に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１１に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１２に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１３に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１４に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、

Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１５に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１６に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１７に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１８に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１９に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも２０に結合するかまたはこれと相互作用する。

【０１０９】

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも２つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも３つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも４つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも５つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも６つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも７つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも８つに結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも９つに結合するかまたはこ

れと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１０に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１１に結合するかまたはこれと相互作用する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも全てに結合するかまたはこれと相互作用する。

【０１１０】

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも２つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも３つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも４つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも５つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも６つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも７つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも８つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも９つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ

２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１０を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１１を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１２を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１３を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１４を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１５を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１６を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１７を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１８を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１９を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも２０を含むエピトープにおいて結合する。

【０１１１】
一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも２つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも３つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも４つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも５つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも６つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも７つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも８つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも９つを含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１０を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１１を含むエピトープにおいて結合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち全てを含むエピトープにおいて結合する。

【０１１２】
さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも２つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なく

とも３つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも４つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも５つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも６つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも７つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃが挙げられるがこれらに限定されない糖、またはフェチュイン、オロソムコイドおよび／またはアルカリホスファターゼが挙げられるがこれらに限定されないそのような糖を提示する糖タンパク質）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも８つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも９つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび

／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１０との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１１との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１２との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１３との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１４との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１５との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１６との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１７との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２

６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１８との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも１９との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｆ２５８、Ｒ２６３またはＷ２６４のうち少なくとも２０との結合または相互作用を遮断または低下させる。

【０１１３】

さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも２つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも３つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも４つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも５つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも６つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも７つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも８つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５

９またはＹ２７３のうち少なくとも９つとの結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１０との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち少なくとも１１との結合または相互作用を遮断または低下させる。さらなる実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、ｈＡＳＧＲ－１に結合し、リガンド（例えば、ラクトース、ガラクトースおよび／またはＧａｌＮＡｃ）と、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２５７、Ｔ２５９またはＹ２７３のうち全てとの結合または相互作用を遮断または低下させる。

【０１１４】

特有の抗原結合性タンパク質配列特色を特異的機能または結合特徴に関係づけるため、様々な特徴付けビン（ｂｉｎ）由来の本発明の抗原結合性タンパク質由来の配列が解析されてもよい。例えば、本発明の抗原結合性タンパク質は、種々のビニング（ｂｉｎｎｉｎｇ）プローブ（例えば、異なる種由来のＡＳＧＲ－１を発現する細胞由来の膜調製物または可溶性ｈｕＡＳＧＲ－１）に結合するその能力に関して検査することができる。特有の結合ビン毎に、抗原結合性タンパク質のそれぞれに由来する重鎖および軽鎖配列は、例えば：１．特有のＶＤＪおよびＶＪ再編成；２．生殖系列からの分岐（すなわち、特有の体細胞高頻度突然変異）；ならびに３．同じビンの他の抗原結合性タンパク質に対する関連性に基づき、比較およびクレイド分類されてもよい。したがって、ある特定の実施形態では、同じまたは同様の配列特色およびパターンを含む抗原結合性タンパク質は、実質的に同じまたは同様の結合特徴を有することになる。特異的な実施形態では、これらの抗原結合性タンパク質は、変動する親和性で同じまたは同様のエピトープに結合することができる。

【０１１５】

本明細書に記載されている例示的な抗原結合性タンパク質は、抗原結合性タンパク質によって結合されるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２におけるエピトープに基づく特性を有する。用語「エピトープ」は、抗体のような抗原結合性タンパク質によって結合され得る任意の決定基を含む。エピトープは、抗原を標的とする抗原結合性タンパク質によって結合されるかまたはこれと相互作用する、当該抗原の領域であり、抗原がタンパク質である場合、エピトープは、抗原結合性タンパク質と直接的に接触または相互作用する特異的アミノ酸を含む。エピトープは、近接アミノ酸またはタンパク質の三次フォールディングによって並置された非近接アミノ酸の両方によって形成され得る。「直鎖状エピトープ」は、アミノ酸一次配列が、認識されるエピトープを含むエピトープである。直鎖状エピトープは典型的に、少なくとも３または少なくとも４、より通常は、少なくとも５または少なくとも６または少なくとも７、例えば、約８から約１０個のアミノ酸を特有の配列で含む。

【０１１６】

「立体構造エピトープ」は、直鎖状エピトープとは対照的に、不連続アミノ酸の群である（例えば、ポリペプチドにおいて、ポリペプチドの一次配列において隣り合っていないが、ポリペプチドの三次および四次構造の文脈では、抗原結合性タンパク質によって結合されるほど互いに十分に近い、アミノ酸残基）。エピトープ決定基は、アミノ酸、糖側鎖、ホスホリルまたはスルホニル基のような分子の化学的に活性な表面グループ分けを含むことができ、特異的な三次元構造特徴および／または特異的な電荷特徴を有することができる。一般に、特定の標的分子に特異的な抗原結合性タンパク質は、タンパク質および／または巨大分子の複合混合物中の標的分子におけるエピトープを優先的に認識する。

【０１１７】
抗原結合性タンパク質によって結合されたエピトープを特徴付ける方法は、本技術分野で周知であり、そのようなものとして、ビニング（競合および／または交差競合）（Ｍｉｌｌｅｒら「Ｅｐｉｔｏｐｅ ｂｉｎｎｉｎｇ ｏｆ ｍｕｒｉｎｅ ｍｏｎｏｃｌｏｎａｌ ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ ｂｙ ａ ｍｕｌｔｉｐｌｅｘｅｄ ｐａｉｒｉｎｇ ａｓｓａｙ」Ｊ Ｉｍｍｕｎｏｌ Ｍｅｔｈｏｄｓ（２０１１）３６５、１１８－２５頁）、ペプチドマッピング（例えば、ＰＥＰＳＰＯＴ（商標））（Ａｌｂｅｒｔら「Ｔｈｅ Ｂ－ｃｅｌｌ Ｅｐｉｔｏｐｅ ｏｆ ｔｈｅ Ｍｏｎｏｃｌｏｎａｌ Ａｎｔｉ－Ｆａｃｔｏｒ ＶＩＩＩ Ａｎｔｉｂｏｄｙ ＥＳＨ８ Ｃｈａｒａｃｔｅｒｉｚｅｄ ｂｙ Ｐｅｐｔｉｄｅ Ａｒｒａｙ Ａｎａｌｙｓｉｓ」２００８ Ｔｈｒｏｍｂ Ｈａｅｍｏｓｔ ９９、６３４－７頁）、キメラのような突然変異誘発方法（Ｓｏｎｇら「Ｅｐｉｔｏｐｅ Ｍａｐｐｉｎｇ ｏｆ Ｉｂａｌｉｚｕｍａｂ， ａ Ｈｕｍａｎｉｚｅｄ Ａｎｔｉ－ＣＤ４ Ｍｏｎｏｃｌｏｎａｌ Ａｎｔｉｂｏｄｙ ｗｉｔｈ Ａｎｔｉ－ＨＩＶ－１ Ａｃｔｉｖｉｔｙ ｉｎ Ｉｎｆｅｃｔｅｄ Ｐａｔｉｅｎｔｓ」Ｊ．Ｖｉｒｏｌ．（２０１０）８４、６９３５－６９４２頁）、アラニンスキャニング（ＣｕｎｎｉｎｇｈａｍおよびＷｅｌｌｓ「Ｈｉｇｈ－ｒｅｓｏｌｕｔｉｏｎ ｅｐｉｔｏｐｅ ｍａｐｐｉｎｇ ｏｆ ＨＧＨ－ｒｅｃｅｐｔｏｒ ｉｎｔｅｒａｃｔｉｏｎｓ ｂｙ ａｌａｎｉｎｅ－ｓｃａｎｎｉｎｇ ｍｕｔａｇｅｎｅｓｉｓ」Ｓｃｉｅｎｃｅ（１９８９）２４４、１０８１－１０８５頁）、アルギニンスキャニング（Ｌｉｍら「Ａ ｄｉｖｅｒｓｉｔｙ ｏｆ ａｎｔｉｂｏｄｙ ｅｐｉｔｏｐｅｓ ｃａｎ ｉｎｄｕｃｅ ｓｉｇｎａｌｉｎｇ ｔｈｒｏｕｇｈ ｔｈｅ ｅｒｙｔｈｒｏｐｏｉｅｔｉｎ ｒｅｃｅｐｔｏｒ」Ｂｉｏｃｈｅｍｉｓｔｒｙ（２０１０）４９、３７９７－３８０４頁）、ＨＤ交換方法（Ｃｏａｔｅｓら「Ｅｐｉｔｏｐｅ ｍａｐｐｉｎｇ ｂｙ ａｍｉｄｅ ｈｙｄｒｏｇｅｎ／ｄｅｕｔｅｒｉｕｍ ｅｘｃｈａｎｇｅ ｃｏｕｐｌｅｄ ｗｉｔｈ ｉｍｍｏｂｉｌｉｚａｔｉｏｎ ｏｆ ａｎｔｉｂｏｄｙ， ｏｎ－ｌｉｎｅ ｐｒｏｔｅｏｌｙｓｉｓ， ｌｉｑｕｉｄ ｃｈｒｏｍａｔｏｇｒａｐｈｙ ａｎｄ ｍａｓｓ ｓｐｅｃｔｒｏｍｅｔｒｙ」Ｒａｐｉｄ Ｃｏｍｍｕｎ．Ｍａｓｓ Ｓｐｅｃｔｒｏｍ．（２００９）２３ ６３９－６４７頁）、ＮＭＲ交差飽和方法（Ｍｏｒｇａｎら「Ｐｒｅｃｉｓｅ ｅｐｉｔｏｐｅ ｍａｐｐｉｎｇ ｏｆ ｍａｌａｒｉａ ｐａｒａｓｉｔｅ ｉｎｈｉｂｉｔｏｒｙ ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ ｂｙ ＴＲＯＳＹ ＮＭＲ ｃｒｏｓｓ－ｓａｔｕｒａｔｉｏｎ」Ｂｉｏｃｈｅｍｉｓｔｒｙ（２００５）４４、５１８－２３頁）および結晶学（Ｇｅｒｈａｒｄｔら「Ｓｔｒｕｃｔｕｒｅ ｏｆ ＩＬ－１７Ａ ｉｎ ｃｏｍｐｌｅｘ ｗｉｔｈ ａ ｐｏｔｅｎｔ， ｆｕｌｌｙ ｈｕｍａｎ ｎｅｕｔｒａｌｉｚｉｎｇ ａｎｔｉｂｏｄｙ」Ｊ．Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ（２００９）３９４、９０５－２１頁）が挙げられるがこれらに限定されない。これらの方法は、エピトープを含むアミノ酸に関する、もたらされる詳細のレベルの点で変動する。

【０１１８】
本発明の抗原結合性タンパク質は、表２－７に記載されている例示的な抗原結合性タンパク質と同一または重複するエピトープを有するものを含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、例示的な抗原結合性タンパク質と同一のエピトープを有する。他の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、例示的な抗原結合性タンパク質と同じアミノ酸のサブセットのみに結合する。一部の実施形態では、表Ａ、Ｂ、Ｃまたは６に列挙されている抗体によって結合されるエピトープのいずれかに結合し得る抗原結合性タンパク質が、特に有用である。

【０１１９】
ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、表２－７における抗原結合性タンパク質と同一または重複するエピトープを有し、ａ）表２－７に記載されている抗原結合性タンパク質のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するもしくはこれと同一である軽鎖可変ドメイン；ｂ）表２－７に記されている抗原結合性タンパク質のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するもしくはこれと同一である重鎖可変ドメイン；またはｃ）ａ）の軽鎖可

変ドメインおよびｂ）の重鎖可変ドメインを含む。

【０１２０】

ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、２５Ａ４、４Ｈ６、４Ａ２、５Ｅ５、７Ｅ１１、５４Ｅ９、２２Ｇ５、１９４Ａ４、２１８Ｇ４、１７６Ｈ４および１９４Ｃ１０からなる群から選択される抗原結合性タンパク質と同一または重複するエピトープを有し、抗原結合性タンパク質は、２５Ａ４のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および２５Ａ４のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；４Ｈ６のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および４Ｈ６のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；４Ａ２のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および４Ａ２のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；５Ｅ５のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および５Ｅ５のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；７Ｅ１１のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および７Ｅ１１のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；５４Ｅ９のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および５４Ｅ９のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；２２Ｇ５のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および２２Ｇ５のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；１９４Ａ４のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および１９４Ａ４のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；２１８Ｇ４Ｇ４のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および２１８Ｇ４のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；１７６Ｈ４のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および１７６Ｈ４のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む；１９４Ｃ１０のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である軽鎖可変ドメイン、および１９４Ｃ１０のアミノ酸配列に対し少なくとも９０％同一性、少なくとも９５％同一性を有するかまたはこれと同一である重鎖可変ドメインを含む。

【０１２１】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、表２－７における抗体と同一または重複するエピトープを有し、表２に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；表２に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；および表２に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにａ）表２に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；表２に記されてい

るＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；および表２に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１２２】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、表Ａ、Ｂ、Ｃまたは６における抗体と同一または重複するエピトープを有し、表Ａ、Ｂ、Ｃまたは６に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；表Ａ、Ｂ、Ｃまたは６に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；および表Ａ、Ｂ、Ｃまたは６に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにａ）表Ａ、Ｂ、Ｃまたは６に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；表Ａ、Ｂ、Ｃまたは６に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；および表Ａ、Ｂ、Ｃまたは６に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１２３】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体２５Ａ４と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：４８０に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：８４９２に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１６５０４に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：４４８８に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１２５００に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２０５１２に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１２４】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体４Ｈ６と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：８９４に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：８９０６に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１６９１８に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：４９０２に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１２９１４に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２０９２６に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１２５】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体４Ａ２と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１１３０に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：９１４２に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１７１５４に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５１３６に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１

３１４８に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２１１６０に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１２６】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体５Ｅ５と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：９７４に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：８９８６に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１６９９８に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：４９８２に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１２９９４に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２１００６に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１２７】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体７Ｅ１１と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：８７２に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：８８８４に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１６８９６に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：４８８０に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１２８９２に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２０９０４に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１２８】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体５４Ｅ９と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３４４８に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１１４６０に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１９４７２に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：７４５２に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１５４６４に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２３４７６に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１２９】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体２２Ｇ５と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：８３３８に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１６３５０に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽

鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：４３３４に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１２３４６に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２０３５８に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１３０】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１９４Ａ４と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２７８０に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１０７９２に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１８８０４に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：６７８６に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１４７９８に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２２８１０に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１３１】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体２１８Ｇ４と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３７４６に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１１７５８に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１９７７０に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：７７５０に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１５７６２に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２３７７４に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１３２】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１７６Ｈ４と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２５０２に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１０５１４に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１８５２６に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：６５０８に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１４５２０に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２２５３２に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１３３】

ある特定の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１９４Ｃ１０と同一または重複するエピトープを有し、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２７９２に記されているＬＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１０８０４に記されているＬＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付

加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１８８１６に記されているＬＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＬＣＤＲ３を含む軽鎖可変ドメイン；ならびにＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：６７９８に記されているＨＣＤＲ１配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１４８１０に記されているＨＣＤＲ２配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２２８２２に記されているＨＣＤＲ３配列から３個以下のアミノ酸付加、欠失または置換を有するＨＣＤＲ３を含む重鎖可変ドメインを含む。

【０１３４】

同一または重複するエピトープを有する抗原結合性タンパク質同士は、抗原であるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への結合に関して競合することが多い。よって、ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体またはその抗体断片）は、表２－７に記載されている抗原結合性タンパク質と競合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体またはその抗体断片）は、表Ａ、ＢおよびＣに記載されている抗原結合性タンパク質と競合する。一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体またはその抗体断片）は、表６に記載されている抗原結合性タンパク質と競合する。「競合する」または「競合」は、抗原結合性タンパク質が、標的における同じエピトープまたは結合部位に関して競合することを意味する。このような競合は、参照抗原結合性タンパク質（例えば、抗体またはその抗体断片）が、被験抗原結合性タンパク質の特異的結合を防止または阻害するアッセイによって決定することができる。多数の種類の競合的結合アッセイが、被験分子が、結合に関して参照分子と競合するか決定するために使用されてもよい。用いることができるアッセイの例として、固相直接または間接ラジオイムノアッセイ（ＲＩＡ）、固相直接または間接エンザイムイムノアッセイ（ＥＩＡ）、サンドイッチ競合アッセイ（例えば、Ｓｔａｈｌｉら（１９８３）Ｍｅｔｈｏｄｓ　ｉｎ　Ｅｎｚｙｍｏｌｏｇｙ　９：２４２－２５３頁を参照）、固相直接ビオチン－アビジンＥＩＡ（例えば、Ｋｉｒｋｌａｎｄら（１９８６）Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１３７：３６１４－３６１９頁を参照）、固相直接標識アッセイ、固相直接標識サンドイッチアッセイ、ルミネックス（Ｊｉａら「Ａ　ｎｏｖｅｌ　ｍｅｔｈｏｄ　ｏｆ　Ｍｕｌｔｉｐｌｅｘｅｄ　Ｃｏｍｐｅｔｉｔｉｖｅ　Ａｎｔｉｂｏｄｙ　Ｂｉｎｎｉｎｇ　ｆｏｒ　ｔｈｅ　ｃｈａｒａｃｔｅｒｉｚａｔｉｏｎ　ｏｆ　ｍｏｎｏｃｌｏｎａｌ　ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ」Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌｏｇｉｃａｌ　Ｍｅｔｈｏｄｓ（２００４）２８８、９１－９８頁）および表面プラズモン共鳴（（Ｓｏｎｇら「Ｅｐｉｔｏｐｅ　Ｍａｐｐｉｎｇ　ｏｆ　Ｉｂａｌｉｚｕｍａｂ，　ａ　Ｈｕｍａｎｉｚｅｄ　Ａｎｔｉ－ＣＤ４　Ｍｏｎｏｃｌｏｎａｌ　ａｎｔｉｂｏｄｙ　ｗｉｔｈ　Ａｎｔｉ－ＨＩＶ－１　Ａｃｔｉｖｉｔｙ　ｉｎ　Ｉｎｆｅｃｔｅｄ　Ｐａｔｉｅｎｔｓ」Ｊ．Ｖｉｒｏｌ．（２０１０）８４、６９３５－６９４２頁）が挙げられる。競合を決定する例示的な方法は、実施例７Ｄに記載されている。通常、競合する抗原結合性タンパク質が過剰に存在する場合、これは、共通抗原への参照抗原結合性タンパク質の結合を少なくとも５０％、５５％、６０％、６５％、７０％または７５％阻害する。一部の事例では、ＡＳＧＲ－１への結合は、少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％以上阻害される。

【０１３５】

競合に加えて、同一の、重複するかまたは同様のエピトープを有する抗原結合性タンパク質（例えば、抗体またはその抗体断片）は、同様にＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の突然変異誘発によって影響される場合がある。手短にいうと、抗体と接触したまたはこれに埋められた残基を含有するドメイン（複数可）／領域（複数可）は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２（例えば、野生型抗原）における特異的残基を突然変異させ、抗原結合性タンパク質が、突然変異したまたはバリアントのＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２タンパク質に結合することができるか決定することにより同定することができる。多数の個々の突然変異を作製することによ

り、結合において直接的な役割を果たす残基、または突然変異が抗原結合性タンパク質および抗原の間の結合に影響を与え得るように、抗体に十分にごく接近した残基が同定され得る。これらのアミノ酸に関する知見から、抗原結合性タンパク質と接触しているかまたは抗体に当てはまる残基を含有する抗原のドメイン（複数可）または領域（複数可）が、解明され得る。このようなドメインは、抗原結合性タンパク質の結合エピトープを含むことができる。上述の通り、この一般アプローチの具体例の１つは、アルギニン／グルタミン酸スキャニングプロトコールを利用する（例えば、Ｎａｎｅｖｉｃｚ，　Ｔ．ら、１９９５、Ｊ．Ｂｉｏｌ．Ｃｈｅｍ．、２７０：３７、２１６１９－２１６２５頁およびＺｕｐｎｉｃｋ，　Ａ．ら、２００６、Ｊ．Ｂｉｏｌ．Ｃｈｅｍ．、２８１：２９、２０４６４－２０４７３頁を参照）。一般に、アルギニンおよびグルタミン酸は、野生型ポリペプチドにおけるアミノ酸の代わりに置換される（典型的に個々に）が、その理由として、これらのアミノ酸は荷電しており、かさ高いため、突然変異が導入された抗原の領域において、抗原結合性タンパク質および抗原の間の結合を撹乱する潜在力があることが挙げられる。野生型抗原に存在するアルギニン残基は、グルタミン酸に置き換えられる。種々のこのような個々の突然変異体が得られ、収集された結合結果が解析されて、いずれの残基が結合に影響するか決定する。実施例７Ｅにおいて、アルギニン／グルタミン酸突然変異誘発のスキャニングが、ヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤドメインを使用して行われ、例示的な抗体における効果が決定された。突然変異誘発する例示的な抗体と同様の方法で影響されるような、特徴を有するＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２抗原結合性タンパク質が、本発明の範囲内に含まれる。

【０１３６】

実施例７Ｅは、本明細書に提供されているＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質に対する、ＡＳＧＲ－１のこのようなアルギニン／グルタミン酸スキャニングの一例について記載する。一連の突然変異体ＡＳＧＲ－１抗原が作製され、各突然変異体抗原は、単一突然変異を有する。様々なＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質による各突然変異体ＡＳＧＲ－１抗原の結合が測定され、ヒトＡＳＧＲ－１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）に結合する選択された抗原結合性タンパク質の能力と比較された。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１への本発明の抗原結合性タンパク質の結合は、ＡＳＧＲ－１における単一突然変異によって阻害され、単一突然変異は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｐ２２０、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｅ２５３、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４、およびＥ２８０からなる群から選択される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体４Ａ２の特質を共有し、ＡＳＧＲ－１へのその結合は、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｈ２０４、Ｐ２０７およびＲ２６３の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体４Ｂ３の特質を共有し、ＡＳＧＲ－１へのその結合は、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｐ２２０およびＧ２５１の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体５Ｅ５の特質を共有し、ＡＳＧＲ－１へのその結合は、Ｗ１９５、Ｋ１９９およびＲ２６３の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体６Ｇ７の特質を共有し、ＡＳＧＲ－１へのその結合は、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｈ２１５、Ｐ２２０、Ｐ２３８、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｇ２５１およびＮ２６５の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１４９Ｄ１１の特質を共有し、その結合は、Ｒ１７０、Ｓ１７１およびＬ１８４の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１７５Ｆ４の特質を共有し、その結合は、Ｒ１８３の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１７Ｈ６の特質を共有し、その結合は、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２５１お

よびＥ２５３の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１９４Ａ４の特質を共有し、その結合は、Ｄ２６０の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体６０Ｃ１２の特質を共有し、その結合は、Ｒ１７０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３およびＮ２６５の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体６５Ｄ５の特質を共有し、その結合は、Ｒ２３７、Ｔ２５９、Ｄ２６０およびＲ２６３の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１９０Ｆ８または１９１Ｇ１の特質を共有し、その結合は、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｅ１９６、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｐ２３８、Ｄ２４３、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｄ２６０、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４およびＥ２８０の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１９９Ａ７の特質を共有し、その結合は、Ｒ１７０、Ｒ１８３、Ｈ２１５およびＱ２７０の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１４６Ｂ６の特質を共有し、その結合は、Ｐ２４１、Ｔ２５９およびＮ２６５の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、抗体１９３Ｅ７の特質を共有し、その結合は、Ｐ２０７およびＲ２６３の任意の突然変異によって阻害される。一部の実施形態では、上述の群の単一突然変異のうち２つ以上、３つ以上、４つ以上、５つ以上、６つ以上、７つ以上、８つ以上、９つ以上、１０以上または全てのいずれかは、ＡＳＧＲ－１へのＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質の結合を個々に阻害する。

【０１３７】

様々な抗ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質（例えば、抗体５Ｅ５、２２Ｇ５、７Ｅ１１、４Ａ２、４Ｈ６、７２Ｇ９、１９４Ａ４、５４Ｅ９、２１８Ｇ４、１７６Ｈ４および１９４Ｃ１０）の結合は、Ｘ線結晶学を使用してさらに解析された。Ｘ線結晶学の結果は、上述および実施例７Ｅに記載されているアルギニン／グルタミン酸突然変異誘発プロファイリングの結果と高度に相関していた。抗原結合性タンパク質および抗原の間の界面は、多数の方法で決定／定義され得る。実施例１０Ｂ－Ｌにおいて、界面は、そのパートナータンパク質との既定の距離内に少なくとも１原子を有する界面残基を選択することにより決定された。一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体５Ｅ５との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体５Ｅ５との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５Ｅ５の界面と重複し、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５Ｅ５の界面と重複し、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９

６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７またはＰ２３８（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１３８】

一部の実施形態では８Å以下の距離によって決定される、抗体２２Ｇ５との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、またはＴ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体２２Ｇ５との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５Ｅ５の界面と重複し、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、またはＴ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５Ｅ５の界面と重複し、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１３９】

一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体４Ａ２との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、またはＴ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体４Ａ２との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体４Ａ２の界面と重複し、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、またはＴ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体４Ａ２の界面と重複し、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１４０】
一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体７Ｅ１１との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体７Ｅ１１との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体７Ｅ１１の界面と重複し、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体７Ｅ１１の界面と重複し、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。
【０１４１】
一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体４Ｈ６との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体４Ｈ６との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体４Ｈ６の界面と重複し、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体４Ｈ６の界面と重複し、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。
【０１４２】
一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体７２Ｇ９との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、またはＣ２６

９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体７２Ｇ９との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、またはＱ２７０（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体７２Ｇ９の界面と重複し、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体７２Ｇ９の界面と重複し、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、またはＱ２７０（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１４３】

一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体１９４Ａ４との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体１９４Ａ４との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、またはＧ２５２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１９４Ａ４の界面と重複し、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１９４Ａ４の界面と重複し、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、またはＧ２５２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１４４】

一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体１９４Ｃ１０との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å

以下の距離によって決定される、抗体１９４Ｃ１０との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１９４Ｃ１０の界面と重複し、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１９４Ｃ１０の界面と重複し、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１４５】

一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体５４Ｅ９との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体５４Ｅ９との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５４Ｅ９の界面と重複し、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５４Ｅ９の界面と重複し、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１４６】

一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体２１８Ｇ４との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体２１８Ｇ４との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体２

１８Ｇ４の界面と重複し、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体２１８Ｇ４の界面と重複し、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１４７】

一部の実施形態では、８Å以下の距離によって決定される、抗体１７６Ｈ４との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。一部の実施形態では、５Å以下の距離によって決定される、抗体１７６Ｈ４との界面内に存在するＡＳＧＲ－１残基は、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）である。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１７６Ｈ４の界面と重複し、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。ある特定の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１７６Ｈ４の界面と重複し、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１４８】

一部の実施形態では、リガンド結合に関与するＡＳＧＲ－１残基はまた、抗体７２Ｇ９、５４Ｅ９、２１８Ｇ４または１７６Ｈ４が結合する区域にごく接近しており、リガンドへのＡＳＧＲ－１結合の遺伝子操作に有用となり得る。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体７２Ｇ９およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｇ２５２、Ｒ２３７、Ｅ２５３、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｃ２５５またはＶ２６８（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、

ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体７２Ｇ９およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｑ２４０、Ｄ２４２またはＷ２４４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体７２Ｇ９およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６またはＧ２５２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体７２Ｇ９およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｒ２３７またはＥ２５３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。後述する実施例において記載される通り、７２Ｇ９に起因する阻害の程度は、本明細書に提供されている他の直接遮断抗体よりも低い。限定を意図しないが、これは、互いに結合される場合のＡＳＧＲ－１タンパク質および抗体の相対的な配向性の性質により発生すると理解される。例えば、７２Ｇ９抗体が、ＡＳＧＲ－１に結合される場合、依然として、ある（より少なくはあるが）程度、リガンドが結合部位に達するのに十分な空間が存在する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５４Ｅ９およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｒ２７１、Ｅ２５３、Ｄ２６６、Ｄ２４３、Ｆ２５８またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５４Ｅ９およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５４Ｅ９およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２６０、Ｒ２６３またはＲ２７１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体５４Ｅ９およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｅ２５３またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体２１８Ｇ４およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｒ２３７、Ｔ２５９、Ｄ２６６、Ｆ２５８またはＶ２６８（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体２１８Ｇ４およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｎ２６５、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体２１８Ｇ４およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２６０またはＲ２７１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体２１８Ｇ４およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｔ２５９またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１７６Ｈ４およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、

Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｄ２６６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｙ２４５、Ｆ２５８、Ｒ２６３、Ｗ２６４またはＶ２６８（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１７６Ｈ４およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１７６Ｈ４およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｄ２６０またはＲ２７１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＡＳＧＲ－１と界面を形成し、これは、抗体１７６Ｈ４およびリガンド（例えば、ＧａｌＮＡｃ）の界面と重複し、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｙ２７３またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のいずれかが界面内に存在するものを含む。

【０１４９】

上に記述されている通り、ｈｕＡＳＧＲ－１およびリガンド（例えば、ラクトース、ガラクトース、ＧａｌＮＡｃ）の間の結合相互作用、ならびにｈｕＡＳＧＲ－１および本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）の様々な実施形態の間の結合相互作用は、実施例１０に記載されているＸ線結晶学を使用して評価された。ｈｕＡＳＧＲ－１および本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）の様々な実施形態の間の結合相互作用は、また、実施例７Ｄに記載されているエピトープビニングおよび実施例７Ｅに記載されているアルギニン／グルタミン酸突然変異プロファイリングを含む方法論を使用して評価された。これらの方法論により得られたデータの概要は、下表Ｄに記されている。この概要は、本発明の代表的な抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）の様々な結合特徴、ならびにｈｕＡＳＧＲ－１へのリガンド結合を直接的におよび／または間接的に阻害するその能力を例証する。一部の実施形態では、異なるリガンドにわたって共通した残基と相互作用する抗体は、様々なリガンドにわたって同様の形態の阻害（直接）をもたらすことができる。表Ｄにおいて、このような残基の例に下線を引き、太字で示す。

【０１５０】

【表１】

表D: 実施例7および10に由来する代表的な抗原結合性タンパク質の結合特徴の概要

リガンド/ mAb名	mAb エピトープ (ビン)	相互作用部位(結晶構造 <5オングストローム)	相互作用部位(結晶構造5-8オングストローム)	R/Eスキャン
リガンド/ ラクトース	ND	Q240, D242, W244, E253, N265, D266, D267	N209, R237, P238, E239, P241, D243, Y245, G246, H247, G252, C255, H257, T259, D260, V268, R271, Y273	ND
リガンド/ ガラクトース	ND	R237, D240, D242, W244, E253, N265, D266, D267	N209, P238, E239, P241, D243, Y245, G246, H247, G252, C255, H257, T259, V268, R271, Y273	ND
リガンド/ GalNAc	ND	N209, R237, D240, D242, W244, E253, H257, T259, N265, D266, D267, Y273	P238, E239, P241, D243, Y245, G246, H247, G252, C255, F258, D260, R263, W264, V268, R271	ND
5E5 - 相互作用は、リガンド結合の間接阻害を代表する	A	H161, E162, W195, E196, Q198, K199, F200, Q202, H203, H204, G232, F233, K234, N235, W236, R237, P238, D261, G262, R263	V159, E160, R163, T193, S194, E197, V201, I205, G206, P207, Y229, E230, T231, E239, F258, T259, D260, W264	W195, K199
4A2 - 相互作用は、リガンド結合の間接阻害を代表する	A	R170, W195, E196, K199, Q202, H203, H204, I205, G206, P207, V208, F233, K234, N235, W236, P238, D260, D261, G262, R263, R274	N157, V159, F168, S169, S171, S194, Q198, F200, V201, T210, R237, E239, Q240, F258, T259, W264	W195
7E11 - 相互作用は、リガンド結合の間接阻害を代表する	A	H161, S194, W195, E196, Q198, K199, F200, Q202, H203, F233, K234, N235, W236, R237, P238, R263	E160, E162, V192, T193, E197, V201, H204, Y229, E230, T231, G232, E239, Q240, P241, D261, G262, W264	W195

4H6 - 相互作用は、リガンド結合の間接阻害を代表する	**A**	**H161, E162, T193, S194, W195, E196, K199, Q202, T231, G232, F233, K234, N235, P238, D261, R263**	**R163, V192, E197, Q198, H203, P207, D228, E230, W236, R237, D260, G262, W264**	**ND**
22G5 - 相互作用は、リガンド結合の間接阻害を代表する	**B**	**W167, S171, G172, K173, A174, A176, D177, N180, Y181, R183, L184, E185, D186, Q270, P272, W275**	**P155, N157, W158, F168, S169, R170, W175, A178, D179, C182, A187, W211, C269, R271, Y273, R274, C277, T279**	**R183, L184, H215, P220, G246, G248, G251, N265**
194A4 - 相互作用は、リガンド結合の間接阻害を代表する	**C**	**T193, S194, W195, E196, P220, W221, G226, T227, D228, Y229, E230, T231, G232, F233, K234, N235, W236, R237, P238, E239, G252**	**H161, E162, V191, V192, E197, Q198, D216, G219, K222, W223, D225, R263, W264**	**D260**
72G9 - 相互作用は、リガンド結合の直接阻害を代表する	**C**	**D216, Q217, N218, G219, P220, W221, Y229, E230, K234, W236, E239, Q240, P241, D242, D243, W244, Y245, G246, L249, G250, G251, G252, D254, Q270**	**H215, K222, T231, G232, R237, P238, H247, G248, E253, C255, D266, V268, C269**	**P241, D242, D243, Y245, G251, E253**
54E9 - 相互作用は、リガンド結合の直接阻害を代表する	**E**	**W195, N209, N235, R237, P238, E239, Q240, D242, H257, T259, D260, D261, R263, N265, D267, R271, Y273**	**Q198, Q202, P207, V208, F233, W236, D243, E253, F258, G262, W264, D266**	**R237, E239, P241, T259, D260, R263, N265**
218G4 - 相互作用は、リガンド結合の直接阻害を代表する	**L/O**	**R170, S171, G172, A174, H204, I205, G206, P207, V208, N209, H257, D260, N265, D267, Q270, R271, P272, Y273, R274**	**W167, F168, S169, K173, W175, D177, Y181, Q202, H203, T210, W211, R237, F258, T259, D261, D266, V268, C269, W275**	**R171, G172, P238, R274**

176H4 - 相互作用は、リガンド結合の直接阻害を代表する	L/R	R170, S171, G172, K173, A174, D177, P207, V208, N209, R237, Q240, W244, G246, H247, G248, L249, E253, H257, T259, D260, N265, D267, Q270, R271, P272, Y273, R274	S169, W175, A176, A178, T210, W211, W236, P238, E239, D242, Y245, G250, G251, F258, D261, G262, R263, W264, D266, V268, C269, W275	G172, P241, D242, H247, L249, N265, R271, P272
194C10 - 相互作用は、リガンド結合の直接および/または間接阻害を代表する	L/T	N157, R170, S171, G172, Q202, H203, H204, I205, G206, P207, V208, N209, T210, D260, R271, P272, Y273, R274	V156, W158, V159, H161, W167, F168, S169, K173, K199, F200, V201, W211, R237, H257, F258, T259, D261, D267, V268, Q270, W275	R170, G172, V208, R274

【０１５１】

一部の実施形態では、抗体は、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を直接的に阻害することができる。さらに詳細に本明細書に記載されているが、また、理論による限定を意図しないが、このような相互作用は、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）のパラトープまたは他のセクションが、ＡＳＧＲ１　ＣＢＤにおける結合部位へのリガンドのアクセスを直接的に妨害するように、抗体が、そのリガンドに直接的に結合するＡＳＧＲ－１　ＣＢＤのセクションと相互作用することを表示することができる。抗原結合性タンパク質または抗体は、後述する実施例（実施例１０またはその中で参照されている結晶構造のような）を含む本明細書に提供されている、直接阻害剤の特徴のうち１つ以上を有する場合、直接阻害剤として指定され得る。直接阻害のいくつかの実施例は、７２Ｇ９、５４Ｅ９、２１８Ｇ４および１７６Ｈ４によって示されており、表Ｄに示されている。一部の実施形態では、直接阻害剤は、ＡＳＧＲ－１のＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基２３７－２７３または残基２４０－２６７のうち１つ以上に結合することができる。

【０１５２】

一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を間接的に阻害することができる。さらに詳細に本明細書に記載されているが、また、理論による限定を意図しないが、これは、抗原結合性タンパク質または抗体が、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合するが、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤにおける結合部位へのリガンドのアクセスを直接的に妨害する必要がないことを示す。抗原結合性タンパク質または抗体は、後述する実施例（実施例１０またはその中に提供されている結晶構造のような）を含む、本明細書に提供されている間接阻害剤の特徴のうち１つ以上を有する場合、間接阻害剤として指定され得る。間接阻害のいくつかの実施例は、５Ｅ５、４Ａ２、７Ｅ１１、４Ｈ６、２２Ｇ５、１９４Ａ４によって示されており、表Ｄに示されている。限定するものではないが、間接阻害が、種々の相互作用または再編成から発生し得ることに留意されたい。例えば、間接阻害は、炭水化物結合ループ発生の立体構造再編成から発生する場合があり、これにより、炭水化物結合ループとリガンド（すなわち、炭水化物）との結合／相互作用が損なわれる場合がある。一部の実施形態では、間接阻害剤は、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤヘリックスアルファ１および／またはヘリックスアルファ２における残基のうち１つ以上に結合することができる。一部の実施形態では、抗体は、ＡＳＧＲ－１に結合し、ＣＢＤの障害をもたらす。

【０１５３】

一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、直接および間接阻害の両方の特徴を有することができ、かつ／または両方の種類の阻害に共通したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤにおける区域に結合することができる。当然ながら、このような実施形態は、その直

接、間接または直接および間接両方の相互作用により、十分な阻害能力を有することができる。

【０１５４】

一部の実施形態では、直接および間接阻害の間の区別は、為される必要がない。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体が、直接または間接阻害をもたらすことの表示は、少なくともその形態の阻害（例えば、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド遮断）をもたらすことを意味する。一部の実施形態では、直接阻害をもたらす抗原結合性タンパク質または抗体は、同様に間接態様（他の立体構造変化のような）をもたらすこともできる。加えて、表Ｄに示す通り、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよびそのリガンドの間の相互作用（ｉｎｔｅｒａｔｉｏｎ）は、記載の３つのリガンドのそれぞれについて異なってもよく、あるリガンドに対して直接または間接相互作用であってもよく、別のリガンドに対して必ずしも直接または間接でなくてもよい。直接および／または間接阻害の特性を有する本明細書に提供されている抗体は、その特性にしたがって機能し、本明細書に提供されているガイダンスは、追加的なこのような抗体をスクリーニングしそして産生することを可能にするが、単に抗体がＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合するという事実は、ＡＳＧＲ－１における関連した場所において、結合しそして直接または間接阻害を可能にすることを必ずしも意味しない。

【０１５５】

一部の実施形態では、ヒトＡＳＧＲに結合し、ＡＳＧＲ機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質が提供される。一実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲに結合し、リガンドへのＡＳＧＲ結合を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。別の実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、リガンドへのＡＳＧＲ－１結合および／またはＡＳＧＲ－２とのＡＳＧＲ－１相互作用を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。別の実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－２に結合し、リガンドへのＡＳＧＲ－２結合および／またはＡＳＧＲ－１とのＡＳＧＲ－２相互作用を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。さらに別の実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１およびヒトＡＳＧＲ－２に結合し、リガンドへのＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２結合を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、単離された結合タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する。

【０１５６】

一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質が提供され、単離された抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および表３－７

に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表３－７に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表３－７に記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ａに記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｂに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｂに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｂに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表Ｂに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｂに記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。さらに一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｃに記されている

配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｃに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｃに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表Ｃに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表Ｃに記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。さらなる実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表６に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表６に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表６に記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに表６に記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１、２もしくは３個のアミノ酸残基置換、欠失もしくは挿入を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、表６に記されている配列のいずれかと同一のアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２、ＶＨ　ＣＤＲ３、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。

【０１５７】

一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質が提供され、抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表３－７に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む。一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表３－７に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表３－７に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表３－７に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表３－７に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および表３－７に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ａに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明

は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ａに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ａに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表Ａに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ａに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および表Ａに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｂに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｂに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｂに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表Ｂに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｂに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および表Ｂに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｃに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｃに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｃに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表Ｃに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表Ｃに記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および表Ｃに記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表６に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表６に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表６に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および表６に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を

有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、表６に記されているＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および表６に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。

【０１５８】

一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質が提供され、抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１８個以下のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１４個以下のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１８個以下のアミノ酸残基置換、挿入（ｉｎｓｅｒｉｏｎ）もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１４個以下のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１８個以下のアミノ酸残基置換、挿入または欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに１４個以下のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ

ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、１個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに最大１８個のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに最大１４個のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、２個のＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り、表１９Ａに記されている配列の任意のＶＨと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに最大１８個のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２およびＶＨ　ＣＤＲ３、ならびに図５５に描写されている通り、表２０Ａに記されている配列の任意のＶＬと同一であるかまたはこれと比べて各ＣＤＲに最大１４個のアミノ酸残基置換、挿入もしくは欠失を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２およびＶＬ　ＣＤＲ３を含む。一部の実施形態では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、図５５に描写されている通り、表１９Ｂもしくは１９Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＨ　ＣＤＲ１、ＶＨ　ＣＤＲ２またはＶＨ　ＣＤＲ３、および図５５に描写されている通り、表２０Ｂもしくは２０Ｃに記されているアミノ酸配列のいずれかと同一であるかまたはその保存的置換（ｓｕｂｓｉｔｕｔｕｉｏｎ）を含む、アミノ酸配列を有する、ＶＬ　ＣＤＲ１、ＶＬ　ＣＤＲ２またはＶＬ　ＣＤＲ３を含む、抗原結合性タンパク質を提供する。

【０１５９】

一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質が提供され、抗原結合性タンパク質は、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、図５５に描写されている通り表１９Ａに、または図５６に描写されている通り表２１－３４に、または図５６に描写されている通り表４９－９５に記されている、ＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメインを含む。一部の態様では、本発明は、単離された抗原結合性タンパク質であって、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、図５５に描写されている通り表２０Ａに、または図５６に描写されている通り表３５－４８に、または図５７に描写されている通り表９６－１３４に記されている、ＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む、抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り表１９Ａに、または図５６に描写されている通り表２１－３４に、または図５７に描写されている通り表４９－９５に記されている、ＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する重鎖可変ドメイン、および図５５に描写されている通り表２０Ａに、または図５６に描写されている通り表３５－４８に、または図５７に描写されている通り表９６－１３４に記されているＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかに対し少なくとも９０％同一性を有する軽鎖可変ドメインを含む。一部の実施形態では、

抗原結合性タンパク質は、図５５に描写されている通り表１９Ａに、または図５６に描写されている通り表２１－３４に、または図５７に描写されている通り表４９－９５に記されている、ＶＨドメインアミノ酸配列のいずれかを有する重鎖可変ドメイン、および図５５に描写されている通り表２０Ａに、または図５６に描写されている通り表３５－４８に、または図５７に描写されている通り表９６－１３４に記されている、ＶＬドメインアミノ酸配列のいずれかを有する軽鎖可変ドメインを含む。

【０１６０】

一部の実施形態では、本明細書に開示されている抗原結合性タンパク質のいずれかによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する抗原結合性タンパク質が提供される。一部の実施形態では、本発明は、表２－７に記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表Ａに記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表Ｂに記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表Ｃに記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、表６に記されている抗原結合性タンパク質の少なくとも１つによって結合されるエピトープにおいてヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。

【０１６１】

一部の実施形態では、本発明は、ヒトＡＳＧＲ－１への結合に関して、本明細書に開示されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、結合に関して、表２－７に記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、結合に関して、表Ａに記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。一部の実施形態では、本発明は、結合に関して、表Ｂに記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。さらに一部の実施形態では、本発明は、結合に関して、表Ｃに記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。さらに別の実施形態では、本発明は、結合に関して、表６に記されている抗原結合性タンパク質のいずれかと競合する、単離された抗原結合性タンパク質を提供する。

【０１６２】

一部の実施形態では、炭水化物認識ドメイン（ｃａｒｂｏｈｙｄｒａｔｅ　ｒｅｃｏｇｎｉｔｉｏｎ　ｄｏｍａｉｎ：「ＣＲＤ」）（炭水化物結合ドメインまたは「ＣＢＤ」としても知られている）内でヒトＡＳＧＲ－１に結合し、リガンドへのヒトＡＳＧＲ－１結合を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質が提供される。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１４８－２９１または１４９－２９１または１５０－２９１または１５１－２９１または１５２－２９１または１５３－２９１または１５４－２９１または１５５－２９１内でヒトＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、本発明は、ヘリックスα－１内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１７４－１８６内でヒトＡＳＧＲ－１に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ヘリックスα－２内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１９４－２０６内でヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、本発明は、

ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基２３７－２７３または残基２４０－２６７内でヒトＡＳＧＲ－１に結合する、単離された抗原結合性タンパク質を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に対し少なくとも９０％同一であるアミノ酸配列を有するＡＳＧＲ－１に結合する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、抗体である。

【０１６３】

一部の実施形態では、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質または抗体が提供される。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質または抗体は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１がリガンドに結合することを阻害する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３

７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、
Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、
Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、
Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、
Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、
Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、
Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、
Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、
Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、
Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、
Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、
Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、
Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、
Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、
Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、
Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、
Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、
Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、
Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、
Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、
Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施
形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のう
ち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、
Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、
Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、
Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、
Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、
Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、
Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、
Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、
Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、
Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、
Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、
Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、
Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、
Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、
Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、
Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、
Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、
Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、
Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、
Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、
Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、
Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、
Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、
Ｇ２５２、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、
Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、
Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、
Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、
Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、

Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ

２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３

５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２

１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３

８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ１に結合する：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５

、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７またはＴ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｔ１９３

、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９またはＧ２５２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８またはＣ２６９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４またはＱ２７０（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、

Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次のアミノ酸残基のうち少なくとも１つを含むエピトープにおいて、ヒトＡＳＧＲ－１に結合する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０１６４】

一部の実施形態では、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが提供される。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１がリガンドに結合することを阻害する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５の残基１４８－２９１内でヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１

８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、

Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０１６５】

一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、

Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６またはＤ２６７（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合される

ときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６またはＤ２６７（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも８オングストローム以内に位置する：Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８またはＲ２７１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも８オングストローム以内に位置する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８またはＣ２６９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体が、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４またはＱ２７０（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも８オングストローム以内に位置する：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４またはＤ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１またはＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８

オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ

２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、ヒトＡＳＧＲ－１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）の次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０、Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６

１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、またはＷ２６４、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２

３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、ヒトＡＳＧＲ－１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）の次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５、Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７またはＴ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４、Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２

４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３、Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１またはＲ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２、：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３またはＷ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９またはＧ２５２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから８オングストローム以内に位置する：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２

７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０またはＷ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープが、ヒトＡＳＧＲ－１に
結合されるときに、抗原結合性タンパク質または抗体または抗体中のパラトープは、次の残基のうち少なくとも１つから５オングストローム以内に位置する：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３またはＲ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０１６６】

一部の実施形態では、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合し、ヒトＡＳＧＲ－１機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質または抗体が提供される。一部の実施形態では、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する単離された抗原結合性タンパク質または抗体は、リガンドへのヒトＡＳＧＲ－１の結合を阻害する。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、リガンドがヒトＡＳＧＲ－１に結合する場所と重複する場所において、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する。一部の実施形態では、リガンドがＡＳＧＲ－１に結合する場所は、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８またはＲ２７１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）からなる群から選択される少なくとも１つのアミノ酸残基を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質または抗体は、リガンドがＡＳＧＲ－１に結合する場所と重複する場所において、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合する。一部の実施形態では、リガンドがヒトＡＳＧＲ－１に結合する場所は、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７およびＹ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）からなる群から選択される少なくとも１つのアミノ酸残基を含む。

【０１６７】

一部の実施形態では、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、ヒトＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２機能を阻害する、単離された抗原結合性タンパク質が提供され、この抗原結合性タンパク質は、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質に結合せず、前記バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｐ２２０、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｅ２５３、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４、およびＥ２８０からなる群から選択される残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単離された抗原結合性タンパク質または抗体が考慮される。バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質への測定された抗体結合シグナル低下（野生型ＡＳＧＲ－１への結合に関して決定されたシグナルと比較して）が、後述する実施例７Ｅに記載の方法のような、当業者に知られたあらゆる方法によって測定された場合に統計的に有意である場合、抗原結合性タンパク質は、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質に「結合しない」。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｐ２２０、Ｇ２５１およびＲ２６３からなる群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｐ２２０およびＧ２５１からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５、Ｅ１９６およびＫ１９９からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５、Ｅ１９６およびＨ２０４からなる群から選

択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５、Ｋ１９９およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５およびＥ１９６からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５およびＫ１９９からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５またはＰ２０７からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｗ１９５およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｈ２０３およびＨ２０４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｋ１９９およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、残基Ｗ１９５の突然変異である。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｈ２１５、Ｐ２２０、Ｐ２３８、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｇ２５１およびＮ２６５からなる群から選択される残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｈ２１５、Ｐ２２０、Ｇ２４６、Ｇ２４８、Ｇ２５１およびＮ２６５からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｌ１８４、Ｐ２２０、Ｐ２３８、Ｈ２４７およびＧ２５１からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１７０、Ｓ１７１およびＬ１８４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、残基Ｒ１８３の突然変異である。一部の実施形態では、単一突然変異は、残基Ｌ１８４の突然変異である。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２５１、Ｅ２５３およびＤ２６０からなる群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２５１、Ｅ２５３およびＤ２６０からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｐ２４１、Ｄ２４３およびＥ２５３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、残基Ｄ２６０の突然変異である。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３およびＮ２６５からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ２３７、Ｄ２６０およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ２３７、Ｔ２５９、Ｄ２６０およびＲ２６３からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１７０、Ｒ２３７、Ｐ２４１、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３およびＮ２６５からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｒ２６３およびＮ２６５からなる群から選択される。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｅ１９６、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｐ２３８、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４およびＥ２８０からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、単一突然変異は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｅ１９６、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｐ２３８、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４およびＥ２８０からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｅ１９６、Ｈ２０４、Ｐ２０７、Ｈ２１５、Ｄ２１６、Ｄ２２５、Ｄ２２８、Ｄ２４３、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｇ２５１、Ｄ２６０、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｒ２７４およびＥ２８０からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｖ２０８、Ｒ２７１、Ｐ２７２およびＲ２７４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｒ２７１およびＲ２７４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｎ２０９およびＲ２７

１からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｒ１７０、Ｇ１７２、Ｖ２０８、Ｒ２７１およびＰ２７２からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｖ２０８、Ｐ２３８、Ｒ２７１、Ｐ２７２およびＲ２７４からなる群から選択される。一部の実施形態では、単一突然変異は、Ｇ１７２、Ｐ２３８、Ｒ２７１、Ｐ２７２およびＲ２７４からなる群から選択される。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｇ１７２、Ｐ２３８、Ｒ２７１およびＲ２７４からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｇ１７２、Ｖ２０８およびＲ２７４からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｒ１７０、Ｒ１８３、Ｈ２１５およびＱ２７０からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｐ２４１、Ｔ２５９およびＮ２６５からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｐ２０７およびＲ２６３からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、バリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５に示す通り、Ｇ１７２、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｈ２４７、Ｌ２４９、Ｎ２６５、Ｒ２７１およびＰ２７２からなるまたはこれを含む群から選択される位置における残基の単一突然変異を含む。一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、２つ以上のバリアントＡＳＧＲ－１タンパク質に結合せず、このバリアントＡＳＧＲ－１タンパク質は、この群の単一突然変異を個々に含む。

【０１６８】

「ＣＤＲグラフト抗体」は、特定の種またはアイソタイプの抗体に由来する１個以上のＣＤＲ、および同一であるかまたは異なる種もしくはアイソタイプの別の抗体のフレームワークを含む抗体である。

【０１６９】

「多特異性抗体」は、１つ以上の抗原における２つ以上のエピトープを認識する抗体である。この種の抗体のサブクラスは、同一であるかまたは異なる抗原における２つの別個のエピトープを認識する「二特異性抗体」である。

【０１７０】

抗体を含む抗原結合性タンパク質は、10^{-7}Ｍ以下の平衡解離定数（下に定義されるK_Dまたは対応するK_D）値によって決定される、緊密な結合親和性で抗原に結合する場合、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２のような抗原に「特異的に結合」する。ヒトＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する抗原結合性タンパク質は、他の種由来のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２にも同様に、同一であるかまたは異なる親和性で結合することができる場合もある。

【０１７１】

親和性は、例えば、平衡方法（例えば、酵素結合免疫吸着測定法（ＥＬＩＳＡ）；ＫｉｎＥｘＡ、Ｒａｔｈａｎａｓｗａｍｉら、Ａｎａｌｙｔｉｃａｌ　Ｂｉｏｃｈｅｍｉｓｔｒｙ、３７３巻：５２－６０頁、２００８；またはラジオイムノアッセイ（ＲＩＡ））または表面プラズモン共鳴アッセイもしくは動態に基づくアッセイの他の機構（例えば、ＢＩＡＣＯＲＥ（登録商標）解析またはＯｃｔｅｔ（登録商標）解析（ｆｏｒｔｅＢｉｏ））、ならびに間接結合アッセイ、競合的結合アッセイ蛍光共鳴エネルギー移動（ＦＲＥＴ）、ゲル電気泳動およびクロマトグラフィー（例えば、ゲル濾過）のような他の方法が挙げられるがこれらに限定されない、本技術分野で公知の種々の技法を使用して決定することができる。上述および他の方法は、試験されている構成要素の１つ以上における標識を利用することができ、かつ／または発色、蛍光、発光もしくは同位体標識が挙げられるがこれらに限定されない、種々の検出方法を用いることができる。結合親和性および動態の

詳細な説明は、抗体－免疫原相互作用に着目した、Ｐａｕｌ、Ｗ．Ｅ．編、Ｆｕｎｄａｍｅｎｔａｌ　Ｉｍｍｕｎｏｌｏｇｙ、第４版、Ｌｉｐｐｉｎｃｏｔｔ－Ｒａｖｅｎ、Ｐｈｉｌａｄｅｌｐｈｉａ（１９９９）に見出すことができる。競合的結合アッセイの一例はラジオイムノアッセイであり、これは、漸増量の未標識抗原の存在下での、標識された抗原と目的の抗体とのインキュベーション、および標識された抗原に結合された抗体の検出を含む。特定の抗原に対する目的の抗体の親和性および結合オフレートは、スキャッチャードプロット解析によるデータから決定することができる。第２の抗体との競合は、ラジオイムノアッセイを使用して決定することもできる。この場合、抗原は、漸増量の未標識の第２の抗体の存在下で、標識された化合物にコンジュゲートされた目的の抗体と共にインキュベートされる。

【０１７２】

本発明のさらなる実施形態は、10^{-7}Ｍ未満のまたは10^{-8}Ｍ未満のまたは10^{-9}Ｍ未満のまたは10^{-10}Ｍ未満のまたは10^{-11}Ｍ未満のまたは10^{-12}Ｍ未満のまたは10^{-13}Ｍ未満のまたは5×10^{-13}Ｍ未満の（より低い値は、より緊密な結合親和性を示す）平衡解離定数またはK_D（k_{off}/k_{on}）で、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する抗原結合性分子（例えば、抗体）を提供する。本発明のなおさらなる実施形態は、約10^{-7}Ｍ未満のまたは約10^{-8}Ｍ未満のまたは約10^{-9}Ｍ未満のまたは約10^{-10}Ｍ未満のまたは約10^{-11}Ｍ未満のまたは約10^{-12}Ｍ未満のまたは約10^{-13}Ｍ未満のまたは約5×10^{-13}Ｍ未満の平衡解離定数またはK_D（k_{off}/k_{on}）で、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する抗原結合性分子である。

【０１７３】

さらに別の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、約10^{-7}Ｍから約10^{-8}Ｍの間の、約10^{-8}Ｍから約10^{-9}Ｍの間の、約10^{-9}Ｍから約10^{-10}Ｍの間の、約10^{-10}Ｍから約10^{-11}Ｍの間の、約10^{-11}Ｍから約10^{-12}Ｍの間の、約10^{-12}Ｍから約10^{-13}Ｍの間の平衡解離定数またはK_D（k_{off}/k_{on}）を有する。さらに別の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に特異的に結合する本発明の抗体は、10^{-7}Ｍから10^{-8}Ｍの間の、10^{-8}Ｍから10^{-9}Ｍの間の、10^{-9}Ｍから10^{-10}Ｍの間の、10^{-10}Ｍから10^{-11}Ｍの間の、10^{-11}Ｍから10^{-12}Ｍの間の、10^{-12}Ｍから10^{-13}Ｍの間の平衡解離定数またはK_D（k_{off}/k_{on}）を有する。

【０１７４】

本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体またはその断片）は、抗原結合性タンパク質が同じまたはより優れた所望の結合特異性（例えば、ヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２への結合）を保持するという条件で、少なくとも１個のアミノ酸置換を有し得ることが認められよう（実施例１４を参照）。したがって、抗原結合性タンパク質構造に対する修飾が、本発明の範囲内に包含される。一実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体が挙げられるがこれらに限定されない）は、本明細書における表２に記されている配列のＣＤＲ配列から５、４、３、２、１または０個の単一アミノ酸付加、置換および／または欠失によってそれぞれ独立して異なる配列を含む。本明細書で使用される場合、下表２に示すＣＤＲ配列から総計例えば４個以下のアミノ酸付加、置換および／または欠失によって異なるＣＤＲ配列は、表２に示す配列と比較して４、３、２、１または０個の単一アミノ酸付加、置換および／または欠失を有する配列を指す。これらは、抗体の所望の結合能力を破壊しない、保存的または非保存的となり得るアミノ酸置換を含むことができる。保存的アミノ酸置換は、生物システムにおける合成よりも化学的ペプチド合成によって典型的に取り込まれる、非天然起源のアミノ酸残基を包含することができる。これらは、ペプチドミメティックおよび他の逆転または反転された形態のアミノ酸部分を含む。保存的アミノ酸置換は、当該位置におけるアミノ酸残基の極性または電荷に効果がほとんどないまたは全くないような、規範的残基によるネイティブ

アミノ酸残基の置換が関与することもできる。一部の実施形態では、抗体配列の１つ以上に対する１個以上の置換は、記載されている抗体における記載されているセクション毎に、次の通りであってもよい：１）ＶＨ１｜１－０８／Ｄ６｜６－１９｜ＲＦ１／ＪＨ４、２５Ａ４　Ｈ　ＣＤＲ２配列　－　ＷＭＹＰＮ－－－ＳＧＮＴＧＹＡＱＫＦＱＧ（式中、１１番目のＮは、ＳまたはＱとなることができ、１２番目のＴは、ＡまたはＶであってもよい）、これにより、この配列は、Ｔｒｐ　Ｍｅｔ　Ｔｙｒ　Ｐｒｏ　Ａｓｎ　Ｓｅｒ　Ｇｌｙ　Ｘ１　Ｘ２　Ｇｌｙ　Ｔｙｒ　Ａｌａ　Ｇｌｎ　Ｌｙｓ　Ｐｈｅ　Ｇｌｎ　Ｇｌｙ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２５９）であってもよい（式中、Ｘ１＝ＮもしくはＳもしくはＱまたはそれらの保存的置換、Ｘ２＝ＴもしくはＡもしくはＶまたはそれらの保存的置換）。２）ＶＨ１｜１－０８／Ｄ６｜６－１９｜ＲＦ１／ＪＨ４、４Ａ２　Ｈ　ＣＤＲ２配列　－　ＷＭＨＰＮ－－－ＳＧＮＴＧＹＡＱＫＦＱＧ（式中、１１番目のＮは、ＳまたはＱとなることができ、１２番目のＴは、ＡまたはＥであってもよい）、これにより、この配列は、Ｔｒｐ　Ｍｅｔ　Ｈｉｓ　Ｐｒｏ　Ａｓｎ　Ｓｅｒ　Ｇｌｙ　Ｘ１　Ｘ２　Ｇｌｙ　Ｔｙｒ　Ａｌａ　Ｇｌｎ　Ｌｙｓ　Ｐｈｅ　Ｇｌｎ　Ｇｌｙ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６０）となることができる（式中、Ｘ１＝ＮもしくはＳもしくはＱまたはそれらの保存的置換、Ｘ２＝ＴもしくはＡもしくはＥまたはそれらの保存的置換）。３）ＶＫ４｜Ｂ３／ＪＫ３、４Ａ２　Ｌ　ＣＤＲ３配列　－　ＱＱＹＹＮ－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－ＴＰＶＴ（式中、５番目のＮは、Ｑとなることができ、２９番目のＴは、Ａとなることができる）、これにより、この配列は、Ｇｌｎ　Ｇｌｎ　Ｔｙｒ　Ｔｙｒ　Ｘ１　Ｘ２　Ｐｒｏ　Ｖａｌ　Ｔｈｒ　（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６１）となることができる（式中、Ｘ１＝ＮもしくはＱまたはそれらの保存的置換、Ｘ２＝ＴもしくはＡまたはそれらの保存的置換）。４）ＶＨ１｜１－０２／Ｄ１｜１－１｜ＲＦ１／ＪＨ４、４Ｈ６　Ｈ　ＣＤＲ３配列　－　ＤＧＴＳ－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－－ＳＦＤＹ（式中、１番目のＤは、Ｓとなることができ、２番目のＧは、Ａであってもよい）、これにより、この配列は、Ｘ１　Ｘ２　Ｔｈｒ　Ｓｅｒ　Ｓｅｒ　Ｐｈｅ　Ａｓｐ　Ｔｙｒ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６２）であってもよい（式中、Ｘ１＝ＤもしくはＳまたはそれらの保存的置換、Ｘ２＝Ａまたはその保存的置換）。５）ＶＨ３｜３－３３／Ｄ４｜４－１１｜ＲＦ２／ＪＨ６およびＶＨ３｜３－０７／Ｄ４｜４－１１｜ＲＦ２／ＪＨ６、７Ｅ１１　Ｈ　ＣＤＲ２配列　－　ＩＩＷＨＤ－－－ＧＳＮＫＹＹＡＤＳＶＫＧ（式中、５番目のＤは、ＳまたはＥとなることができ、９番目のＧは、Ａとなることができ、１６番目のＤは、Ｅとなることができ、１７番目のＳは、Ａであってもよい）、これにより、この配列は、Ｉｌｅ　Ｉｌｅ　Ｔｒｐ　Ｈｉｓ　Ｘ１　Ｘ２　Ｓｅｒ　Ａｓｎ　Ｌｙｓ　Ｔｙｒ　Ｔｙｒ　Ａｌａ　Ｘ３　Ｘ４　Ｖａｌ　Ｌｙｓ　Ｇｌｙ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６３）であってもよい（式中、Ｘ１＝ＤもしくはＳもしくはＥまたはそれらの保存的置換、Ｘ２＝ＧもしくはＡまたはそれらの保存的置換、Ｘ３＝ＤもしくはＥまたはそれらの保存的置換、Ｘ４＝ＳもしくはＡまたはそれらの保存的置換）。６）ＶＨ３｜３－３３／Ｄ６｜６－６｜ＲＦ１／ＪＨ６およびＶＨ３｜３－０７／Ｄ６｜６－６｜ＲＦ１／ＪＨ６、５Ｅ５　Ｈ　ＣＤＲ２配列、ＶＩＷＹＤ－－－ＧＳＮＫＹＹＡＤＳＶＫＧ（式中、９番目のＧは、Ａとなることができ、１６番目のＤは、ＥまたはＧとなることができ、１７番目のＳは、Ａであってもよい）、これにより、この配列は、Ｖａｌ　Ｉｌｅ　Ｔｒｐ　Ｔｙｒ　Ａｓｐ　Ｘ１　Ｓｅｒ　Ａｓｎ　Ｌｙｓ　Ｔｙｒ　Ｔｙｒ　Ａｌａ　Ｘ２　Ｘ３　Ｖａｌ　Ｌｙｓ　Ｇｌｙ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６４）であってもよい（式中、Ｘ１＝ＧもしくはＡまたはそれらの保存的置換、Ｘ２＝ＤもしくはＥもしくはＧまたはそれらの保存的置換、Ｘ３＝ＳもしくはＡまたはそれらの保存的置換）。７）ＶＨ３｜３－３３／Ｄ６｜６－６｜ＲＦ１／ＪＨ６およびＶＨ３｜３－０７／Ｄ６｜６－６｜ＲＦ１／ＪＨ６、５Ｅ５　Ｈ　ＣＤＲ３配列、ＥＶＹＳＳＧＷ－－－－－－－－－－－－－－－－－ＹＤＹＧＭＤＶ（式中、７番目のＷは、Ｆであってもよい）、これにより、この配列は、Ｇｌｕ　Ｖａｌ　Ｔｙｒ　Ｓｅｒ　Ｓｅｒ　Ｇｌｙ　Ｘ１　Ｔｙｒ　Ａｓｐ　Ｔｙｒ　Ｇｌｙ　Ｍｅｔ　Ａｓｐ　Ｖａｌ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６５）であってもよい（式中、Ｘ１＝ＷもしくはＦまたはそれらの保存的置換）。

【０１７５】

一部の実施形態では、上述のＣＤＲ配列のうちいずれか１つ以上は、本明細書に提供されている（例えば、図４９の表２ならびに図５５の表１９Ａ－Ｃおよび表２０Ａ－Ｃ）ＣＤＲ配列のうちいずれか１つ以上と組み合わせることができる。一部の実施形態では、上述のＣＤＲ配列のうちいずれか１つ以上は、指定されている抗体のために、本明細書に提供されているいずれか１つ以上のＣＤＲ配列と組み合わせて、６個のＣＤＲ（ＬＣＤＲ１、ＬＣＤＲ２、ＬＣＤＲ３、ＨＣＤＲ１、ＨＣＤＲ２およびＨＣＤＲ３）の抗体をもたらすことができる。例えば、上述のＣＤＲのうちいずれか１つ以上は、図４９の表２、および／または図５５の表１９Ａ、１９Ｂ、１９Ｃ、２０Ａ、２０Ｂおよび／または２０Ｃに提供されている抗体のためのＣＤＲの１個として使用することができる。一部の実施形態では、上述のコンセンサス配列に提示されているバリアント位置は、ある１つのコンセンサス配列（例えば、上述の４Ａ２　Ｈ　ＣＤＲ２のような抗体のための）におけるいずれか実証されている配列組合せを、図４９の表２ならびに図５５の表１９Ａ－Ｃおよび表２０Ａ－Ｃにおける関連した抗体（例えば、対応する４Ａ２　Ｈ　ＣＤＲ２）について概説されるあらゆる許容できる選択肢と組み合わせることができるように、図４９の表２ならびに図５５の表１９Ａ－Ｃおよび表２０Ａ－Ｃに提供されている配列の変種と、任意選択的な変種としてさらに組み合わせることができ、これは、図４９の表２ならびに図５５の表１９Ａ－Ｃおよび表２０Ａ－Ｃにおける他の４Ａ２配列のいずれかとさらに組み合わせることができる（例えば、ＨＣＤＲ１、ＨＣＤＲ３、ＬＣＤＲ１、ＬＣＤＲ２およびＬＣＤＲ３）。当然ながら、上に記載されている４Ａ２　Ｌ　ＣＤＲ３は、同様に組み合わせることができ、そして／または当該組合せと組み合わせることもできる。よって、このような配列は、代替配列の必要として、本明細書に開示されていないが、記載されている配列の追加的な選択肢として考慮されている。一部の実施形態では、このような配列のバリアントも考慮される。このようなバリアントは、より優れた所望の活性を保持または有することができる。このような態様の例は、実施例１４ならびに表６および７に提供されている。一部の実施形態では、表６および７におけるＦＲ領域のうちいずれか１つ以上は、本明細書に提供されているＣＤＲ配列のうちいずれか１つ以上と組み合わせることができる。一部の実施形態では、表６または７に提供されているＦＲ領域のうちいずれか１つ以上は、対応する抗体のための対応するＣＤＲセット（６個のＣＤＲのセットとして）と組み合わせることができる。よって、そのうちいずれか特定の配列が、本明細書に提供されている（本段落、表２、６および／または７、表１９Ａ、１９Ｂおよび１９Ｃ、２０Ａ、２０Ｂおよび２０Ｃ等）抗体４Ａ２に指定されている配列（ｓｅｑｕｅｃｎｅ）のいずれかに由来し得る、６個のＣＤＲ（ＨＣＤＲ１、ＨＣＤＲ２、ＨＣＤＲ３、ＬＣＤＲ１、ＬＣＤＲ２およびＬＣＤＲ３）および８個のＦＲ（ＨＦＲ１、ＨＦＲ２、ＨＦＲ３、ＨＦＲ４、ＬＦＲ１、ＬＦＲ２、ＬＦＲ３およびＬＦＲ４）を含む、抗体４Ａ２のバリアントが提供されている。

【０１７６】

非保存的置換は、アミノ酸またはアミノ酸ミメティックのある一クラスのメンバーの、異なる物理的特性（例えば、サイズ、極性、疎水性、電荷）を有する別のクラス由来のメンバーへの交換を含み得る。ある特定の実施形態では、このような置換された残基は、非ヒト抗体と相同なヒト抗体の領域に、または分子の非相同領域に導入され得る。

【０１７７】

さらに、当業者は、所望のアミノ酸残基のそれぞれに単一アミノ酸置換を含有する被験バリアントを生成することができる。次に、バリアントは、当業者に知られた活性アッセイを使用してスクリーニングされ得る。このようなバリアントは、好適なバリアントに関する情報を集めるために使用され得る。例えば、特定のアミノ酸残基への変化が、活性の破壊、活性の望ましくなく低下または好適でない活性をもたらすことを発見した場合、このような変化を有するバリアントが回避され得る。言い換えると、このようなルーチン実験から集められた情報に基づき、当業者は、単独でまたは他の突然変異と組み合わせて、さらなる置換が回避されるべきアミノ酸を直ちに決定することができる。

【０１７８】

当業者であれば、周知技法を使用して、本明細書に記されている抗原結合性タンパク質の好適なバリアントを決定することができる。ある特定の実施形態では、当業者は、活性に重要であると考えられない領域を標的とすることにより、活性を破壊することなく変化させることができる分子の好適な区域を同定することができる。ある特定の実施形態では、上で記載された通り、同様のポリペプチドの間で保存された分子の残基および部分を同定することができる。ある特定の実施形態では、生物活性または構造に重要となり得る区域であっても、生物活性を破壊することなく、またはポリペプチド構造に有害な影響を与えることなく、保存的アミノ酸置換に付すことができる。

【０１７９】

その上、当業者は、活性または構造に重要な、同様のポリペプチドにおける残基を同定する構造－機能研究を見直すことができる。このような比較を考慮して、同様のタンパク質における活性または構造に重要なアミノ酸残基に対応する、タンパク質におけるアミノ酸残基の重要性を予測することができる。当業者は、このような予測される重要アミノ酸残基のために、化学的に同様のアミノ酸置換を選ぶことができる。

【０１８０】

一部の実施形態では、当業者は、所望の通りに増強された特性をもたらす、変化させることができる残基を同定することができる。例えば、アミノ酸置換（保存的または非保存的）は、ヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２に対し増強された結合親和性、または他の種のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２に対し増強された結合親和性をもたらすことができる。

【０１８１】

当業者は、三次元構造およびアミノ酸配列を、同様のポリペプチドにおける当該構造との関係で解析することもできる。このような情報を考慮して、当業者は、その三次元構造に関して抗体のアミノ酸残基のアラインメントを予測することができる。ある特定の実施形態では、当業者は、タンパク質の表面に存在することが予測されるアミノ酸残基に根本的な変化を生じないように選ぶことができるが、その理由として、このような残基が、他の分子との重要な相互作用に関与し得ることが挙げられる。多数の科学的刊行物が、二次構造の予測に向けられてきた。Ｍｏｕｌｔ　Ｊ．、Ｃｕｒｒ．Ｏｐ．ｉｎ　Ｂｉｏｔｅｃｈ．、７（４）：４２２－４２７頁（１９９６）、Ｃｈｏuら、Ｂｉｏｃｈｅｍｉｓｔｒｙ、１３（２）：２２２－２４５頁（１９７４）；Ｃｈｏuら、Ｂｉｏｃｈｅｍｉｓｔｒｙ、１１３（２）：２１１－２２２頁（１９７４）；Ｃｈｏuら、Ａｄｖ．Ｅｎｚｙｍｏｌ．Ｒｅｌａｔ．Ａｒｅａｓ　Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．、４７：４５－１４８頁（１９７８）；Ｃｈｏuら、Ａｎｎ．Ｒｅｖ．Ｂｉｏｃｈｅｍ．、４７：２５１－２７６頁およびＣｈｏuら、Ｂｉｏｐｈｙｓ．Ｊ．、２６：３６７－３８４頁（１９７９）を参照されたい。さらに、二次構造の予測を支援するために、コンピュータプログラムが現在利用できる。二次構造を予測する一方法は、相同性モデリングに基づく。例えば、３０％を超える配列同一性または４０％を超える類似性を有する２つのポリペプチドまたはタンパク質は、同様の構造的トポロジーを有することが多い。タンパク質構造データベース（ＰＤＢ）の成長は、ポリペプチドまたはタンパク質の構造内のフォールドの潜在的な数を含む、二次構造の増強された予測可能性をもたらした。Ｈｏｌｍら、Ｎｕｃｌ．Ａｃｉｄ．Ｒｅｓ．、２７（１）：２４４－２４７頁（１９９９）を参照されたい。二次構造を予測する追加的な方法は、「スレッディング」（Ｊｏｎｅｓ、Ｄ．、Ｃｕｒｒ．Ｏｐｉｎ．Ｓｔｒｕｃｔ．Ｂｉｏｌ．、７（３）：３７７－８７頁（１９９７）；Ｓｉｐｐｌら、Ｓｔｒｕｃｔｕｒｅ、４（１）：１５－１９頁（１９９６））、「プロファイル解析」（Ｂｏｗｉｅら、Ｓｃｉｅｎｃｅ、２５３：１６４－１７０頁（１９９１）；Ｇｒｉｂｓｋｏｖら、Ｍｅｔｈ．Ｅｎｚｙｍ．、１８３：１４６－１５９頁（１９９０）；Ｇｒｉｂｓｋｏｖら、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．、８４（１３）：４３５５－４３５８頁（１９８７））および「進化的連鎖」（Ｈｏｌｍ、上記参照（１９９９）およびＢｒｅｎｎｅｒ、上記参照（１９９７）を参照）を含む。

【０１８２】

ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質のバリアントは、グリコシル化部位の数および／または型が親ポリペプチドのアミノ酸配列と比較して変更されている、グリコシル化バリアントを含む。ある特定の実施形態では、バリアントは、ネイティブタンパク質よりも多いかまたはより少ない数のＮ結合型グリコシル化部位を含む。代わりに、この配列を排除する置換は、現存するＮ結合型炭水化物鎖を除去する。１個以上のＮ結合型グリコシル化部位（典型的に、天然起源の）が排除され、１個以上の新たなＮ結合型部位が作製された、Ｎ結合型炭水化物鎖の再編成も提供される。追加的な抗体バリアントは、親アミノ酸配列と比較して、１個以上のシステイン残基が欠失されたかまたは別のアミノ酸（例えば、セリン）に代えて置換された、システインバリアントを含む。抗体が、不溶性封入体の単離後のような、生物学的に活性な立体構造へとリフォールディングされなければならない場合、システインバリアントが有用となり得る。システインバリアントは一般に、ネイティブタンパク質よりも少ないシステイン残基を有し、典型的に、不対システインに起因する相互作用を最小化するために、偶数を有する。

【０１８３】

所望のアミノ酸置換（保存的であれ非保存的であれ）は、そのような置換が望まれるときに、当業者によって決定することができる。ある特定の実施形態では、アミノ酸置換は、本明細書に記載されている、目的の標的に対する抗体の重要な残基の同定に、または目的の標的に対する抗体の親和性の増加もしくは減少に使用することができる。

【０１８４】

ある特定の実施形態において、所望のアミノ酸置換は、（１）タンパク質分解に対する感受性を低下させ、（２）酸化に対する感受性を低下させ、（３）タンパク質複合体形成に対する結合親和性を変更させ、（４）結合親和性を変更させ、かつ／または（４）このようなポリペプチドに他の生理化学的もしくは機能的特性を付与もしくは修飾する、置換である。ある特定の実施形態において、単一または複数のアミノ酸置換（ある特定の実施形態では、保存的アミノ酸置換）は、天然起源の配列（ある特定の実施形態では、分子間接触を形成するドメイン（複数可）の外側のポリペプチドの部分）において行われてもよい。ある特定の実施形態では、保存的アミノ酸置換は典型的に、親配列の構造的特徴を実質的に変化させなくてもよい（例えば、アミノ酸の置き換えは、親配列において発生するヘリックスを壊すか、または親配列を特徴付ける他の種類の二次構造を撹乱する傾向があってはならない）。本技術分野で認識されるポリペプチド二次および三次構造の例は、それぞれ参照により本明細書に組み込む、Ｐｒｏｔｅｉｎｓ，　Ｓｔｒｕｃｔｕｒｅｓ　ａｎｄ　Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｐｒｉｎｃｉｐｌｅｓ（Ｃｒｅｉｇｈｔｏｎ編、Ｗ．Ｈ．Ｆｒｅｅｍａｎ　ａｎｄ　Ｃｏｍｐａｎｙ、Ｎｅｗ　Ｙｏｒｋ（１９８４））；Ｉｎｔｒｏｄｕｃｔｉｏｎ　ｔｏ　Ｐｒｏｔｅｉｎ　Ｓｔｒｕｃｔｕｒｅ（Ｃ．Ｂｒａｎｄｅｎ　ａｎｄ　Ｊ．Ｔｏｏｚｅ編、Ｇａｒｌａｎｄ　Ｐｕｂｌｉｓｈｉｎｇ、Ｎｅｗ　Ｙｏｒｋ、Ｎ．Ｙ．（１９９１））；およびＴｈｏｒｎｔｏｎら、Ｎａｔｕｒｅ　３５４：１０５頁（１９９１）に記載されている。

【０１８５】

抗原結合性タンパク質配列

例示的な抗原結合性タンパク質（抗体）の軽鎖ＣＤＲおよび例示的な抗原結合性タンパク質（抗体）の重鎖ＣＤＲのアミノ酸配列は、コンセンサス軽鎖ＣＤＲおよび／またはコンセンサス重鎖ＣＤＲ（図５５の表１９ＢおよびＣならびに表２０ＢおよびＣを参照）として上に記載されている例示的な抗原結合性タンパク質に加えて、表２－７に示されている。ＣＤＲのアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチド配列も示されている（表２）。表３－７ならびに表Ａ、ＢおよびＣは、コンセンサス可変軽鎖配列および／またはコンセンサス可変重鎖配列（図５５の表１９Ａおよび表２０Ａならびに図５６および図５７の表を参照）として上に記載されている例示的　抗原結合性タンパク質に加えて、例示的な抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）のＶＨおよびＶＬのアミノ酸配列をさらに提供する。表３は、例示的な抗体の可変軽および可変重ドメインのアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチド（ＤＮＡ）配列をさらに提供する。

【０１８６】
本発明の抗原結合性タンパク質の特定の実施形態は、本明細書において表２－７および下表Ａ－Ｃに例証されているＣＤＲおよび／またはＦＲ（フレームワーク領域）の１つ以上のアミノ酸配列と同一である１つ以上のアミノ酸配列を含む。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書において図４９の表２および下表Ｃに例証されている軽鎖ＣＤＲ１配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書において図４９の表２および下表Ｃに例証されている軽鎖ＣＤＲ２配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書において図４９の表２および下表Ｃに例証されている軽鎖ＣＤＲ３配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書において図４９の表２および下表Ｃに例証されている重鎖ＣＤＲ１配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書において図４９の表２および下表Ｃに例証されている重鎖ＣＤＲ２配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書において図４９の表２および下表Ｃに例証されている重鎖ＣＤＲ３配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に例証されている軽鎖ＦＲ１配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に例証されている軽鎖ＦＲ２配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に例証されている軽鎖ＦＲ３配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に例証されている軽鎖ＦＲ４配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に例証されている重鎖ＦＲ１配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に例証されている重鎖ＦＲ２配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に例証されている重鎖ＦＲ３配列を含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、本明細書においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に例証されている重鎖ＦＲ４配列を含む。
【０１８７】
別の実施形態では、抗原結合性タンパク質のＣＤＲ３配列の少なくとも１つは、図４９の表２または下表Ｃに示す配列由来のＣＤＲ３配列から６、５、４、３、２、１または０個以下の単一アミノ酸付加、置換および／または欠失によって異なる。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質の軽鎖ＣＤＲ３配列は、図４９の表２または下表Ｃに示す配列由来の軽鎖ＣＤＲ３配列から６、５、４、３、２、１または０個以下の単一アミノ酸付加、置換および／または欠失によって異なり、抗原結合性タンパク質の重鎖ＣＤＲ３配列は、図４９の表２または下表Ｃに示す配列由来の重鎖ＣＤＲ３配列から６、５、４、３、２、１または０個以下の単一アミノ酸付加、置換および／または欠失によって異なる。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、図４９の表２または下表Ｃに示す配列のＣＤＲ配列から６、５、４、３、２、１または０個の単一アミノ酸付加、置換および／または欠失によってそれぞれ独立して異なる、１、２、３、４または５個のＣＤＲ配列をさらに含む。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、図４９の表２または下表Ｃに記されている軽鎖可変領域のＣＤＲおよび重鎖可変領域のＣＤＲを含む。さらなる実施形態では、抗原結合性タンパク質は、図４９の表２または下表Ｃにおける抗体のいずれか１つのＣＤＲを含む。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ヒト抗体である。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ヒト化抗体である。ある特定の実施形態では、ＶＨ　ＣＤＲおよびＶＬ　ＣＤＲは、それぞれ図４９－５４の表２－７に示されている様式で対となる。
【０１８８】
一実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、１５、１４、１３、１２、１１、１０、９、８、７、６、５、４、３、２、１または０個の残基においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に列挙されている軽鎖可変ドメインの配列とは異なるアミノ酸の配列を含む軽鎖可変ドメインを含み、このような配列の差はそれぞれ独立して、１個のアミノ酸残基の欠失、挿入または置換のいずれかである。別の実施形態では、抗原結合性

タンパク質（例えば、抗体）は、１５、１４、１３、１２、１１、１０、９、８、７、６、５、４、３、２、１または０個の残基においてそれぞれ図５０－図５４の表３－７に列挙されている重鎖可変ドメインの配列とは異なるアミノ酸の配列を含む重鎖可変ドメインを含み、このような配列の差はそれぞれ独立して、１個のアミノ酸残基の欠失、挿入または置換のいずれかである。ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、それぞれ図５０－図５４の表３－７に示されている様式で対にされている軽鎖可変ドメインおよび重鎖可変ドメインを含む。ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、下表Ａ－Ｃに示されている様式で対にされている軽鎖可変ドメインおよび重鎖可変ドメインを含む。

【０１８９】

特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）、ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）および／またはＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ３）を含有する重鎖可変ドメインを含み、ＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５１３６、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００１、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５００１２およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０４６８からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１３１４８、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００２、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５００１４およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６０からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ３）は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２１１６０、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００３およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０４７０からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有する。

【０１９０】

特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）、ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）および／またはＶＬ　ＣＤＲ３（ＬＣＤＲ３）を含有する軽鎖可変ドメインを含み、ＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１１３０、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１３３、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１５６およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６２からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：９１４２、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１５７、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６３、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２２９、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６１９、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６４３およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６４９からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＬ　ＣＤＲ３　（ＬＣＤＲ３）は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１７１５４、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１３４、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６４およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６１からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有する。

【０１９１】

特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、ヒトＡＳＧＲ－１に結合し、Ａ）１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）、ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）および／またはＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ３）を含有する重鎖可変ドメインであって、ＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５１３６、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００１、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５００１２およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０４６８からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１３１４８、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００２、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５００１４およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６０からなる群から選択される

アミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ３）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２１１６０、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００３およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０４７０からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有する、重鎖可変ドメイン；ならびにＢ）１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）、ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）および／またはＶＬ　ＣＤＲ３（ＬＣＤＲ３）を含有する軽鎖可変ドメインであって、ＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１１３０、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１３３、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１５６およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６２からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：９１４２、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１５７、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６３、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２２９、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６１９、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６４３およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６４９からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＬ　ＣＤＲ３（ＬＣＤＲ３）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１７１５４、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１３４、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６４およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６１からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有する、軽鎖可変ドメインを含む。一実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、Ａ）ＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）、ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）およびＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ３）を含有する重鎖可変ドメインであって、ＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５１３６、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００１、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５００１２およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０４６８からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１３１４８、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００２、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５００１４およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６０からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ３）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２１１６０、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００３およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０４７０からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有する、重鎖可変ドメイン；ならびにＢ）ＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）、ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）およびＶＬ　ＣＤＲ３（ＬＣＤＲ３）を含有する軽鎖可変ドメインであって、ＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１１３０、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１３３、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１５６およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６２からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：９１４２、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１５７、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６３、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２２９、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６１９、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６４３およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６４９からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有し；ＶＬ　ＣＤＲ３（ＬＣＤＲ３）が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１７１５４、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１３４、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６４およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６１からなる群から選択されるアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列、またはこれと比較して３個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を含むアミノ酸配列を有する、軽鎖可変ドメインを含む。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、Ａ）ＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）、ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）およびＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ

３）を含有する重鎖可変ドメインであって、ＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）アミノ酸配列が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５１３６、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００１、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５００１２およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０４６８からなる群から選択され；ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）アミノ酸配列が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１３１４８、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００２、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５００１４およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６０からなる群から選択され；ＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ３）アミノ酸配列が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２１１６０、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０００３およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０４７０からなる群から選択される、重鎖可変ドメイン；ならびにＢ）ＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）、ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）およびＶＬ　ＣＤＲ３（ＬＣＤＲ３）を含有する軽鎖可変ドメインであって、ＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）アミノ酸配列が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１１３０、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１３３、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１５６およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６２からなる群から選択され；ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）アミノ酸配列が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：９１４２、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１５７、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６３、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２２９、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６１９、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６４３およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０６４９からなる群から選択され；ＶＬ　ＣＤＲ３（ＬＣＤＲ３）アミノ酸配列が、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１７１５４、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１３４、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０１６４およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６１からなる群から選択される、軽鎖可変ドメインを含む。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５１３６に記されているアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１３１４８に記されているアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ２；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２１１６０に記されているアミノ酸配列を有するＶＨ　ＣＤＲ３；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１１３０に記されているアミノ酸配列を有するＶＬ　ＣＤＲ１；ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：９１４２に記されているアミノ酸配列を有するＶＬ　ＣＤＲ２；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：１７１５４に記されているアミノ酸配列を有するＶＬ　ＣＤＲ３を含有する、重鎖可変ドメインおよび軽鎖可変ドメインを含む。

【０１９２】

特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、ａ）ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２５１６４もしくはＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０３２６に記されているアミノ酸配列から１０個以下もしくは５個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を有する軽鎖可変ドメイン；ｂ）ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２９１７０もしくはＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６６に記されているアミノ酸配列から１０個以下もしくは５個以下のアミノ酸付加／挿入、欠失もしくは置換を有する重鎖可変ドメイン；またはｃ）ａ）の軽鎖可変ドメインおよびｂ）の重鎖可変ドメインを含む。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２５１６４またはＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０３２６に記されているアミノ酸配列を有する軽鎖可変（ｖａｒａｂｌｅ）ドメイン；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２９１７０またはＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６６に記されているアミノ酸配列を有する重鎖可変ドメインを含む。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０３２６に記されているアミノ酸配列を有する軽鎖可変（ｖａｒａｂｌｅ）ドメイン；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５０２６６に記されているアミノ酸配列を有する重鎖可変ドメインを含む。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２５１６４に記されているアミノ酸配列を有する軽鎖可変（ｖａｒａｂｌｅ）ドメイン；およびＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：２９１７０に記されているアミノ酸配列を有する重鎖可変ドメインを含む。

【０１９３】

４Ａ２として同定された抗原結合性タンパク質に関する特異的な実施形態は、上に詳細に記されているが、本発明の実施形態は、この個々の実施形態の範囲内に限定されると意図されない。４Ａ２を対象とする実施形態は、個々の実施形態の単一の例証として単に意図される。本発明の実施形態が、それぞれ図４９－図５７の表２－７、ならびに図５５の表１９Ａ－Ｃおよび表２０Ａ－Ｃ、図５６および図５７の表２１－１３４ならびに表Ａ、ＢおよびＣに記されている、１個以上のＶＨ　ＣＤＲ１（ＨＣＤＲ１）、ＶＨ　ＣＤＲ２（ＨＣＤＲ２）および／またはＶＨ　ＣＤＲ３（ＨＣＤＲ３）を含有する重鎖可変ドメイン

、および／または１個以上のＶＬ　ＣＤＲ１（ＬＣＤＲ１）、ＶＬ　ＣＤＲ２（ＬＣＤＲ２）および／またはＶＬ　ＣＤＲ３（ＬＣＤＲ３）を含有する軽鎖可変ドメインを含む抗原結合性タンパク質を含むことが十分に予想される。

【０１９４】

【表２】

表A: 例示的な重鎖および軽鎖可変領域

Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL	Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL	Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL	Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL
10G6	29184/25178	59F2	31512/27506	147E9	30172/26166	191G10	30846/26840
11E2	29040/25034	5E5	29016/25010	184E7	30660/26654	191G12	30730/26724
11F5	29054/25048	60D2	31518/27512	194A4	30820/26814	192C10	30764/26758
12E9	29186/25180	60E8	29494/25488	208A2	28136/24130	192C8	30756/26750
12F11	29178/25172	63A10	31536/27530	210G10	31054/27048	192E4	30744/26738
12F12	29188/25182	63G7	31534/27528	4B1	28878/24872	192G6	30752/26746
13F6	28772/24766	64B12	29624/25618	60E12	29502/25496	192G8	30760/26754
148E10	28132/24126	65F10	28134/24128	61A1	29504/25498	192H10	30768/26762
154F4	31392/27386	68G6	28224/24218	62H10	31832/27826	193C7	30794/26788
159H8	31416/27410	6A6	28806/24800	63H8	29604/25598	194B7	30828/26822
160B12	31418/27412	6D4	28816/24810	72G9	32080/28074	194C1	30816/26810
175D10	30538/26532	6D9	29154/25148	8D8	29168/25162	196C7	30870/26864
177D2	31858/27852	6G6	29198/25192	12D2	29036/25030	197B6	30894/26888
25A4	28522/24516	70D1	29670/25664	148H10	30196/26190	197E11	30906/26900
25D12	28510/24504	7A10	29194/25188	173C11	30520/26514	197F2	30886/26880
26C4	28580/24574	7E11	28914/24908	179C2	30570/26564	197G3	30888/26882
27E7	28744/24738	7F4	28814/24808	47C1	29286/25280	198G3	30620/26614
28H2	29190/25184	7F8	28948/24942	49C1	29320/25314	213B3	31092/27086
29E2	29192/25186	7G4	28966/24960	60C12	29500/25494	219H1	31156/27150
29E6	28550/24544	8D12	29050/25044	60G2	29482/25476	74C8	29768/25762
29H8	28798/24792	9F12LC1	28216/24210	65D5	29632/25626	74G6	29894/25888
32D6	29196/25190	9F12LC2	28217/24211	66H11	28130/24124	75G3	29714/25708
3G7	28840/24834	9G9	28790/24784	71A6	28128/24122	89A11	30028/26022
45B4	29252/25246	65E9	31538/27532	73G1	31556/27550	74B2	29736/25730
49F10	29334/25328	72B4	31552/27546	49C5	32086/28080	74H7	29966/25960
4A2	29170/25164	7H7	28944/24938	49D10	32088/28082	85F7	29766/25760
4B3	28750/24744	9C11	28856/24850	51E3	30958/26952	198B9	30918/26912
4H6	28936/24930	12B12	28978/24972	51F4	31476/27470	199A7	30932/26926
50D4	29362/25356	147D10	30174/26168	53E8	32090/28084	218G4	31786/27780
50G9	32082/28076	149D11	30226/26220	54E9	31488/27482	146A8	31332/27326
51E9	29366/25360	149F8	30222/26216	56E3	31492/27486	146B6	31334/27328
52G11	28138/24132	151B9	31372/27366	56G1	31490/27484	149A1	31344/27338
52H1	31482/27476	175F4	31456/27450	190C11	30602/26596	172B12	31452/27446
53F2	28140/24134	22G5	28368/24362	190E6	30642/26636	172C3	31450/27444
53F7	29412/25406	48B12	31820/27814	190F12	30618/26612	193E7	30796/26790
55B1	29430/25424	52H2	29380/25374	190F8	30712/26706	199E3	30926/26920
56E5	29466/25460	6G7	28880/24874	190G11	30608/26602	226F9	31264/27258
65C12	32078/28072	7G2	28942/24936	190H9	30716/26710	227C1	31280/27274

表A続き:

Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL	Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL	Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL
176H4	30542/26536	72F5	29700/25694	48D7	29306/25300
194C10	30832/26826	191A10	30724/26718	52D10	29388/25382
191E10	30726/26720	191G1	30628/26622	59E6	29590/25584
196F4	30868/26862	227F2	31282/27276	64E2	31836/27830
198D2	31604/27598	31D12LC1	29176/25170	57A7	29554/25548
202A3	30972/26966	31D12LC2	29174/25168	58G11	31510/27504
204G6	31004/26998	7C3LC1	28212/24206	64G12	29626/25620
224G1	31196/27190	7C3LC2	28214/24208		

【０１９５】
【表３】

表B:

Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL	Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL	Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL	Ab名	SEQ ID NOs: VH/VL
175D10	30538/26532	184E7	30660/26654	192E4	30744/26738	74B2	29736/25730
25A4	28522/ 24516	194A4	30820/26814	192G6	30752/26746	74H7	29966/25960
26C4	28580/24574	208A2	28136/24130	192G8	30760/26754	85F7	29766/25760
29H8	28798/24792	210G10	31054/27048	192H10	30768/26762	218G4	31786/27780
49F10	29334/25328	4B1	28878/24872	193C7	30794/26788	172B12	31452/27446
4A2	29170/25164	72G9	32080/28074	194B7	30828/26822	172C3	31450/27444
4H6	28936/24930	190C11	30602/26596	194C1	30816/26810	193E7	30796/26790
50D4	29362/25356	190E6	30642/26636	196C7	30870/26864	199E3	30926/26920
51E9	29366/25360	190F12	30618/26612	197B6	30894/26888	191E10	30726/26720
52H1	31482/27476	190F8	30712/26706	197E11	30906/26900	196F4	30868/26862
55B1	29430/25424	190G11	30608/26602	197F2	30886/26880	198D2	31604/27598
56E5	29466/25460	190H9	30716/26710	197G3	30888/26882	202A3	30972/26966
64B12	29624/25618	191A10	30724/26718	198G3	30620/26614	204G6	31004/26998
6G6	29198/25192	191G1	30628/26622	213B3	31092/27086	10G6	29184/25178
7F4	28814/24808	191G10	30846/26840	219H1	31156/27150	160B12	31418/27412
7G4	28966/24960	191G12	30730/26724	74C8	29768/25762	177D2	31858/27852
149F8	30222/26216	192C10	30764/26758	74G6	29894/25888	53F7	29412/25406
48B12	31820/27814	192C8	30756/26750	75G3	29714/25708	63A10	31536/24530
7E11	28914/24908	198B9	30918/26912	146B6	31334/27328	22G5	28368/24362
6G7	28880/24874	199A7	30932/26926	176H4	30542/26536	5E5	29016/25010
147E9	30172/26166	146A8	31332/27326	149A1	31344/27338	194C10	30832/26826
54E9	31488/27482	12D2	29036/25030				

【０１９６】

【表４】

表C: 例示的な重鎖および軽鎖可変領域ならびに重鎖および軽鎖CDR1/2/3

Ab名	VH SEQ ID NOs:	VL SEQ ID NOs:	HCDR1 SEQ ID NOs:	HCDR2 SEQ ID NOs:	HCDR3 SEQ ID NOs:	LCDR1 SEQ ID NOs:	LCDR2 SEQ ID NOs:	LCDR3 SEQ ID NOs:
25A4	28522 または 50266	24516 または 50316	4488, 50468, 50001 または 50013	12500, 50002, 50014 または 50259	20512, 50003 または 50470	480, 50133 または 50162	8492, 50157, 50229, 50619, 50643 または 50649	16504, 50134, 50164 または 50620
26C4	28580 または 50266	24574 または 50316	4546, 50001, 50013 または 50468	12588 または 50002	20570, 50003 または 50470	538, 50133 または 50156	8550, 50157, 50163, 50229, 50619, 50643 または 50649	16562, 50134, 50164 または 50620
29H8	28798 または 50266	24792 または 50316	4764, 50001, 50013 または 50468	12776 または 50002	20788 または 50003 または 50470	756 または50133	8768, 50157, 50163 50229, 50619, 50643 または 50649	16780 または 50134
4A2	29170 または 50266	25164 または 50326	5136, 50001, 50013, または 50468	13148, 50002, 50014 または 50260	21160 , 50003 または 50470	1130, 50133, 50156 または 50162	9142, 50157, 50163 50229, 50619, 50643 または 50649	17154, 50134, 50164 または 50261
4H6	28936 または 50272	24930 または 50321	4902 または 50019	12914 または 50020	20926 または 50021 または 50262	894, 50147 または 50159	8096, 50148 または 50160	16918 または 50149

56E5	29466 または 50272	25460 または 50321	5432, 50019 または 50058	13444 または 50020	21456 または 50021	1426 または 50147	9438, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50184, 50199, 50202, 50213 または 50248	17450 または 50149
7F4	28814 または 50284	24808 または 50312	4780, 50046 または 50075	12792 または 50047	20804 または 50048	772, 50122, 50130, 50135 または 50198	8784, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50199 または 50213	16796 または 50124

7G4	28966 または 50267	24960 または 50315	4932, 50004, 50037 または 50107	12944, 50005, 50008, 50017, 50023, 50026, 50038, 50053, 50067, 50073, 50085, 50088, 50100, 50108, 50238 または 50254	20956 または 50006	924, 50122, 50130, 50135, 50198, または 50247	8936, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50184, 50199, 50202, 50213 または 50248	16948
48B12	31820 または 50267	27814	7784, 50034, 50055, 50093, 50113 または 50116	15796, 50032, 50035, 50056, 50070, 50091, 50105 または 50117	23808	3780	11792 または 50126	19804
184E7	30660 または 50272	26654 または 50320	6626, 50019 または 50237	14638 または 50020	22650	2620, 50138, 50144, 50147, 50183 または 50212	10632, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50184, 50199, 50202, 50213 または 50248	18644 または 50146
194A4	30820	26814 または 50342	6786	14798, 50020, 50050, 50059	22810	2780 または 50206	10792, 50128 または	18804 または 50208

				または 50079			50207	
4B1	28878	24872 または 50323	4844	12856	20868	836, 50141 または 50153	8848, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50184, 50199, 50202, 50213 または 50248	16860, 50143 または 50203
190F8	30712 または 50271	26706 または 50318	6678, 50007, 50016, 50037, 50066, 50072 50084, 50237 または 50253	14690, 50017, 50023, 50038 または 50088	22702 または 50018	2672, 50138 または 50144	10684 または 50139	18696, 50140, または 50146
191G1	30628 または 50271	26622 または 50318	6594, 50004, 50007, 50016, 50022, 50025, 50037, 50066, 50072, 50084, 50087, 50096, 50099, 50107, 50237 または 50252	14606, 50008 または 50017	22618 または 50018	2588, 50138, 50144, 50147, 50183, または 50212	10600, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50184, 50199, 50202, 50213 または 50214	18612 または 50140

191G10	30846 または 50271	26840 または 50318	6812, 50004, 50007, 50016, 50022, 50025, 50037, 50066, 50072, 50084, 50087, 50096, 50099, 50107, 50237 または 50253	14824, 50017, 50023, 50038, または 50088	22836 または 50018	2806, 50138 または 50144	10818 または 50139	18830 または 50140
194C1	30816	26810	6782, 50004, 50007, 50016, 50022, 50025, 50037, 50066, 50072, 50084, 50087, 50096, 50099, 50107, 50237 または 50253	14794, 50008, または 50017	22806	2776, 50138, 50144, 50147, 50183 または 50212	10788, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50184, 50199, 50202, 50213 または 50248	18800 または 50140
197G3	30888 または 50273	26882 または 50320	6854, 50016 または 50022	14866, 50017, 50023, 50038, または 50088	22878 または 50024	2848, 50138 または 50144	10860, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50184, 50199,	18872 または 50140

							50202, 50213 または 50248	
198G3	30620 または 50271	26614 または 50318	6586, 50007, 50016, 50037, 50066, 50072, 50084, 50237 または 50253	14598, 50017, または 50038	22610 または 50018	2580 または 50138	10592 または 50139	18604 または 50140
75G3	29714 または 50283	25708 または 50314	5680, 50010 または 50233	13692	21704 または 50235	1674 または 50127	9686 または 50128	17698 または 50129
218G4	31786 または 50298	27780 または 50335	7750, 50004, 50025, 50037, 50087, 50096 または 50253	15762, 50005, 50008, 50017, 50023, 50026, 50038, 50053, 50067, 50073, 50085, 50088, 50100, 50108, 50238 または 50254	23774	3746 または 50189	11758 または 50190	19770 または 50191
193E7	30796	26790 または 50312	6762	14774, 50011, または 50234	22786	2756, 50122, 50130, 50135, 50198, または 50247	10768, 50123 または 50142	18780 または 50124
198D2	31604 または 50273	27598 または 50335	7568, 50004, 50007, 50016,	15580 または 50023	23592	3564 または 50189	11576 または 50190	19588 または 50191

			50022, 50025, 50037, 50066, 50072, 50084, 50087, 50096, 50099, 50107, 50237 または 50253					
202A3	30972	26966 または 50317	6938	14950	22962	2932, 50122, 50130, 50135, 50198, または 50247	10944, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50148, または 50213	18956 または 50137
7E11	28914 または 50273	24908 または 50319	4880, 50004, 50007, 50022, 50025 または 50037	12892 または 50263 または 50023	20904 または 50024	872 または 50141 または 50153	8884, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50199 または 50213	16896, または 50143
22G5	28368	24362 または 50323	4334, 50031, 50034, 50055, 50093, 50113 または 50116	12346 または 50032	20358 または 50033	326, 50141, 50153, 50180 または 50201	8338, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50148, 50154 または 50160	16350

5E5	29016 または 50267	25010 または 50315	4982, 50004, 50037 または 50107	12994, 50005, 50008, 50017, 50023, 50026, 50038, 50053, 50067, 50073, 50085, 50088, 50100, 50108, 50238, 50254 または 50264	21006, 50006 または 50265	974, 50122, 50130, 50135, 50198, または 50247	8986, 50123, 50131, 50136, 50139, 50142, 50145, 50148, 50154, 50160, 50181, 50184, 50199, 50202, 50213 または 50248	16998 または 50132
54E9	31488 または 50303	27482 または 50338	7452 または 50102	15464 または 50103	23476 または 50227	3448 または 50195	11460 または 50196	19472 または 50197
6G7	28880	24874 または 50334	4846, 50004, 50007, 50016, 50022, 50025, 50037, 50066, 50072, 50084, 50087, 50096, 50099, 50107, 50237 または 50253	12858	20870 または 50098	838 または 50186	8850 または 50187	16862 または 50188

176H4	30542 または 50282	26536 または 50322	6508, 50004, 50007, 50016, 50022, 50025, 50037, 50066, 50072, 50084, 50087, 50096, 50099, 50107, 50237 または 50253	14520, 50023, 50053, 50085 または 50254	22532, または 50255	2502, 50150, または 50174	10514, 50151, 50175 または 50205	18526 または 50152
194C10	30832	26826 または 50314	6798 または 50233	14810, 50011 または 50234	22822	2792 または 50146	10804 または 50128	18816 または 50129

【０１９７】
上述の例示的な実施形態では、抗原結合性タンパク質は、様々な所望の種のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への所望の結合を維持する。
【０１９８】
別の実施形態では、軽鎖可変ドメインは、上に列挙されている軽鎖可変ドメインの配列と少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９１％、９２％、９３％、９４％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％または１００％同一であるアミノ酸の配列を含む。
【０１９９】
別の実施形態では、軽鎖可変ドメインは、上に列挙されているポリヌクレオチド配列と少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９１％、９２％、９３％、９４％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％または１００％同一であるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸の配列を含む。別の実施形態では、軽鎖可変ドメインは、上に列挙されている配列から選択される軽鎖可変ドメインをコードするポリヌクレオチドの相補体に、中程度にストリンジェントな条件下でハイブリダイズする、ポリヌクレオチドによってコードされる、アミノ酸の配列を含む。別の実施形態では、軽鎖可変ドメインは、上に列挙されている配列からなる群から選択される軽鎖可変ドメインをコードするポリヌクレオチドの相補体に、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズする、ポリヌクレオチドによってコードされる、アミノ酸の配列を含む。
【０２００】
別の実施形態では、重鎖可変ドメインは、上に列挙されている配列から選択される重鎖可変ドメインの配列と少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９１％、９２％、９３％、９４％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％または１００％同一であるアミノ酸の配列を含む。別の実施形態では、重鎖可変ドメインは、上に列挙されている配列から選択される重鎖可変ドメインをコードするヌクレオチド配列と少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９１％、９２％、９３％、９４％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％または１００％同一であるヌクレオチド配列によってコード

されるアミノ酸の配列を含む。別の実施形態では、重鎖可変ドメインは、上に列挙されている配列から選択される重鎖可変ドメインをコードするポリヌクレオチドの相補体に、中程度にストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドによってコードされるアミノ酸の配列を含む。別の実施形態では、重鎖可変ドメインは、上に列挙されている配列から選択される重鎖可変ドメインをコードするポリヌクレオチドの相補体に、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズする、ポリヌクレオチドによってコードされる、アミノ酸の配列を含む。

【０２０１】

上述の例示的な実施形態では、抗原結合性タンパク質は、様々な所望の種のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への所望の結合を維持する。

【０２０２】

本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、本技術分野で公知の任意の定常領域を含むことができる。軽鎖定常領域は、例えば、カッパーまたはラムダ型の軽鎖定常領域、例えば、ヒトカッパーまたはラムダ型の軽鎖定常領域であってもよい。重鎖定常領域は、例えば、アルファ、デルタ、イプシロン、ガンマまたはミュー型の重鎖定常領域、例えば、ヒトアルファ、デルタ、イプシロン、ガンマまたはミュー型の重鎖定常領域であってもよい。

【０２０３】

目的の抗体から異なるサブクラスまたはアイソタイプの抗体を得るための技法、すなわち、サブクラススイッチングが知られている。よって、ＩｇＧ抗体が、例えば、ＩｇＭ抗体に由来することができ、逆もまた同じである。このような技法は、所定の抗体（親抗体）の抗原結合特性を保有するが、親抗体のものとは異なる抗体アイソタイプまたはサブクラスに関連する生物学的特性も示す、新たな抗体の調製を可能にする。組換えＤＮＡ技法を用いることができる。特定の抗体ポリペプチドをコードするクローニングされたＤＮＡ、例えば、所望のアイソタイプの抗体の定常ドメインをコードするＤＮＡは、このような手順において用いることができる。Ｌａｎｉｔｔｏら、Ｍｅｔｈｏｄｓ　Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．１７８：３０３－１６頁（２００２）も参照されたい。

【０２０４】

一実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、定常軽鎖カッパーもしくはラムダドメインまたはこれらの断片をさらに含む。軽鎖定常領域およびこれをコードするポリヌクレオチドの例示的な配列は、下表１５に提供されており、一般に本技術分野で周知である。別の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、表１５に提供されているＩｇＧ１またはＩｇＧ２重鎖定常領域のような、重鎖定常ドメインまたはその断片をさらに含む。

【０２０５】

本発明の抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、所望のアイソタイプ（例えば、ＩｇＡ、ＩｇＧ１、ＩｇＧ２、ＩｇＧ３、ＩｇＧ４、ＩｇＭ、ＩｇＥおよびＩｇＤ）を有するものと共に、それらのＦａｂまたはＦ（ａｂ’）２断片を含む。さらに、ＩｇＧ４が望まれる場合、Ｂｌｏｏｍら、１９９７、Ｐｒｏｔｅｉｎ　Ｓｃｉｅｎｃｅ　６：４０７頁（参照により本明細書に組み込む）に記載されている通りにヒンジ領域に点突然変異を導入して、ＩｇＧ４抗体に不均一性をもたらし得るＨ鎖内ジスルフィド結合を形成する傾向を軽減することが望まれる場合もある。

【０２０６】

抗体の生成

本発明の抗体は、当業者に周知の技法によって調製することができる。例えば、これは、動物（例えば、マウスまたはラットまたはウサギ）を免疫化し、次いで免疫化スケジュールの完了後にこの動物から収集された脾臓細胞を不死化することにより為される。脾臓細胞は、本技術分野で公知の任意の技法を使用して、例えば、これを骨髄腫細胞と融合させて、ハイブリドーマを産生することにより、不死化することができる。例えば、Ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ；ＨａｒｌｏｗおよびＬａｎｅ、Ｃｏｌｄ　Ｓｐｒｉｎｇ　Ｈａｒｂｏｒ

Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ　Ｐｒｅｓｓ、第１版、例えば１９８８年からまたは第２版、例えば、２０１４年から）を参照されたい。

【０２０７】

一実施形態では、ヒト化モノクローナル抗体は、マウス抗体の可変ドメイン（またはその抗原結合部位の全体もしくは一部）およびヒト抗体に由来する定常ドメインを含む。代わりに、ヒト化抗体断片は、マウスモノクローナル抗体の抗原結合部位およびヒト抗体に由来する可変ドメイン断片（抗原結合部位を欠く）を含むことができる。遺伝子操作されたモノクローナル抗体の産生のための手順は、Ｒｉｅｃｈｍａｎｎら、１９８８、Ｎａｔｕｒｅ　３３２：３２３頁、Ｌｉｕら、１９８７、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ　８４：３４３９頁、Ｌａｒｒｉｃｋら、１９８９、Ｂｉｏ／Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ　７：９３４頁およびＷｉｎｔｅｒら、１９９３、ＴＩＰＳ　１４：１３９頁に記載されている手順を含む。一実施形態では、キメラ抗体は、ＣＤＲグラフト抗体である。抗体をヒト化するための技法は、例えば、米国特許第５，８６９，６１９号；同第５，２２５，５３９号；同第５，８２１，３３７号；同第５，８５９，２０５号；同第６，８８１，５５７号、Ｐａｄｌａｎら、１９９５、ＦＡＳＥＢ　Ｊ．９：１３３－３９頁、Ｔａｍｕｒａら、２０００、Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１６４：１４３２－４１頁、Ｚｈａｎｇ，Ｗ．ら、Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｉｍｍｕｎｏｌｏｇｙ．４２（１２）：１４４５－１４５１頁、２００５；Ｈｗａｎｇ　Ｗ．ら、Ｍｅｔｈｏｄｓ．３６（１）：３５－４２頁、２００５；Ｄａｌｌ’Ａｃｑｕａ　ＷＦら、Ｍｅｔｈｏｄｓ　３６（１）：４３－６０頁、２００５；およびＣｌａｒｋ，Ｍ．、Ｉｍｍｕｎｏｌｏｇｙ　Ｔｏｄａｙ．２１（８）：３９７－４０２頁、２０００に記述されている。

【０２０８】

本発明の抗体は、完全にヒトモノクローナル抗体となることもできる。完全にヒトモノクローナル抗体は、当業者が熟知するあらゆる技法によって生成することができる。そのような方法として、ヒト末梢血細胞（例えば、Ｂリンパ球を含有）のエプスタイン・バーウイルス（ＥＢＶ）形質転換、ヒトＢ細胞のインビトロ免疫化、挿入されたヒト免疫グロブリン遺伝子を保有する免疫化トランスジェニックマウス由来の脾臓細胞の融合、ヒト免疫グロブリンＶ領域ファージライブラリーからの単離、または本技術分野で公知の、本明細書における開示に基づく他の手順が挙げられるがこれらに限定されない。

【０２０９】

非ヒト動物においてヒトモノクローナル抗体を生成するための手順が開発された。例えば、様々な手段によって１つ以上の内因性免疫グロブリン遺伝子が不活性化されたマウスが調製された。ヒト免疫グロブリン遺伝子がマウスに導入されて、不活性化されたマウス遺伝子が置き換えられた。この技法において、ヒト重鎖および軽鎖遺伝子座のエレメントが、内因性重鎖および軽鎖遺伝子座の標的化された撹乱を含有する胚性幹細胞株に由来するマウスの系統に導入される（Ｂｒｕｇｇｅｍａｎｎら、Ｃｕｒｒ．Ｏｐｉｎ．Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．８：４５５－５８頁（１９９７）も参照）。例えば、ヒト免疫グロブリン導入遺伝子は、ミニ遺伝子構築物または酵母人工染色体における転座となることができ、これは、マウスリンパ系組織においてＢ細胞特異的ＤＮＡ再編成および高頻度突然変異を起こす。

【０２１０】

動物において産生された抗体は、動物に導入されたヒト遺伝材料によってコードされるヒト免疫グロブリンポリペプチド鎖を取り込む。一実施形態では、トランスジェニックマウスのような非ヒト動物は、好適な免疫原により免疫化される。

【０２１１】

ヒトまたは部分的にヒト抗体の産生のためのトランスジェニック動物の産生および使用のための技法の例は、米国特許第５，８１４，３１８号、同第５，５６９，８２５号および同第５，５４５，８０６号、Ｄａｖｉｓら、Ｐｒｏｄｕｃｔｉｏｎ　ｏｆ　ｈｕｍａｎ　ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ　ｆｒｏｍ　ｔｒａｎｓｇｅｎｉｃ　ｍｉｃｅ、Ｌｏ編、Ａｎｔｉｂｏｄｙ　Ｅｎｇｉｎｅｅｒｉｎｇ：　Ｍｅｔｈｏｄｓ　ａｎｄ　Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ、Ｈｕ

mana Press、NJ：191－200頁（2003）、Kellermannら、2002、Curr Opin Biotechnol.13：593－97頁、Russelら、2000、Infect Immun.68：1820－26頁、Galloら、2000、Eur J Immun.30：534－40頁、Davisら、1999、Cancer Metastasis Rev.18：421－25頁、Green、1999、J Immunol Methods.231：11－23頁、Jakobovits、1998、Advanced Drug Delivery Reviews 31：33－42頁、Greenら、1998、J Exp Med.188：483－95頁、Jakobovits A、1998、Exp.Opin.Invest.Drugs.7：607－14頁、Tsudaら、1997、Genomics.42：413－21頁、Mendezら、1997、Nat Genet.15：146－56頁、Jakobovits、1994、Curr Biol.4：761－63頁、Arbonesら、1994、Immunity.1：247－60頁、Greenら、1994、Nat Genet.7：13－21頁、Jakobovitsら、1993、Nature.362：255－58頁、Jakobovitsら、1993、Proc Natl Acad Sci U S A.90：2551－55頁、Chen，J.、M.Trounstine、F.W.Alt、F.Young、C.Kurahara、J.Loring、D.Huszar.「Immunoglobulin gene rearrangement in B－cell deficient mice generated by targeted deletion of the JH locus.」International Immunology 5（1993）：647－656頁、Choiら、1993、Nature Genetics 4：117－23頁、Fishwildら、1996、Nature Biotechnology 14：845－51頁、Hardingら、1995、Annals of the New York Academy of Sciences、Lonbergら、1994、Nature 368：856－59頁、Lonberg、1994、Transgenic Approaches to Human Monoclonal Antibodies in Handbook of Experimental Pharmacology 113：49－101頁、Lonbergら、1995、Internal Review of Immunology 13：65－93頁、Neuberger、1996、Nature Biotechnology 14：826頁、Taylorら、1992、Nucleic Acids Research 20：6287－95頁、Taylorら、1994、International Immunology 6：579－91頁、Tomizukaら、1997、Nature Genetics 16：133－43頁、Tomizukaら、2000、Proceedings of the National Academy of Sciences USA 97：722－27頁、Tuaillonら、1993、Proceedings of the National Academy of Sciences USA 90：3720－24頁およびTuaillonら、1994、Journal of Immunology 152：2912－20頁；Lonbergら、Nature 368：856頁、1994；Taylorら、Int.Immun.6：579頁、1994；米国特許第５，８７７，３９７号；Bruggemannら、1997 Curr.Opin.Biotechnol.8：455－58頁；Jakobovitsら、1995 Ann.N.Y.Acad.Sci.764：525－35頁に記載されている。加えて、Xenomouse（登録商標）（Abgenix、現在はAmgen、Inc.）が関与するプロトコールは、例えば、米国公開第２００５／０１１８６４３号およびWO０５／６９４８７９、WO９８／２４８３８、WO００／７６３１０および米国特許第７，０６４，２４４号に記載されている。

【０２１２】

免疫化トランスジェニックマウス由来のリンパ系細胞は、例えば、骨髄腫細胞と融合されて、ハイブリドーマを産生する。ハイブリドーマ産生融合手順における使用のための骨

髄腫細胞は、好ましくは、非抗体産生性であり、高い融合効率を有し、酵素欠乏性であり、これにより、ある特定の選択的培地において成長することができなくなり、所望の融合細胞（ハイブリドーマ）のみの成長を支持する。このような融合における使用に適した細胞株の例として、Ｓｐ－２０、Ｐ３－Ｘ６３／Ａｇ８、Ｐ３－Ｘ６３－Ａｇ８．６５３、ＮＳ１／１．Ａｇ４１、Ｓｐ２１０－Ａｇ１４、ＦＯ、ＮＳＯ／Ｕ、ＭＰＣ－１１、ＭＰＣ１１－Ｘ４５－ＧＴＧ　１．７およびＳ１９４／５ＸＸ０　Ｂｕｌが挙げられる；ラット融合において使用される細胞株の例として、Ｒ２１０．ＲＣＹ３、Ｙ３－Ａｇ　１．２．３、ＩＲ９８３Ｆおよび４Ｂ２１０が挙げられる。細胞融合に有用な他の細胞株は、Ｕ－２６６、ＧＭ１５００－ＧＲＧ２、ＬＩＣＲ－ＬＯＮ－ＨＭｙ２およびＵＣ７２９－６である。

【０２１３】

リンパ系（例えば、脾臓）細胞および骨髄腫細胞は、ポリエチレングリコールまたは非イオン性界面活性剤のような膜融合促進剤と数分間一緒にし、次いでハイブリドーマ細胞の成長を支持するが、融合されていない骨髄腫細胞の成長を支持しない選択的培地上に低密度で蒔くことができる。選択培地の１種は、ＨＡＴ（ヒポキサンチン、アミノプテリン、チミジン）である。十分な時間、通常、約１から２週間の後に、細胞のコロニーが観察される。単一コロニーが単離され、細胞によって産生された抗体が、本技術分野で公知であり本明細書に記載されている種々のイムノアッセイのいずれか１種を使用して、例えば、ヒトＡＳＧＲ－１への結合活性に関して、検査され得る。ハイブリドーマがクローニングされ（例えば、限界希釈クローニングまたは軟寒天プラーク単離により）、例えば、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的な抗体を産生する陽性クローンが選択され、培養される。ハイブリドーマ培養物由来のモノクローナル抗体は、ハイブリドーマ培養物の上清から単離することができる。よって、本発明は、細胞の染色体中に、本発明の抗原結合性タンパク質をコードするポリヌクレオチドを含むハイブリドーマを提供する。このようなハイブリドーマは、本明細書に記載されている本技術分野で公知の方法に従って培養され得る。

【０２１４】

本発明のヒト抗体を生成するための別の方法は、ＥＢＶ形質転換によってヒト末梢血細胞を不死化するステップを含む。例えば、米国特許第４，４６４，４５６号を参照されたい。例えば、ヒトＡＳＧＲ－１に特異的に結合するモノクローナル抗体を産生するこのような不死化Ｂ細胞株（またはリンパ芽球様細胞株）は、本明細書に提供されている免疫検出方法、例えば、ＥＬＩＳＡによって同定し、次いで標準クローニング技法によって単離することができる。抗体を産生するリンパ芽球様細胞株の安定性は、本技術分野で公知の方法に従って、形質転換された細胞株をマウス骨髄腫と融合して、マウス－ヒトハイブリッド細胞株を産生することにより改善することができる（例えば、Ｇｌａｓｋｙら、Ｈｙｂｒｉｄｏｍａ　８：３７７－８９頁（１９８９）を参照）。ヒトモノクローナル抗体を生成するためのさらに別の方法は、ヒト脾臓Ｂ細胞を抗原で刺激し、続いて抗原刺激されたＢ細胞をヘテロハイブリッド融合パートナーと融合するステップを含む、インビトロ免疫化である。例えば、Ｂｏｅｒｎｅｒら、１９９１　Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１４７：８６－９５頁を参照されたい。

【０２１５】

ある特定の実施形態では、本技術分野で公知の（ＷＯ９２／０２５５１；米国特許第５，６２７，０５２号；Ｂａｂｃｏｏｋら、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ　９３：７８４３－４８頁（１９９６））および本明細書に記載されている分子生物学技法に従って、所望の抗体を産生しているＢ細胞が選択され、このＢ細胞から軽鎖および重鎖可変領域がクローニングされる。免疫化された動物由来のＢ細胞は、所望の抗体を産生している細胞を選択することにより、脾臓、リンパ節または末梢血試料から単離することができる。Ｂ細胞は、ヒトから、例えば、末梢血試料から単離することもできる。所望の特異性を有する抗体を産生している単一のＢ細胞を検出するための方法は、本技術分野で周知であり、例えば、プラーク形成、蛍光標識細胞分取、インビトロ刺激に続く特異的抗体の検出その他によって為される。特異的抗体産生Ｂ細胞の選択のための方法は、例え

ば、抗原を含有する軟寒天におけるＢ細胞の単細胞懸濁液を調製するステップを含む。Ｂ細胞によって産生された特異的抗体の、抗原への結合は、免疫沈降物として目に見えることがある複合体の形成をもたらす。所望の抗体を産生しているＢ細胞が選択された後に、特異的抗体遺伝子は、本技術分野で公知であり本明細書に記載されている方法に従ってＤＮＡまたはｍＲＮＡを単離および増幅することにより、クローニングすることができる。

【０２１６】

本発明の抗体を得るためのさらなる方法は、ファージディスプレイによって為される。例えば、Ｗｉｎｔｅｒら、１９９４ Ａｎｎｕ．Ｒｅｖ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１２：４３３－５５頁；Ｂｕｒｔｏｎら、１９９４ Ａｄｖ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．５７：１９１－２８０頁を参照されたい。ヒトまたはマウス免疫グロブリン可変領域遺伝子コンビナトリアルライブラリーは、ファージベクターにおいて作製することができ、これをスクリーニングして、ＴＧＦ－ベータ結合タンパク質またはそのバリアントもしくは断片に特異的に結合するＩｇ断片（Ｆａｂ、Ｆｖ、ｓＦｖまたはこれらの多量体）を選択することができる。例えば、米国特許第５，２２３，４０９号；Ｈｕｓｅら、１９８９ Ｓｃｉｅｎｃｅ ２４６：１２７５－８１頁；Ｓａｓｔｒｙら、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８６：５７２８－３２頁（１９８９）；Ａｌｔｉｎｇ－Ｍｅｅｓら、Ｓｔｒａｔｅｇｉｅｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ ３：１－９頁（１９９０）；Ｋａｎｇら、１９９１ Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８８：４３６３－６６頁；Ｈｏｏｇｅｎｂｏｏｍら、１９９２ Ｊ．Ｍｏｌｅｃ．Ｂｉｏｌ．２２７：３８１－３８８頁；Ｓｃｈｌｅｂｕｓｃｈら、１９９７ Ｈｙｂｒｉｄｏｍａ １６：４７－５２頁およびこれらの中で引用されている参考文献を参照されたい。例えば、Ｉｇ可変領域断片をコードする複数のポリヌクレオチド配列を含有するライブラリーは、Ｍ１３またはそのバリアントのような糸状バクテリオファージのゲノム内に、ファージコートタンパク質をコードする配列とインフレームで挿入され得る。融合タンパク質は、コートタンパク質と軽鎖可変領域ドメインおよび／または重鎖可変領域ドメインとの融合体となり得る。ある特定の実施形態において、免疫グロブリンＦａｂ断片が、ファージ粒子上にディスプレイされてもよい（例えば、米国特許第５，６９８，４２６号を参照）。

【０２１７】

重鎖および軽鎖免疫グロブリンｃＤＮＡ発現ライブラリーは、例えば、λＩｍｍｕｎｏＺａｐ（商標）（Ｈ）およびλＩｍｍｕｎｏＺａｐ（商標）（Ｌ）ベクター（Ｓｔｒａｔａｇｅｎｅ、Ｌａ Ｊｏｌｌａ、Ｃａｌｉｆｏｒｎｉａ）を使用して、ラムダファージにおいて調製することもできる。手短にいうと、ｍＲＮＡがＢ細胞集団から単離され、λＩｍｍｕｎｏＺａｐ（Ｈ）およびλＩｍｍｕｎｏＺａｐ（Ｌ）ベクターにおける重鎖および軽鎖免疫グロブリンｃＤＮＡ発現ライブラリーの作製に使用される。これらのベクターは、個々にスクリーニングされても、同時発現されて、Ｆａｂ断片または抗体を形成してもよい（Ｈｕｓｅら、上記参照；また、Ｓａｓｔｒｙら、上記参照）。陽性プラークはその後、Ｅ．コリからのモノクローナル抗体断片の高レベル発現を可能にする非溶解性プラスミドへと変換されてもよい。

【０２１８】

一実施形態では、ハイブリドーマにおいて、目的のモノクローナル抗体を発現する遺伝子の可変領域が、ヌクレオチドプライマーを使用して増幅される。このようなプライマーは、当業者によって合成されても、市販の供給源から購入されてもよい（例えば、とりわけV_{Ha}、V_{Hb}、V_{Hc}、V_{Hd}、C_{H1}、V_LおよびC_L領域のプライマーを含む、マウスおよびヒト可変領域のプライマーを販売する、Ｓｔｒａｔａｇｅｎｅ（Ｌａ Ｊｏｌｌａ、Ｃａｌｉｆｏｒｎｉａ）を参照）。これらのプライマーを使用して、重鎖または軽鎖可変領域を増幅し、次いでこれらをそれぞれＩｍｍｕｎｏＺＡＰ（商標）ＨまたはＩｍｍｕｎｏＺＡＰ（商標）Ｌ（Ｓｔｒａｔａｇｅｎｅ）のようなベクターに挿入することができる。次に、これらのベクターは、Ｅ．コリ、酵母または哺乳動物に基づく発現系に導入されてもよい。V_HおよびV_Lドメインの融合体を含有する大量の単鎖タンパク質は、これらの方法を使用して産生され得る（Ｂｉｒｄら、Ｓｃｉｅｎｃｅ ２４２：４２３－４

２６頁、１９８８を参照）。
【０２１９】
ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、「重鎖のみ」抗体または「ＨＣＡｂ」を産生するトランスジェニック動物（例えば、マウス）から得られる。ＨＣＡｂは、天然起源のラクダおよびラマ単鎖ＶＨＨ抗体に類似している。
【０２２０】
例えば、米国特許第８，５０７，７４８号および同第８，５０２，０１４号ならびに米国特許出願公開番号ＵＳ２００９／０２８５８０５Ａ１、ＵＳ２００９／０１６９５４８Ａ１、ＵＳ２００９／０３０７７８７Ａ１、ＵＳ２０１１／０３１４５６３Ａ１、ＵＳ２０１２／０１５１６１０Ａ１、ＷＯ２００８／１２２８８６Ａ２およびＷＯ２００９／０１３６２０Ａ２を参照されたい。
【０２２１】
上述の免疫化および他の技法のいずれかを使用して、本発明に係る抗体を産生する細胞が得られたら、特異的抗体遺伝子は、本明細書に記載されている標準手順に従って、細胞からＤＮＡまたはｍＲＮＡを単離および増幅することによりクローニングすることができる。それから産生された抗体を配列決定することができ、同定されたＣＤＲおよびＣＤＲをコードするＤＮＡを以前に記載された通りに遺伝子操作して、本発明に係る他の抗体を生成することができる。
【０２２２】
ある特定の実施形態では、抗体は、先ず、例えば、ヒトＡＳＧＲ、ヒトＡＳＧＲ－１および／またはヒトＡＳＧＲ－２を発現している細胞に結合し、かつ／または本願に記載されている抗体と結合に関して競合する抗体を、同定することにより生成される。
【０２２３】
抗体のような一部のタンパク質が、種々の翻訳後修飾を受ける場合があることが、当業者によって理解される。このような修飾の種類および程度は、多くの場合、タンパク質の発現に使用された宿主細胞株および培養条件に依存する。そのような修飾は、グリコシル化、メチオニン酸化、ジケトピペラジン形成、アスパラギン酸異性化およびアスパラギン脱アミドにおける変種を含むことができる。高頻度の修飾は、カルボキシペプチダーゼの作用によるカルボキシ末端塩基性残基（リシンまたはアルギニンのような）の損失である（Ｈａｒｒｉｓ，Ｒ．Ｊ．、Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｃｈｒｏｍａｔｏｇｒａｐｈｙ ７０５：１２９－１３４頁、１９９５に記載）。
【０２２４】
マウスモノクローナル抗体の産生のための代替方法は、同一遺伝子マウス、例えば、モノクローナル抗体を含有する腹水の形成を促進するように処置された（例えば、プリスタンで抗原刺激された）マウスの腹腔内にハイブリドーマ細胞を注射することである。モノクローナル抗体は、種々の十分に確立された技法によって単離および精製され得る。このような単離技法は、プロテインＡセファロースによる親和性クロマトグラフィー、分子ふるいクロマトグラフィーおよびイオン交換クロマトグラフィーを含む（例えば、Ｃｏｌｉｇａｎ、２．７．１－２．７．１２頁および２．９．１－２．９．３頁；Ｂａｉｎｅｓら「Ｐｕｒｉｆｉｃａｔｉｏｎ ｏｆ Ｉｍｍｕｎｏｇｌｏｂｕｌｉｎ Ｇ（ＩｇＧ）」、Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ、１０巻、７９－１０４頁（Ｔｈｅ Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ、Ｉｎｃ．１９９２）を参照）。モノクローナル抗体は、抗体の特定の特性（例えば、重鎖または軽鎖アイソタイプ、結合特異性等）に基づき選択された適切なリガンドを使用した親和性クロマトグラフィーによって精製され得る。固体支持体に固定化された好適なリガンドの例として、プロテインＡ、プロテインＧ、抗定常領域（軽鎖または重鎖）抗体、抗イディオタイプ抗体およびＴＧＦ－ベータ結合タンパク質、またはこれらの断片もしくはバリアントが挙げられる。
【０２２５】
抗体結合部位の中央における相補性決定領域（ＣＤＲ）の分子進化も、増加した親和性を有する抗体の単離に使用されており、例えば、Ｓｃｈｉｅｒら、１９９６、Ｊ．Ｍｏｌ

．Ｂｉｏｌ．２６３：５５１頁によって記載されているものが挙げられる。したがって、このような技法は、本発明の抗体の調製において有用である。

【０２２６】

ヒト抗体、部分的ヒト抗体またはヒト化抗体は、多くの適用、特に、ヒト対象への抗体の投与が関与する適用に適しているが、他の種類の抗原結合性タンパク質は、ある特定の適用に適する。本発明の非ヒト抗体は、例えば、マウス、ラット、ウサギ、ヤギ、ロバまたは非ヒト霊長類（例えば、カニクイザルまたはアカゲザルのようなサルまたは類人猿（例えば、チンパンジー））のような抗体産生動物に由来することができる。本発明の非ヒト抗体は、例えば、インビトロおよび細胞培養に基づく適用において、または本発明の抗体に対する免疫応答が、発生しないか、有意でないか、予防され得るか、懸念とならないか、もしくは望ましい、他の任意の適用において使用することができる。特定の種由来の抗体は、例えば、当該種の動物を所望の免疫原で免疫化することにより、または当該種の抗体を生成するための人工の系（例えば、特定の種の抗体を生成するための細菌またはファージディスプレイに基づく系）を使用することにより、または例えば、抗体の定常領域を他の種由来の定常領域に置き換えることにより、もしくは他の種由来の抗体の配列により著しく類似するように抗体の１個以上のアミノ酸残基を置き換えることによってある１種由来の抗体を別の種由来の抗体に変換することにより、作製することができる。一実施形態では、抗体は、２以上の異なる種由来の抗体に由来するアミノ酸配列を含むキメラ抗体である。

【０２２７】

抗体は、多数の他の従来技法のいずれかによって調製することもできる。例えば、抗体は、これを天然に発現する細胞から精製されてもよく（例えば、抗体は、これを産生するハイブリドーマから精製されてもよく）、または本技術分野で公知の任意の技法を使用して組換え発現系において産生されてもよい。例えば、Ｍｏｎｏｃｌｏｎａｌ Ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ，Ｈｙｂｒｉｄｏｍａｓ：Ａ Ｎｅｗ Ｄｉｍｅｎｓｉｏｎ ｉｎ Ｂｉｏｌｏｇｉｃａｌ Ａｎａｌｙｓｅｓ、Ｋｅｎｎｅｔｈら（編）、Ｐｌｅｎｕｍ Ｐｒｅｓｓ、Ｎｅｗ Ｙｏｒｋ（１９８０）；ａｎｄ Ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ：Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ、ＨａｒｌｏｗおよびＬａｎｄ（編）、Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｐｒｅｓｓ、Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ、ＮＹ（１９８８）を参照されたい。

【０２２８】

上述のＣＤＲのうち１種以上を含有する本発明に係る抗体の親和性を改善することが望まれる場合、これは、ＣＤＲの維持（Ｙａｎｇら、Ｊ．Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．、２５４、３９２－４０３頁、１９９５）、鎖シャッフリング（Ｍａｒｋｓら、Ｂｉｏ／Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ、１０、７７９－７８３頁、１９９２）、Ｅ．コリの突然変異系統の使用（Ｌｏｗら、Ｊ．Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．、２５０、３５０－３６８頁、１９９６）、ＤＮＡシャッフリング（Ｐａｔｔｅｎら、Ｃｕｒｒ．Ｏｐｉｎ．Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．、８、７２４－７３３頁、１９９７）、ファージディスプレイ（Ｔｈｏｍｐｓｏｎら、Ｊ．Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．、２５６、７－８８頁、１９９６）および追加的なＰＣＲ技法（Ｃｒａｍｅｒｉら、Ｎａｔｕｒｅ、３９１、２８８－２９１頁、１９９８）を含む、多数の親和性成熟プロトコールによって得ることができる。これらの親和性成熟方法は全て、Ｖａｕｇｈａｎら（Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ、１６、５３５－５３９頁、１９９８）によって記述されている。

【０２２９】

単鎖抗体は、アミノ酸架橋（短いペプチドリンカー）を介して重鎖および軽鎖可変ドメイン（Ｆｖ領域）断片を連結し、単一ポリペプチド鎖をもたらすことによって形成され得る。このような単鎖Ｆｖ（ｓｃＦｖ）は、２つの可変ドメインポリペプチド（V_LおよびV_H）をコードするＤＮＡの間にペプチドリンカーをコードするＤＮＡを融合することによって調製された。その結果得られるポリペプチドは、２つの可変ドメインの間の可動性リンカーの長さに応じて、自分自身で折り畳み、抗原結合性単量体を形成してもよく、ま

たは多量体（例えば、二量体、三量体または四量体）を形成してもよい（Korttら、１９９７、Prot．Eng．１０：４２３頁；Korttら、２００１、Biomol．Eng．１８：９５－１０８頁）。異なるV_LおよびV_Hを含むポリペプチドを組み合わせることにより、異なるエピトープに結合する多量体ｓｃＦｖを形成することができる（Kriangkumら、２００１、Biomol．Eng．１８：３１－４０頁）。単鎖抗体の産生のために開発された技法は、米国特許第４，９４６，７７８号；Bird、１９８８、Science ２４２：４２３頁；Hustonら、１９８８、Proc．Natl．Acad．Sci．USA ８５：５８７９頁；Wardら、１９８９、Nature ３３４：５４４頁、de Graafら、２００２、Methods Mol Biol．１７８：３７９－８７頁に記載されている技法を含む。

【０２３０】

抗体に由来する抗原結合性断片は、例えば、抗体のタンパク質分解性加水分解、例えば、従来方法に従った抗体全体のペプシンまたはパパイン消化によって得ることもできる。例として、抗体断片は、ペプシンによる抗体の酵素切断によって産生されて、Ｆ（ａｂ’）$_2$と命名される５Ｓ断片をもたらすことができる。この断片は、チオール還元剤を使用してさらに切断されて、３．５Ｓ Ｆａｂ’一価断片を産生することができる。任意選択的に、切断反応は、ジスルフィド連結の切断に起因するスルフヒドリル基のためのブロッキング基を使用して行うことができる。代案として、パパインを使用した酵素切断は、２個の一価Ｆａｂ断片およびＦｃ断片を直接的に産生する。これらの方法は、例えば、Goldenberg、米国特許第４，３３１，６４７号、Nisonoffら、Arch．Biochem．Biophys．８９：２３０頁、１９６０；Porter、Biochem．J．７３：１１９頁、１９５９；Edelmanら、Methods in Enzymology １：４２２頁（Academic Press １９６７）；ならびにAndrews、S．M．およびTitus、J．A．、Current Protocols in Immunology（Coligan J．E．ら編）、John Wiley＆Sons、New York（２００３）、２．８．１－２．８．１０および２．１０Ａ．１－２．１０Ａ．５頁によって記載されている。断片が、インタクト抗体によって認識される抗原に結合する限りにおいて、重鎖の分離による一価軽－重鎖断片（Ｆｄ）の形成、断片のさらなる切断、または他の酵素的、化学的もしくは遺伝的技法のような抗体を切断するための他の方法を、使用することもできる。

【０２３１】

抗原結合性タンパク質の別の例示的な形態は、抗体の１個以上の相補性決定領域（ＣＤＲ）を含むペプチドである。ＣＤＲは、目的のＣＤＲをコードするポリヌクレオチドを構築することにより得ることができる。このようなポリヌクレオチドは、例えば、鋳型として抗体産生細胞のｍＲＮＡを使用して、可変領域を合成するためのポリメラーゼ連鎖反応を使用することにより調製される（例えば、Larrickら、Methods： A Companion to Methods in Enzymology ２：１０６頁、１９９１；Courtenay－Luck「Genetic Manipulation of Monoclonal Antibodies」、Monoclonal Antibodies： Production， Engineering and Clinical Application、Ritterら（編）、１６６頁（Cambridge University Press １９９５）；およびWardら「Genetic Manipulation and Expression of Antibodies」、Monoclonal Antibodies： Principles and Applications、Birchら（編）、１３７頁（Wiley－Liss、Inc．１９９５）を参照）。抗体断片は、本明細書に記載されている抗体の少なくとも１個の可変領域ドメインをさらに含むことができる。よって、例えば、Ｖ領域ドメインは、単量体となることができ、本明細書に記載されている通り、少なくとも10^{-7}Ｍ、またはそれを下回る親和性で、所望の標的（例えば、ヒトＡＳＧＲ－１）に独立して結合することができる、V_HまたはV_Lドメインであってもよい。

【０２３２】
可変領域は、任意の天然起源の可変ドメインまたはその遺伝子操作されたバージョンであってもよい。遺伝子操作されたバージョンとは、組換えＤＮＡ遺伝子操作技法を使用して作製された可変領域を意味する。このような遺伝子操作されたバージョンは、例えば、特異的抗体のアミノ酸配列におけるまたはそれに対する挿入、欠失または変化によって特異的抗体可変領域から作製されたものを含む。当業者は、図５６の表２１－４８において陰影で描写されているアミノ酸残基のような、遺伝子操作に適切なアミノ酸残基を同定するためのいずれか公知の方法を使用することができる。追加的な例として、第１の抗体由来の少なくとも１個のＣＤＲおよび任意選択的に１個以上のフレームワークアミノ酸、ならびに第２の抗体由来の可変領域ドメインの残りを含有する遺伝子操作された可変領域が挙げられる。抗体可変ドメインの遺伝子操作されたバージョンは、後述する実施例１４に概要を述べる方法が挙げられるがこれらに限定されない、当業者が熟知するあらゆる技法によって生成され得る。
【０２３３】
可変領域は、Ｃ末端アミノ酸において、少なくとも１個の他の抗体ドメインまたはその断片に共有結合により取り付けることができる。よって、例えば、可変領域に存在するＶＨは、免疫グロブリンＣＨ１ドメインに連結することができる。同様に、V_Lドメインは、C_Kドメインに連結することができる。このようにして、例えば、抗体は、Ｆａｂ断片となることができ、このＦａｂ断片において、抗原結合ドメインは、それらのＣ末端においてそれぞれＣＨ１およびC_Kドメインに共有結合により連結された、会合したV_HおよびV_Lドメインを含有する。ＣＨ１ドメインは、さらに別のアミノ酸により延長されて、例えば、Ｆａｂ’断片に存在するようなヒンジ領域もしくはヒンジ領域ドメインの部分をもたらすこと、または抗体ＣＨ２およびＣＨ３ドメインのようなさらに別のドメインをもたらすことができる。
【０２３４】
誘導体およびバリアント
本発明の抗体の対応するアミノ酸配列をコードする本発明の抗原結合性タンパク質のヌクレオチド配列は、例えば、ランダム突然変異誘発または部位指定突然変異誘発（例えば、オリゴヌクレオチド指定部位特異的突然変異誘発）によって変更されて、非突然変異ポリヌクレオチドと比較して１個以上の特定のヌクレオチド置換、欠失または挿入を含む、変更されたポリヌクレオチドを作製することができる。このような変更を作製するための技法の例は、Ｗａｌｄｅｒら、１９８６、Ｇｅｎｅ　４２：１３３頁；Ｂａｕｅｒら、１９８５、Ｇｅｎｅ　３７：７３頁；Ｃｒａｉｋ，　ＢｉｏＴｅｃｈｎｉｑｕｅｓ、１９８５年１月、１２－１９頁；Ｓｍｉｔｈら、１９８１、Ｇｅｎｅｔｉｃ　Ｅｎｇｉｎｅｅｒｉｎｇ：　Ｐｒｉｎｃｉｐｌｅｓ　ａｎｄ　Ｍｅｔｈｏｄｓ、Ｐｌｅｎｕｍ　Ｐｒｅｓｓ；ならびに米国特許第４，５１８，５８４号および同第４，７３７，４６２号に記載されている。上述および他の方法は、例えば、所望の特性、例えば、誘導体化されていない抗体と比較して、所望の標的に対する増加された親和性、アビディティーまたは特異性、インビボもしくはインビトロでの増加された活性もしくは安定性、または低下されたインビボ副作用を有する、抗原結合性タンパク質の誘導体の作製に使用され得る。
【０２３５】
本発明の範囲内における抗原結合性タンパク質の他の誘導体は、ポリペプチドのＮ末端またはＣ末端に融合された異種ポリペプチドを含む組換え融合タンパク質の発現によるような、他のタンパク質またはポリペプチドとの抗原結合性タンパク質の共有結合または凝集性コンジュゲートを含む。例えば、コンジュゲートされたペプチドは、異種シグナル（またはリーダー）ポリペプチド、例えば、酵母アルファ－因子リーダー、またはエピトープタグのようなペプチドであってもよい。抗原結合性タンパク質含有融合タンパク質は、抗原結合性タンパク質の精製または同定を容易にするために付加されたペプチド（例えば、ポリ－Ｈｉｓ）を含むことができる。抗原結合性タンパク質は、Ｈｏｐｐら、Ｂｉｏ／Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ　６：１２０４頁、１９８８および米国特許第５，０１１，９１２

号に記載されているＦＬＡＧペプチドに連結されてもよい。ＦＬＡＧペプチドは、高度に抗原性であり、特異的モノクローナル抗体（ｍＡｂ）によって可逆的に結合されるエピトープをもたらし、発現された組換えタンパク質の迅速なアッセイおよび手軽な精製を可能にする。ＦＬＡＧペプチドが所定のポリペプチドに融合された融合タンパク質の調製に有用な試薬は、市販されている（Ｓｉｇｍａ、Ｓｔ．Ｌｏｕｉｓ、ＭＯ）。

【０２３６】

別の実施形態では、本発明の範囲内の抗原結合性タンパク質は、抗体が非タンパク質性化学物質（薬物）にコンジュゲートされて、抗体薬物コンジュゲート（ＡＤＣ）を形成した、抗体コンジュゲートを含む。一般に、ＡＤＣは、化学療法剤、例えば、細胞傷害性薬剤、細胞分裂阻害剤、毒素または放射性薬剤にコンジュゲートされた抗体を含む。リンカー分子は、抗体への薬物のコンジュゲートに使用され得る。ＡＤＣ技術において有用な多種多様なリンカーおよび薬物は、本技術分野で公知であり、本発明の実施形態において使用され得る（全て参照により本明細書に組み込む、ＵＳ２００９００２８８５６、ＵＳ２００９／０２７４７１３、ＵＳ２００７／００３１４０２、ＷＯ２００５／０８４３９０、ＷＯ２００９／０９９７２８、ＵＳ５２０８０２０、ＵＳ５４１６０６４、ＵＳ５４７５０９２、５５８５４９９、６４３６９３１、６３７２７３８、および６３４０７０１を参照）。

【０２３７】

別の実施形態では、１個以上の抗原結合性タンパク質を含有するオリゴマーが、本発明のある特定の実施形態で用いられてもよい。オリゴマーは、共有結合により連結されたかまたは非共有結合により連結された、二量体、三量体またはより高次のオリゴマーの形態であってもよい。２個以上の抗原結合性タンパク質を含むオリゴマーが、使用に考慮され、その一例は、ホモ二量体である。他のオリゴマーは、ヘテロ二量体、ホモ三量体、ヘテロ三量体、ホモ四量体、ヘテロ四量体等を含む。

【０２３８】

一実施形態は、抗原結合性タンパク質に融合されたペプチド部分の間の共有結合または非共有結合相互作用により接続された複数の抗原結合性タンパク質を含むオリゴマーを対象とする。このようなペプチドは、ペプチドリンカー（スペーサー）、またはオリゴマー形成を促進する特性を有するペプチドとなり得る。ロイシンジッパーおよび抗体に由来するある特定のポリペプチドは、より詳細に後述する通り、それに取り付けられた抗原結合性タンパク質のオリゴマー形成を促進することができるペプチドの一種である。

【０２３９】

特定の実施形態では、オリゴマーは、２から４個の抗原結合性タンパク質を含む。オリゴマーの抗原結合性タンパク質は、上述の形態のいずれか、例えば、バリアントのような、いかなる形態であってもよい。

【０２４０】

一実施形態では、オリゴマーは、免疫グロブリンに由来するポリペプチドを使用して調製される。抗体由来ポリペプチド（Ｆｃドメインを含む）の様々な部分に融合されたある特定の異種ポリペプチドを含む融合タンパク質の調製は、例えば、Ａｓｈｋｅｎａｚｉら、１９９１、ＰＮＡＳ ＵＳＡ ８８：１０５３５頁；Ｂｙｒｎら、１９９０、Ｎａｔｕｒｅ ３４４：６７７頁；およびＨｏｌｌｅｎｂａｕｇｈら、１９９２「Ｃｏｎｓｔｒｕｃｔｉｏｎ ｏｆ Ｉｍｍｕｎｏｇｌｏｂｕｌｉｎ Ｆｕｓｉｏｎ Ｐｒｏｔｅｉｎｓ」、Ｃｕｒｒｅｎｔ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ ｉｎ Ｉｍｍｕｎｏｌｏｇｙ、追補４号、１０．１９．１－１０．１９．１１頁によって記載されている。

【０２４１】

本発明の一実施形態は、抗ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２抗体の抗原結合性断片を抗体のＦｃ領域に融合することにより作製された、２個の融合タンパク質を含む二量体を対象とする。例えば、融合タンパク質をコードする遺伝子融合体を適切な発現ベクターに挿入し、組換え発現ベクターで形質転換された宿主細胞において遺伝子融合体を発現させ、発現された融合タンパク質を抗体分子のようにアセンブルさせると、

Ｆｃ部分間に鎖間ジスルフィド結合が形成されて、二量体を生じることにより、二量体を作製することができる。

【０２４２】

用語「Ｆｃポリペプチド」は、本明細書で使用される場合、抗体のＦｃ領域に由来するネイティブおよびムテイン形態のポリペプチドを含む。二量体化を促進するヒンジ領域を含有するトランケートされた形態のこのようなポリペプチドも含まれる。Ｆｃ部分を含む融合タンパク質（およびこれらから形成されたオリゴマー）は、プロテインＡまたはプロテインＧカラム上の親和性クロマトグラフィーによる手軽な精製の利点を提供する。

【０２４３】

ＰＣＴ出願ＷＯ９３／１０１５１（参照により本明細書に組み込む）に記載されている好適なＦｃポリペプチドの１種は、ヒトＩｇＧ１抗体のＦｃ領域のＮ末端ヒンジ領域からネイティブＣ末端へと延長する単鎖ポリペプチドである。別の有用なＦｃポリペプチドは、米国特許第５，４５７，０３５号およびＢａｕｍら、１９９４、ＥＭＢＯ Ｊ．１３：３９９２－４００１頁に記載されているＦｃムテインである。このムテインのアミノ酸配列は、アミノ酸１９がＬｅｕからＡｌａに変化し、アミノ酸２０がＬｅｕからＧｌｕに変化し、アミノ酸２２がＧｌｙからＡｌａに変化したことを除いて、ＷＯ９３／１０１５１に示されているネイティブＦｃ配列のものと同一である。このムテインは、Ｆｃ受容体に対する親和性低下を示す。

【０２４４】

一部の実施形態では、所望の抗体の重鎖および／または軽鎖の可変部分が、抗体重鎖および／または軽鎖の可変部分に代えて置換されていてもよい。

【０２４５】

代わりに、オリゴマーは、ペプチドリンカー（スペーサーペプチド）ありまたはなしで、複数の抗原結合性タンパク質を含む融合タンパク質である。好適なペプチドリンカーのいくつかは、米国特許第４，７５１，１８０号および同第４，９３５，２３３号に記載されている。

【０２４６】

オリゴマー抗原結合性タンパク質を調製するための別の方法は、ロイシンジッパーの使用を含む。ロイシンジッパードメインは、これが存在するタンパク質のオリゴマー形成を促進するペプチドである。ロイシンジッパーは本来、いくつかのＤＮＡ結合タンパク質において同定されており（Ｌａｎｄｓｃｈｕｌｚら、１９８８、Ｓｃｉｅｎｃｅ ２４０：１７５９頁）、それ以来、種々の異なるタンパク質において見出されている。公知のロイシンジッパーの１種は、二量体化または三量体化した、天然起源のペプチドおよびその誘導体である。可溶性オリゴマータンパク質の産生に適したロイシンジッパードメインの例は、ＰＣＴ出願ＷＯ９４／１０３０８に記載されており、肺サーファクタントタンパク質Ｄ（ＳＰＤ）に由来するロイシンジッパーは、Ｈｏｐｐｅら、１９９４、ＦＥＢＳ Ｌｅｔｔｅｒｓ ３４４：１９１頁に記載されており、これらの文献は、参照により本明細書に組み込む。融合した異種タンパク質の安定な三量体化を可能にする修飾されたロイシンジッパーの使用は、Ｆａｎｓｌｏｗら、１９９４、Ｓｅｍｉｎ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．６：２６７－７８頁に記載されている。１つのアプローチにおいて、ロイシンジッパーペプチドに融合された所望の抗体断片または誘導体を含む組換え融合タンパク質が、好適な宿主細胞において発現され、形成された可溶性オリゴマー抗体断片または誘導体が、培養上清から回収される。

【０２４７】

別の実施形態では、抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）は、その半減期を増強するための好適な媒体にコンジュゲートされていてもよい。好適な媒体として、Ｆｃ、アルブミン、トランスフェリンその他が挙げられるがこれらに限定されない。上述および他の好適な媒体は、本技術分野で公知である。このようなコンジュゲートされたＣＤＲペプチドは、単量体、二量体、四量体または他の形態となり得る。一実施形態では、１個以上の水溶性ポリマーは、結合剤の１個以上の特異的な位置、例えば、アミノ末端において結合さ

れる。一例では、抗体誘導体は、ポリエチレングリコール、ポリオキシエチレングリコールまたはポリプロピレングリコールが挙げられるがこれらに限定されない、取り付けられた１個以上の水溶性ポリマーを含む。例えば、米国特許第４，６４０，８３５号、同第４，４９６，６８９号、同第４，３０１，１４４号、同第４，６７０，４１７号、同第４，７９１，１９２号および同第４，１７９，３３７号を参照されたい。ある特定の実施形態では、誘導体は、モノメトキシ－ポリエチレングリコール、デキストラン、セルロースまたは他の炭水化物に基づくポリマー、ポリ－（Ｎ－ビニルピロリドン）－ポリエチレングリコール、プロピレングリコールホモポリマー、ポリプロピレンオキシド／エチレンオキシドコポリマー、ポリオキシエチル化ポリオール（例えば、グリセロール）およびポリビニルアルコールならびにこのようなポリマーの混合物のうち１種以上を含む。ある特定の実施形態では、１個以上の水溶性ポリマーは、１個以上の側鎖にランダムに取り付けられる。ある特定の実施形態では、ＰＥＧは、抗体のような結合剤の治療能力を改善するように作用することができる。ある特定のこのような方法は、例えば、任意の目的のため参照により本明細書に組み込む米国特許第６，１３３，４２６号に記述されている。ある特定の実施形態では、本発明の抗体は、ポリマー、脂質または他の部分と化学的に結合されていてもよい。

【０２４８】

抗原結合性タンパク質をコードする核酸

別の実施形態では、本発明は、本発明の抗原結合性タンパク質をコードする単離された核酸分子を提供する。加えて、核酸を含むベクター、核酸を含む細胞、および本発明の抗原結合性タンパク質を作製する方法が提供される。核酸は、例えば、抗原結合性タンパク質の全体または一部、例えば、本発明の抗体の一方または両方の鎖、またはその断片、誘導体、ムテインもしくはバリアントをコードするポリヌクレオチド、ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを同定、解析、突然変異または増幅するための、ハイブリダイゼーションプローブ、ＰＣＲプライマーまたは配列決定プライマーとしての使用に十分なポリヌクレオチド、ポリヌクレオチドの発現を阻害するためのアンチセンス核酸、および前述の相補的配列を含む。核酸は、所望の使用または機能の必要に応じていかなる長さであってもよく、１つ以上の追加的な配列、例えば、調節配列を含むことができる、および／またはより大型の核酸、例えば、ベクターの一部であってもよい。核酸は、一本鎖であっても二本鎖であってもよく、ＲＮＡおよび／またはＤＮＡヌクレオチドならびにこれらの人工バリアント（例えば、ペプチド核酸）を含むことができる。

【０２４９】

抗体ポリペプチド（例えば、重鎖または軽鎖の可変ドメインのみまたは全長）をコードする核酸は、抗原により免疫化されたマウスのＢ細胞から単離することができる。核酸は、ポリメラーゼ連鎖反応（ＰＣＲ）のような従来手順によって単離することができる。

【０２５０】

重鎖および軽鎖可変領域の可変領域をコードする核酸配列は、本明細書に含まれる。当業者であれば、遺伝暗号の縮重により、本明細書に開示されているポリペプチド配列のそれぞれが、多数の他の核酸配列によってコードされることを理解するであろう。本発明は、本発明の各抗原結合性タンパク質をコードする各縮重ヌクレオチド配列を提供する。

【０２５１】

本発明は、特定のハイブリダイゼーション条件下で他の核酸にハイブリダイズする核酸をさらに提供する。核酸をハイブリダイズさせるための方法は、本技術分野で周知である。例えば、Ｃｕｒｒｅｎｔ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ、Ｊｏｈｎ Ｗｉｌｅｙ＆Ｓｏｎｓ、Ｎ．Ｙ．（１９８９）、６．３．１－６．３．６頁を参照されたい。本明細書で定義されている通り、例えば、中程度にストリンジェントなハイブリダイゼーション条件は、５×塩化ナトリウム／クエン酸ナトリウム（ＳＳＣ）、０．５％ＳＤＳ、１．０ｍＭ ＥＤＴＡ（ｐＨ８．０）を含有する予洗溶液、約５０％ホルムアミド、６×ＳＳＣのハイブリダイゼーションバッファー、および５５℃のハイブリダイゼーション温度（または約５０％ホルムアミドを含有する溶液のような他の同様

のハイブリダイゼーション溶液と、４２℃のハイブリダイゼーション温度）、および６０℃、０．５×ＳＳＣ、０．１％ＳＤＳにおける洗浄条件を使用する。ストリンジェントなハイブリダイゼーション条件は、４５℃で６×ＳＳＣにおいてハイブリダイズし、続いて６８℃で０．１×ＳＳＣ、０．２％ＳＤＳにおける１回以上の洗浄を行う。さらに、当業者は、典型的には、互いに少なくとも６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、９８または９９％同一であるヌクレオチド配列を含む核酸が互いにハイブリダイズを保ち続けるように、ハイブリダイゼーションおよび／または洗浄条件を操作して、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーを増加または減少させることができる。ハイブリダイゼーション条件の選択に影響を与える基本的パラメータ、および好適な条件を考案するためのガイダンスは、例えば、Ｓａｍｂｒｏｏｋ、ＦｒｉｔｓｃｈおよびＭａｎｉａｔｉｓ（１９８９、Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｃｌｏｎｉｎｇ： Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ、Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｐｒｅｓｓ、Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ、Ｎ．Ｙ．、第９および１１章；およびＣｕｒｒｅｎｔ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ、１９９５、Ａｕｓｕｂｅｌら編、Ｊｏｈｎ Ｗｉｌｅｙ＆Ｓｏｎｓ、Ｉｎｃ．、セクション２．１０および６．３－６．４）によって記されており、例えば、ＤＮＡの長さおよび／または塩基組成に基づき、当業者によって容易に決定され得る。変化は、突然変異によって核酸に導入することができ、これにより、これがコードするポリペプチド（例えば、抗原結合性タンパク質）のアミノ酸配列に変化をもたらす。突然変異は、本技術分野で公知の任意の技法を使用して導入され得る。一実施形態では、１個以上の特定のアミノ酸残基は、例えば、部位指定突然変異誘発プロトコールを使用して変化させられる。別の実施形態では、１個以上のランダムに選択された残基は、例えば、ランダム突然変異誘発プロトコールを使用して変化させられる。これがどのような方法で作製されるにしても、突然変異体ポリペプチドは、発現されて、所望の特性に関してスクリーニングされ得る。

【０２５２】

核酸がコードするポリペプチドの生物活性を有意に変更することなく、突然変異が核酸に導入されてもよい。例えば、必須でないアミノ酸残基にアミノ酸置換をもたらすヌクレオチド置換を作製することができる。一実施形態では、本発明の抗体またはその所望の断片、バリアントもしくは誘導体の本明細書に提供されているヌクレオチド配列は、本発明の抗体の軽鎖または本発明の抗体の重鎖に関して本明細書に示されている、２つ以上の配列が異なっている場所であるアミノ酸残基の１個以上の欠失または置換を含む、アミノ酸配列をコードするように突然変異されている。別の実施形態では、突然変異誘発は、本発明の抗体の軽鎖または本発明の抗体の重鎖に関して本明細書に示されている、２つ以上の配列が異なっている場所である１個以上のアミノ酸残基に隣接して、アミノ酸を挿入する。あるいは、コードするポリペプチドの生物活性を選択的に変化させる、１個以上の突然変異が核酸に導入されてもよい。

【０２５３】

別の実施形態では、本発明は、本発明のポリペプチドまたはその部分をコードする核酸を含むベクターを提供する。ベクターの例として、プラスミド、ウイルスベクター、非エピソーム哺乳動物ベクターおよび発現ベクター、例えば、組換え発現ベクターが挙げられるがこれらに限定されない。

【０２５４】

本発明の組換え発現ベクターは、宿主細胞における核酸の発現に好適な形態の本発明の核酸を含むことができる。組換え発現ベクターは、発現させようとする核酸配列に作動可能に連結した、発現に使用される宿主細胞に基づいて選択された１個以上の調節配列を含む。調節配列は、多くの種類の宿主細胞においてヌクレオチド配列の構成的発現を方向づける配列（例えば、ＳＶ４０初期遺伝子エンハンサー、ラウス肉腫ウイルスプロモーターおよびサイトメガロウイルスプロモーター）、ある特定の宿主細胞においてのみヌクレオチド配列の発現を方向づける配列（例えば、組織特異的調節配列、参照によりそれらの全体を本明細書に組み込むＶｏｓｓら、１９８６、Ｔｒｅｎｄｓ Ｂｉｏｃｈｅｍ．Ｓｃｉ

．１１：２８７頁、Ｍａｎｉａｔｉｓら、１９８７、Ｓｃｉｅｎｃｅ ２３６：１２３７頁を参照）、および特定の処理または条件に応答したヌクレオチド配列の誘導性発現を方向づける配列（例えば、哺乳動物細胞におけるメタロチオネインプロモーターならびに原核生物および真核生物系の両方におけるｔｅｔ応答性および／またはストレプトマイシン応答性プロモーター（ｉｄ．参照））を含む。当業者であれば、発現ベクターの設計が、形質転換しようとする宿主細胞の選択、所望のタンパク質の発現のレベル等のような因子に依存し得ることが理解できよう。本発明の発現ベクターは、宿主細胞に導入されることにより、本明細書に記載されている核酸によってコードされる融合タンパク質またはペプチドを含むタンパク質またはペプチドを、産生することができる。

【０２５５】

別の実施形態では、本発明は、本発明の組換え発現ベクターが導入された宿主細胞を提供する。宿主細胞は、任意の原核細胞または真核細胞となり得る。原核宿主細胞は、グラム陰性またはグラム陽性生物、例えば、Ｅ．コリまたは桿菌を含む。高等真核細胞は、昆虫細胞、酵母細胞、および哺乳動物起源の樹立細胞株を含む。好適な哺乳動物宿主細胞株の例として、チャイニーズハムスター卵巣（ＣＨＯ）細胞、または無血清培地において成長するＶｅｇｇｉｅ ＣＨＯおよび関連細胞株（Ｒａｓｍｕｓｓｅｎら、１９９８、Ｃｙｔｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ ２８：３１頁を参照）もしくはＤＨＦＲが欠損したＣＨＯ系統ＤＸＢ－１１（Ｕｒｌａｕｂら、１９８０、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ７７：４２１６－２０頁を参照）のようなその誘導体が挙げられる。さらなるＣＨＯ細胞株は、ＣＨＯ－Ｋ１（ＡＴＣＣ＃ＣＣＬ－６１）、ＥＭ９（ＡＴＣＣ＃ＣＲＬ－１８６１）およびＵＶ２０（ＡＴＣＣ＃ＣＲＬ－１８６２）を含む。さらなる宿主細胞は、サル腎臓細胞のＣＯＳ－７系列（ＡＴＣＣ ＣＲＬ １６５１）（Ｇｌｕｚｍａｎら、１９８１、Ｃｅｌｌ ２３：１７５頁を参照）、Ｌ細胞、Ｃ１２７細胞、３Ｔ３細胞（ＡＴＣＣ ＣＣＬ １６３）、ＡＭ－１／Ｄ細胞（米国特許第６，２１０，９２４号に記載）、ＨｅＬａ細胞、ＢＨＫ（ＡＴＣＣ ＣＲＬ １０）細胞株、アフリカミドリザル腎臓細胞株ＣＶ１に由来するＣＶ１／ＥＢＮＡ細胞株（ＡＴＣＣ ＣＣＬ ７０）（ＭｃＭａｈａｎら、１９９１、ＥＭＢＯ Ｊ．１０：２８２１頁を参照）、２９３、２９３ ＥＢＮＡまたはＭＳＲ ２９３のようなヒト胎児由来腎臓細胞、ヒト上皮Ａ４３１細胞、ヒトＣｏｌｏ２０５細胞、他の形質転換霊長類細胞株、正常二倍体細胞、一次組織、一次外植片のインビトロ培養に由来する細胞系統、ＨＬ－６０、Ｕ９３７、ＨａＫまたはＪｕｒｋａｔ細胞を含む。細菌、真菌、酵母および哺乳動物細胞宿主による使用に適切なクローニングおよび発現ベクターは、Ｐｏｕｗｅｌｓら（Ｃｌｏｎｉｎｇ Ｖｅｃｔｏｒｓ： Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ、Ｅｌｓｅｖｉｅｒ、Ｎｅｗ Ｙｏｒｋ、１９８５）によって記載されている。

【０２５６】

ベクターＤＮＡは、従来の形質転換またはトランスフェクション技法により原核または真核細胞に導入することができる。使用されている発現ベクターおよびトランスフェクション技法に応じて、ごく一部分の細胞が、哺乳動物細胞の安定的なトランスフェクションのために、そのゲノム内に外来性ＤＮＡを組み込むことができることが知られている。このような組み込み体を同定および選択するために、選択可能マーカーをコードする遺伝子（例えば、抗生物質に対する抵抗性の遺伝子）が、一般的に、目的の遺伝子と共に宿主細胞に導入される。さらなる選択可能マーカーは、Ｇ４１８、ハイグロマイシンおよびメトトレキセートのような薬物に対する抵抗性を付与するマーカーを含む。導入核酸を安定的にトランスフェクトされた細胞は、いくつかある方法の中でもとりわけ、薬物選択によって同定することができる（例えば、選択可能マーカー遺伝子を取り込んだ細胞は生存するが、他の細胞は死ぬ）。

【０２５７】

形質転換細胞は、ポリペプチドの発現を促進する条件下で培養され得、ポリペプチドは、従来のタンパク質精製手順によって回収される。本明細書における使用が考慮されるポリペプチドは、混入内因性材料を実質的に含まない、実質的に均一な組換え哺乳動物抗体

ポリペプチドを含む。
【０２５８】
本発明の抗原結合性タンパク質をコードする核酸を含有する細胞は、ハイブリドーマも含む。ハイブリドーマの産生および培養は、上の抗体セクションに記述されている。
【０２５９】
一部の実施形態（ｅｍｏｂｏｄｉｍｅｎｔ）では、本明細書に記載されている核酸分子を含むベクターが提供される。一部の実施形態では、本発明は、本明細書に記載されている核酸分子を含む宿主細胞を含む。
【０２６０】
一部の実施形態（ｅｍｏｂｏｄｉｍｅｎｔ）では、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質をコードする核酸分子が提供される。
【０２６１】
一部の実施形態（ｅｍｏｂｏｄｉｍｅｎｔ）では、本明細書に記載されている少なくとも１種の抗原結合性タンパク質を含む医薬組成物が提供される。
【０２６２】
抗原結合性タンパク質産生
本発明の抗原結合性タンパク質は、タンパク質（例えば、抗体）の合成のための本技術分野で公知の任意の方法によって、特に、化学合成によって、または好ましくは組換え発現技法によって、産生することができる。
【０２６３】
抗原結合性タンパク質の組換え発現は、抗原結合性タンパク質をコードするポリヌクレオチドを含有する発現ベクターの構築を必要とする。一旦、抗原結合性タンパク質分子をコードするポリヌクレオチドが得られたら、抗原結合性タンパク質の産生のためのベクターを、組換えＤＮＡ技術によって生成することができる。抗原結合性タンパク質コード配列ならびに適切な転写および翻訳制御シグナルを含有する、発現ベクターが、構築される。そのような方法は、例えば、インビトロ組換えＤＮＡ技法、合成技法およびインビボ遺伝的組換えを含む。
【０２６４】
発現ベクターは、従来技法によって宿主細胞に移入され、続いて、トランスフェクトされた細胞は、従来技法によって培養されて、本発明の抗原結合性タンパク質を産生する。本発明の一実施形態では、抗体の重鎖および軽鎖の両方をコードするベクターは、下に詳述する通り、免疫グロブリン分子全体の発現のため、宿主細胞において同時発現させることができる。
【０２６５】
種々の宿主－発現ベクター系は、本発明の抗原結合性タンパク質の発現に利用することができる。このような宿主－発現系は、目的のコード配列が産生され、その後に精製され得る媒体を表すが、適切なヌクレオチドコード配列により形質転換またはトランスフェクトされたときに、ｉｎ　ｓｉｔｕで本発明の抗体分子を発現し得る細胞も表す。一般的に、Ｅ．コリのような細菌細胞および真核細胞が、組換え抗体分子の発現、特に、組換え抗体分子全体の発現に使用される。例えば、ヒトサイトメガロウイルス由来の主要中間初期遺伝子プロモーター（ｍａｊｏｒ　ｉｎｔｅｒｍｅｄｉａｔｅ　ｅａｒｌｙ　ｇｅｎｅ　ｐｒｏｍｏｔｅｒ）エレメントのようなベクターと併せた、チャイニーズハムスター卵巣細胞（ＣＨＯ）のような哺乳動物細胞が、抗体に有効な発現系である（Ｆｏｅｃｋｉｎｇら、Ｇｅｎｅ　４５：１０１頁（１９８６）；Ｃｏｃｋｅｔｔら、Ｂｉｏ／Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ　８：２頁（１９９０））。
【０２６６】
加えて、挿入された配列の発現をモジュレートする、または所望の特異的な様式で遺伝子産物を修飾およびプロセシングする宿主細胞系統を選ぶことができる。タンパク質産物のそのような修飾（例えば、グリコシル化）およびプロセシング（例えば、切断）は、タンパク質の機能に重要となり得る。様々な宿主細胞が、タンパク質および遺伝子産物の翻

訳後プロセシングおよび修飾のための、特徴および特異的な機構を有している。適切な細胞株または宿主系は、発現された外来性タンパク質の正確な修飾およびプロセシングを確実にするために、選ぶことができる。この目的のため、一次転写物の適切なプロセシング、遺伝子産物のグリコシル化およびリン酸化のための細胞機構を保有する、真核宿主細胞を、使用することができる。そのような哺乳動物宿主細胞として、ＣＨＯ、ＣＯＳ、２９３、３Ｔ３または骨髄腫細胞が挙げられるが、これらに限定されない。

【０２６７】

組換えタンパク質の長期にわたる高収率の産生のため、安定した発現が好ましい。例えば、抗体分子を安定的に発現する細胞株を、遺伝子操作することができる。ウイルス複製起点を含有する発現ベクターを使用するよりもむしろ、適切な発現制御エレメント（例えば、プロモーター、エンハンサー配列、転写ターミネーター、ポリアデニル化部位等）および選択可能マーカーによって制御されたＤＮＡにより、宿主細胞を形質転換することができる。外来性ＤＮＡの導入後に、遺伝子操作された細胞を濃縮培地において１－２日間成長させ、続いて、選択的培地に切り換えることができる。組換えプラスミドにおける選択可能マーカーは、選択に対する抵抗性を付与し、細胞がその染色体にプラスミドを安定的に組み込むことを可能にし、増殖巣（ｆｏｃｉ）を形成するように増殖させ、次いでこれをクローニングし、細胞株へと増やすことができる。この方法は、抗体分子を発現する細胞株を遺伝子操作するように有利に使用することができる。このような遺伝子操作された細胞株は、抗体分子と直接的にまたは間接的に相互作用する化合物のスクリーニングおよび評価において、特に有用となり得る。

【０２６８】

単純ヘルペスウイルスチミジンキナーゼ（Ｗｉｇｌｅｒら、Ｃｅｌｌ １１：２２３頁（１９７７））、ヒポキサンチン－グアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ（Ｓｚｙｂａｌｓｋａ＆Ｓｚｙｂａｌｓｋｉ、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ４８：２０２頁（１９９２））およびアデニンホスホリボシルトランスフェラーゼ（Ｌｏｗｙら、Ｃｅｌｌ ２２：８１７頁（１９８０））遺伝子が挙げられるがこれらに限定されない、多数の選択系を使用することができ、これらはそれぞれｔｋ、ｈｇｐｒｔまたはａｐｒｔ－細胞において用いることができる。また、代謝拮抗薬抵抗性は、次の遺伝子の選択の基礎として使用することができる：メトトレキセートに対する抵抗性を付与するｄｈｆｒ（Ｗｉｇｌｅｒら、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ７７：３５７頁（１９８０）；Ｏ’Ｈａｒｅら、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ７８：１５２７頁（１９８１））；ミコフェノール酸に対する抵抗性を付与するｇｐｔ（Ｍｕｌｌｉｇａｎ＆Ｂｅｒｇ、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ７８：２０７２頁（１９８１））；アミノグリコシドＧ－４１８に対する抵抗性を付与するｎｅｏ（ＷｕおよびＷｕ、Ｂｉｏｔｈｅｒａｐｙ ３：８７－９５頁（１９９１））；およびハイグロマイシンに対する抵抗性を付与するｈｙｇｒｏ（Ｓａｎｔｅｒｒｅら、Ｇｅｎｅ ３０：１４７頁（１９８４））。組換えＤＮＡ技術に関する一般的に本技術分野で公知の方法は、所望の組換えクローンの選択にルーチンに適用することができ、このような方法は、例えば、これらの全体を参照により本明細書に組み込む、Ａｕｓｕｂｅｌら（編）、Ｃｕｒｒｅｎｔ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ、Ｊｏｈｎ Ｗｉｌｅｙ＆Ｓｏｎｓ、ＮＹ（１９９３）；Ｋｒｉｅｇｌｅｒ、Ｇｅｎｅ Ｔｒａｎｓｆｅｒ ａｎｄ Ｅｘｐｒｅｓｓｉｏｎ，Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ、Ｓｔｏｃｋｔｏｎ Ｐｒｅｓｓ、ＮＹ（１９９０）；および第１２および１３章、Ｄｒａｃｏｐｏｌｉら（編）Ｃｕｒｒｅｎｔ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ ｉｎ Ｈｕｍａｎ Ｇｅｎｅｔｉｃｓ、Ｊｏｈｎ Ｗｉｌｅｙ＆Ｓｏｎｓ、ＮＹ（１９９４）；Ｃｏｌｂｅｒｒｅ－Ｇａｒａｐｉｎら、Ｊ．Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．１５０：１頁（１９８１）に記載されている。

【０２６９】

抗体分子の発現レベルは、ベクター増幅によって上昇し得る（総説について、ＢｅｂｂｉｎｇｔｏｎおよびＨｅｎｔｓｃｈｅｌ「Ｔｈｅ ｕｓｅ ｏｆ ｖｅｃｔｏｒｓ ｂａｓｅｄ ｏｎ ｇｅｎｅ ａｍｐｌｉｆｉｃａｔｉｏｎ ｆｏｒ ｔｈｅ ｅｘｐｒｅｓｓｉｏ

ｎ ｏ ｆ ｃ ｌｏｎｅｄ ｇｅｎｅｓ ｉｎ ｍａｍｍａｌｉａｎ ｃｅｌｌｓ」（ＤＮＡ Ｃｌｏｎｉｎｇ、３巻．Ａｃａｄｅｍｉｃ Ｐｒｅｓｓ、Ｎｅｗ Ｙｏｒｋ、１９８７）を参照）。抗体を発現するベクター系におけるマーカーが、増幅可能である場合、宿主細胞の培養物に存在する阻害剤のレベルの増加は、マーカー遺伝子のコピー数を増加させる。増幅された領域が、抗体遺伝子に関連するため、抗体の産生も増加する（Ｃｒｏｕｓｅら、Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．３：２５７頁（１９８３））。

【０２７０】

宿主細胞は、２つの本発明の発現ベクターによりコトランスフェクトすることができ、この場合、例えば、第１のベクターは、抗体重鎖由来のポリペプチドをコードし、第２のベクターは、抗体軽鎖由来のポリペプチドをコードする。２つのベクターは、重鎖および軽鎖ポリペプチドの等しい発現を可能にする同一の選択可能マーカーを含有することができる。あるいは、例えば、抗体重鎖および軽鎖ポリペプチドの両方をコードし、これを発現することができる、単一のベクターを使用することができる。このような状況において、軽鎖を重鎖の前に置くことにより、毒性の遊離重鎖が過剰にならないようにするべきである（Ｐｒｏｕｄｆｏｏｔ、Ｎａｔｕｒｅ ３２２：５２頁（１９８６）；Ｋｏｈｌｅｒ、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ７７：２１９７頁（１９８０））。重鎖および軽鎖のコード配列は、ｃＤＮＡまたはゲノムＤＮＡを含むことができる。

【０２７１】

本発明の抗体分子は、動物によって産生、化学合成または組換えにより発現されたら、免疫グロブリン分子の精製のための本技術分野で公知の任意の方法によって、例えば、クロマトグラフィー（例えば、イオン交換、親和性、特に、プロテインＡ後の特異的抗原に対する親和性による、および分子ふるいクロマトグラフィー）、遠心分離、差次的溶解度またはタンパク質の精製のための他の任意の標準技法によって精製され得る。加えて、本発明の抗体またはその断片は、本明細書に記載されている異種ポリペプチド配列に融合されて、または本技術分野で公知の他の方法を行って、精製を容易にすることができる。

【０２７２】

一部の実施形態では、本発明は、ポリペプチドに組換えにより融合されたかまたは化学的にコンジュゲートされた（共有結合によるコンジュゲーションおよび非共有結合によるコンジュゲーションの両方を含む）抗体を包含する。融合またはコンジュゲートされた本発明の抗体は、精製を容易にするために使用することができる。例えば、Ｈａｒｂｏｒら、上記参照およびＰＣＴ公開ＷＯ９３／２１２３２；ＥＰ４３９，０９５；Ｎａｒａｍｕｒａら、Ｉｍｍｕｎｏｌ．Ｌｅｔｔ．３９：９１－９９頁（１９９４）；米国特許第５，４７４，９８１号；Ｇｉｌｌｉｅｓら、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．８９：１４２８－１４３２頁（１９９２）；Ｆｅｌｌら、Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１４６：２４４６－２４５２頁（１９９１）を参照されたい。

【０２７３】

さらに、本発明の抗体またはその断片は、精製を容易にするペプチドのようなマーカー配列に融合されてもよい。好ましい実施形態では、マーカーアミノ酸配列は、とりわけ、ｐＱＥベクター（ＱＩＡＧＥＮ、Ｉｎｃ．、９２５９ Ｅｔｏｎ Ａｖｅｎｕｅ、Ｃｈａｔｓｗｏｒｔｈ、Ｃａｌｉｆ．、９１３１１）に提供されているタグのようなヘキサ－ヒスチジンペプチドであり、その多くは市販されている。Ｇｅｎｔｚら、Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８６：８２１－８２４頁（１９８９）に記載されている通り、例えば、ヘキサ－ヒスチジンは、融合タンパク質の簡便な精製を提供する。精製に有用な他のペプチドタグとして、インフルエンザ赤血球凝集素タンパク質に由来するエピトープに対応する「ＨＡ」タグ（Ｗｉｌｓｏｎら、Ｃｅｌｌ ３７：７６７頁（１９８４））および「ｆｌａｇ」タグが挙げられるがこれらに限定されない。

【０２７４】

抗体エフェクター機能

一部の実施形態では、本発明は、変更されたエフェクター機能（例えば、減少または増加するエフェクター機能）を有する抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）を提供する。

エフェクター機能を増加させるための方法の非限定例は、米国特許第５，６２４，８２１号、同第６，６０２，６８４号、同第７，０２９，８７２号、米国特許出願公開第２００６／００６７９３０Ａ１号、同第２００５／０２７２１２８Ａ１号、同第２００５／００７９６０５Ａ１号、同第２００５／０１２３５４６Ａ１号、同第２００４／００７２２９０Ａ１号、同第２００６／０２５７３９９Ａ１号、同第２００４／０２６１１４８Ａ１号、同第２００７／００９２５２１号、同第２００６／００４０３２５Ａ１号および同第２００６／００３９９０４Ａ１号ならびに国際特許出願公開番号ＷＯ０４／０２９２０７、ＷＯ０３０１１８７８、ＷＯ０５０４４８５９、ＷＯ０６０７１８５６およびＷＯ０６０７１２８０に見出すことができる。

【０２７５】

エフェクター機能を変更できるように抗体のＦｃ領域を遺伝子操作する方法は、本技術分野で公知である（例えば、米国特許出願公開第２００４０１８５０４５号およびＰＣＴ公開番号ＷＯ２００４／０１６７５０、両者共にＫｏｅｎｉｇら、これらは、ＦＣガンマＲＩＩＡに対する結合親和性と比較して、ＦｃガンマＲＩＩＢに対する結合親和性を増強するためのＦｃ領域の変更について記載する；ＰＣＴ公開番号ＷＯ９９／５８５７２、Ａｒｍｏｕｒら、ＷＯ９９／５１６４２、Ｉｄｕｓｏｇｉｅら、ならびに米国特許第６，３９５，２７２号、Ｄｅｏらも参照）。ＦｃガンマＲＩＩＢに対する結合親和性を減少するためのＦｃ領域を修飾する方法も本技術分野で公知である（例えば、米国特許出願公開第２００１００３６４５９号およびＰＣＴ公開番号ＷＯ０１／７９２９９、両者共にＲａｖｅｔｃｈら）。野生型Ｆｃ領域と比較して、ＦｃガンマＲＩＩＩＡおよび／またはＦｃガンマＲＩＩＡに対する増強された結合親和性を有するバリアントＦｃ領域を有する修飾された抗体も記載されている（例えば、その開示全体を参照により本明細書に組み込むＰＣＴ公開番号ＷＯ２００４／０６３３５１、Ｓｔａｖｅｎｈａｇｅｎら）。

【０２７６】

変更されたグリコシル化パターンを有する抗体の生成により、抗体エフェクター機能を修飾することもできる。このような変更されたグリコシル化パターンは、望む通りに抗体のＡＤＣＣ能力を増加または減少することが実証されている。このような炭水化物修飾は、例えば、変更されたグリコシル化機構を有する宿主細胞において抗体を発現させることにより達成することができる。変更されたグリコシル化機構を有する細胞は、本技術分野で記載されており、本発明の組換え抗体を発現する宿主細胞として使用し、これにより、変更されたグリコシル化を有する抗体を産生することができる。

【０２７７】

半減期変更

一部の実施形態では、本発明は、インビボで延長された半減期を有する抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）を提供する。特に、本発明は、３日間超、７日間超、１０日間超、１５日間超、２５日間超、３０日間超、３５日間超、４０日間超、４５日間超、２ヶ月間超、３ヶ月間超、４ヶ月間超または５ヶ月間超の、哺乳動物（例えば、ヒトが挙げられるがこれらに限定されない）における半減期を有する抗原結合性タンパク質を提供する。

【０２７８】

インビボで抗原結合性タンパク質（例えば、モノクローナル抗体）または抗体断片（例えば、Ｆａｂ断片）の血清循環を延長するために、例えば、高分子量ポリエチレングリコール（ＰＥＧ）のような不活性ポリマー分子を、抗体のＮもしくはＣ末端へのＰＥＧの部位特異的コンジュゲーションにより、またはリシン残基に存在するイプシロン－アミノ基を介して、多機能性リンカーによりもしくはこれを用いずに、抗体（その抗体断片を含む）に取り付けることができる。生物活性損失を最小にする、直鎖状または分枝状のポリマー誘導体化が、使用される。ＳＤＳ－ＰＡＧＥおよび質量分析によってコンジュゲーションの程度を密接にモニタリングし、抗原結合性タンパク質へのＰＥＧ分子の適切なコンジュゲーションを確実にすることができる。未反応のＰＥＧを、分子ふるいまたはイオン交換クロマトグラフィーによって抗原結合性タンパク質－ＰＥＧコンジュゲートから分離することができる。ＰＥＧ誘導体化された抗原結合性タンパク質を、当業者に知られた方法

を使用して、例えば、本明細書に記載されているイムノアッセイによって、結合活性およびインビボ有効性に関して検査することができる。

【０２７９】

ある特定の実施形態では、インビボで延長した半減期を有する抗体は、ＩｇＧ定常ドメインまたはそのＦｃＲｎ結合断片（例えば、ＦｃまたはヒンジＦｃドメイン断片）に１個以上のアミノ酸修飾（すなわち、置換、挿入または欠失）を導入することにより生成することもできる。例えば、これらそれぞれの全体を参照により本明細書に組み込む、国際公開番号ＷＯ９８／２３２８９；国際公開番号ＷＯ９７／３４６３１；および米国特許第６，２７７，３７５号を参照されたい。

【０２８０】

コンジュゲート

一部の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質の共有結合修飾は、本発明の範囲内に含まれる。適用可能であれば、抗原結合性タンパク質の化学合成または酵素もしくは化学的切断によって、これを作製することができる。抗原結合性タンパク質の他の種類の共有結合修飾は、抗体の標的とするアミノ酸残基を、選択された側鎖またはＮもしくはＣ末端残基と反応可能な有機誘導体化剤と反応させることにより、分子に導入される。

【０２８１】

システイニル残基は、最も一般的には、クロロ酢酸またはクロロアセトアミドのようなアルファ－ハロアセテート（および対応するアミン）と反応して、カルボキシメチルまたはカルボキシアミドメチル誘導体を生じる。同様に、ヨード試薬を使用することもできる。システイニル残基も、ブロモトリフルオロアセトン、アルファ－ブロモ－ベータ－（５－イミダゾリル）プロピオン酸、クロロアセチルホスフェート、Ｎ－アルキルマレイミド、３－ニトロ－２－ピリジルジスルフィド、メチル２－ピリジルジスルフィド、ｐ－クロロ水銀安息香酸（ｃｈｌｏｒｏｍｅｒｃｕｒｉｂｅｎｚｏａｔｅ）、２－クロロ水銀－４－ニトロフェノールまたはクロロ－７－ニトロベンゾ－２－オキサ－１，３－ジアゾールとの反応によって誘導体化される。

【０２８２】

ヒスチジル残基は、ｐＨ５．５－７．０におけるジエチルピロカルボネートとの反応によって誘導体化されるが、その理由は、この薬剤が、ヒスチジル側鎖に相対的に特異的であるがゆえである。パラ－ブロモフェナシルブロミドも有用である；この反応は、好ましくは、ｐＨ６．０の０．１Ｍカコジル酸ナトリウムにおいて行われる。

【０２８３】

リシルおよびアミノ末端残基は、コハク酸または他のカルボン酸無水物と反応する。これらの薬剤による誘導体化は、リシニル残基の電荷を逆転する効果を有する。．アルファ．－アミノ含有残基および／またはｅ－アミノ含有残基の誘導体化に好適な他の試薬は、メチルピコリンイミデートのようなイミドエステル、ピリドキサールホスフェート、ピリドキサール、クロロ水素化ホウ素、トリニトロベンゼンスルホン酸、Ｏ－メチルイソウレア、２，４－ペンタンジオン、およびグリオキシル酸塩とのトランスアミナーゼ触媒反応を含む。

【０２８４】

アルギニル残基は、１種または数種の従来の試薬、中でも、フェニルグリオキサール、２，３－ブタンジオン、１，２－シクロヘキサンジオンおよびニンヒドリンとの反応によって修飾される。アルギニル残基の誘導体化は一般に、グアニジン官能基の高ｐＫａのため、反応がアルカリ性条件において行われることを必要とする。さらに、これらの試薬は、リシンのイプシロン－アミノ基およびアルギニンイプシロン－アミノ基と反応することができる。

【０２８５】

チロシル残基の特異的修飾は、芳香族ジアゾニウム化合物またはテトラニトロメタンとの反応によるチロシル残基へのスペクトル標識の導入に特に関心を持って、行われ得る。最も一般的に、Ｎ－アセチルイミダゾールおよびテトラニトロメタンが使用されて、それ

ぞれＯ－アセチルチロシル種および３－ニトロ誘導体を形成する。チロシル残基は、Ｉ１２５またはＩ１３１を使用してヨウ素化されて、ラジオイムノアッセイにおける使用のための標識されたタンパク質を調製する。

【０２８６】

カルボキシル側基（アスパルチルまたはグルタミル）は、カルボジイミド（Ｒ－Ｎ＝＝Ｃ＝＝Ｎ－Ｒ’）との反応によって選択的に修飾され、式中、ＲおよびＲ’は、１－シクロヘキシル－３－（２－モルフォリニル－４－エチル）カルボジイミドまたは１－エチル－３－（４－アゾニア－４，４－ジメチルペンチル）カルボジイミドのような異なるアルキル基である。さらに、アスパルチルおよびグルタミル残基は、アンモニウムイオンとの反応によってアスパラギニルおよびグルタミニル残基に変換される。

【０２８７】

グルタミニルおよびアスパラギニル残基は、高頻度で脱アミドされて、それぞれ対応するグルタミルおよびアスパルチル残基となる。これらの残基は、中性または塩基性条件下で脱アミドされる。これらの残基の脱アミド形態は、本発明の範囲内に収まる。

【０２８８】

他の修飾は、プロリンおよびリシンのヒドロキシル化、セリルまたはスレオニル残基のヒドロキシル基のリン酸化、リシン、アルギニンおよびヒスチジン側鎖の．アルファ．－アミノ基のメチル化（Ｔ．Ｅ．Ｃｒｅｉｇｈｔｏｎ、Ｐｒｏｔｅｉｎｓ： Ｓｔｒｕｃｔｕｒｅ ａｎｄ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｐｒｏｐｅｒｔｉｅｓ、Ｗ．Ｈ．Ｆｒｅｅｍａｎ＆Ｃｏ．、Ｓａｎ Ｆｒａｎｃｉｓｃｏ、７９－８６頁（１９８３））、Ｎ末端アミンのアセチル化、ならびに任意のＣ末端カルボキシル基のアミド化を含む。

【０２８９】

別の種類の共有結合修飾は、抗体へのグリコシドの化学的または酵素によるカップリングを含む。このような手順は、ＮまたはＯ結合型グリコシル化のために、グリコシル化能力を有する宿主細胞における抗体の産生を必要としないという点において、有利である。使用されるカップリング機序に応じて、糖（複数可）は、（ａ）アルギニンおよびヒスチジン、（ｂ）遊離カルボキシル基、（ｃ）システインの遊離スルフヒドリル基のような遊離スルフヒドリル基、（ｄ）セリン、スレオニンもしくはヒドロキシプロリンの遊離ヒドロキシル基のような遊離ヒドロキシル基、（ｅ）フェニルアラニン、チロシンもしくはトリプトファンの芳香族残基のような芳香族残基、または（ｆ）グルタミンのアミド基に取り付けることができる。このような方法は、１９８７年９月１１日に公開されたＷＯ８７／０５３３０、ならびにＡｐｌｉｎおよびＷｒｉｓｔｏｎ、ＣＲＣ Ｃｒｉｔ．Ｒｅｖ．Ｂｉｏｃｈｅｍ．、２５９－３０６頁（１９８１）に記載されている。

【０２９０】

干渉ＲＮＡ

一部の実施形態では、本発明は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２発現に関連する疾患における処置、治療法および予防法のための方法に有用である、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２を標的とするポリヌクレオチド組成物を提供し、これらの方法においては、選択された標的ポリヌクレオチド配列の発現または機能の低下または阻害が望まれる。ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２配列の標的化、ならびにＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２発現の低下に使用することができるポリヌクレオチドの例として、アンチセンスオリゴヌクレオチド、ならびに低分子または小分子干渉ＲＮＡ（ｓｉＲＮＡ）、低分子ヘアピン型ＲＮＡ（ｓｈＲＮＡ）およびマイクロＲＮＡ（ｍｉＲＮＡ）を含むＲＮＡ干渉（ＲＮＡｉ）剤が挙げられるがこれらに限定されない。例えば、米国特許第６，５０６，５５９号；同第８，３９４，６２８号；同第７，０５６，７０４号；同第７，０７８，１９６号；同第６，１０７，０９４号；同第５，８９８，０３１号；同第６，５７３，０９９号；および欧州特許第１，１４４，６２３号を参照されたい。例えば、米国特許出願公開第２０１５／０２５９６８９号；同第２０１５／０１９７７４６号；同第２０１１／００９２５６５号；米国特許第８，８７７，９１７号；同第８，５０７，４５５号；および同第７，５７９，４５１号も参照されたい。

【０２９１】
ある特定の実施形態では、本発明において、哺乳動物細胞における標的ポリヌクレオチド配列（例えば、ＡＳＧＲ－１　ｍＲＮＡ配列、ＡＳＧＲ－２　ｍＲＮＡ配列）の機能または発現を阻害するための組成物は、少なくとも部分的に二本鎖のＲＮＡ分子（例えば、干渉ＲＮＡ分子）を哺乳動物細胞にもたらす薬剤を含む。二本鎖ＲＮＡ分子は、本明細書に記載されているものまたは本技術分野で公知のもののような、リボヌクレオチドのリボース糖、塩基または骨格構成要素に対する修飾を含む、リボヌクレオチドに対する化学修飾を含むことができる。二本鎖ＲＮＡ分子（例えば、ｓｉＲＮＡ、ｓｈＲＮＡその他）において使用される、このような修飾のいずれも、本開示の目的のため、用語「二本鎖ＲＮＡ」によって包含される。よって、一般に、用語「ＲＮＡ」は、他に指定される場合、例えば、リボースの２’－ＯＨ基が特定の連結に必要とされる場合を除いて、１個以上の修飾ヌクレオチド（例えば、リボース環の２’位置に修飾を有するヌクレオチド）を含む、ＲＮＡ－ＤＮＡハイブリッドおよびポリヌクレオチドを含むこともできる。
【０２９２】
一部の実施形態では、部分的に二本鎖のＲＮＡ分子の少なくとも１０％が二本鎖である。代わりに、このようなＲＮＡ分子の二本鎖部分は、分子の長さの少なくとも３０％であってもよい。別の実施形態では、このような分子の二本鎖部分は、分子の長さの少なくとも５０％となることができる。さらに別の実施形態では、このような分子の二本鎖部分は、分子の長さの少なくとも７０％であってもよい。別の実施形態では、このような分子の二本鎖部分は、分子の長さの少なくとも９０％であってもよい。別の実施形態では、分子は、その長さ全体にわたって二本鎖となることができる。代わりに、このような分子の二本鎖部分は、分子が直鎖状である場合、この分子のいずれか一方もしくは両方の末端、またはおよそ中央部分において生じ得る。同様に、分子が環状である場合、二本鎖部分は、いかなる場所に存在してもよい。本発明のある特定の実施形態では、ＲＮＡ分子の二本鎖部分は、分子が哺乳動物細胞内に存在するときのみ二本鎖になる。本発明のさらに他の実施形態では、部分的に二本鎖の分子は、ＲＮＡ／ＤＮＡハイブリッド、例えば、インビトロで調製されたＲＮＡおよびＤＮＡを含む一本鎖；または２本のこのような一本鎖もしくはその部分の二重鎖である。さらに別の実施形態では、インビボまたはインビトロで作製されたＲＮＡ分子は、ＲＮＡ一本鎖およびＤＮＡ一本鎖で構成された二重鎖である。一部の実施形態では、部分的に二本鎖のＲＮＡ分子は、その機能または発現を有効に低下または阻害するために、標的ポリヌクレオチド配列と実質的に相同なポリヌクレオチド配列を含む。必要な相同性は、コンピュータアルゴリズムの使用によって適宜定義することができる。本技術分野で公知の通り、また、本明細書に記述されている通り、「相同性」または「同一性」は、このような配列の２つの長さの間のマッチの同一性によって決定される、２つのポリペプチドまたは２つのポリヌクレオチド配列の間の配列関連性の程度を意味する。同一性および相同性の両方は、先行技術における方法によって直ちに計算することができる［例えば、ＣＯＭＰＵＴＡＴＩＯＮＡＬ　ＭＯＬＥＣＵＬＡＲ　ＢＩＯＬＯＧＹ、Ｌｅｓｋ，Ａ．Ｍ．編、Ｏｘｆｏｒｄ　Ｕｎｉｖｅｒｓｉｔｙ　Ｐｒｅｓｓ、Ｎｅｗ　Ｙｏｒｋ（１９８８）；ＢＩＯＣＯＭＰＵＴＩＮＧ：　ＩＮＦＯＲＭＡＴＩＣＳ　ＡＮＤ　ＧＥＮＯＭＥ　ＰＲＯＪＥＣＴＳ、Ｓｍｉｔｈ，　Ｄ．Ｗ．編、Ａｃａｄｅｍｉｃ　Ｐｒｅｓｓ、Ｎｅｗ　Ｙｏｒｋ（１９９３）；ＣＯＭＰＵＴＥＲ　ＡＮＡＬＹＳＩＳ　ＯＦ　ＳＥＱＵＥＮＣＥ　ＤＡＴＡ，　ＰＡＲＴ　Ｉ、Ｇｒｉｆｆｉｎ，Ａ．Ｍ．およびＧｒｉｆｆｉｎ，Ｈ．Ｇ．編、Ｈｕｍａｎａ　Ｐｒｅｓｓ、Ｎｅｗ　Ｊｅｒｓｅｙ（１９９４）；ＳＥＱＵＥＮＣＥ　ＡＮＡＬＹＳＩＳ　ＩＮ　ＭＯＬＥＣＵＬＡＲ　ＢＩＯＬＯＧＹ、ｖｏｎ　Ｈｅｉｎｊｅ，Ｇ．、Ａｃａｄｅｍｉｃ　Ｐｒｅｓｓ（１９８７）；ならびにＳＥＱＵＥＮＣＥ　ＡＮＡＬＹＳＩＳ　ＰＲＩＭＥＲ、Ｇｒｉｂｓｋｏｖ，Ｍ．およびＤｅｖｅｒｅｕｘ，Ｊ．編、Ｍ　Ｓｔｏｃｋｔｏｎ　Ｐｒｅｓｓ、Ｎｅｗ　Ｙｏｒｋ（１９９１）も参照］。２つのポリヌクレオチド配列の間の同一性および相同性を測定するための多数の方法が存在するが、用語「同一性」、「類似性」および相同性は、当業者に周知である［Ｈ．ＣａｒｉｌｌｏおよびＤ．Ｌｉｐｔｏｎ、ＳＩＡＭ　Ｊ．Ａｐｐｌｉｅｄ　Ｍａｔｈ．、４８：１０

７３頁（１９８８）］。２つの配列間の同一性または相同性の決定に一般的に用いられる方法として、Ｇｕｉｄｅ ｔｏ Ｈｕｇｅ Ｃｏｍｐｕｔｅｒｓ、Ｍａｒｔｉｎ Ｊ．Ｂｉｓｈｏｐ編、Ａｃａｄｅｍｉｃ Ｐｒｅｓｓ、Ｓａｎ Ｄｉｅｇｏ、１９９４ならびにＨ．ＣａｒｉｌｌｏおよびＤ．Ｌｉｐｔｏｎ、ＳＩＡＭ Ｊ．Ａｐｐｌｉｅｄ Ｍａｔｈ．、４８：１０７３頁（１９８８）に開示されている方法が挙げられるがこれらに限定されない。同一性または相同性を決定するための好ましい方法は、検査した２つの配列の間の最大マッチを得るように設計される。同一性および類似性を決定するための方法は、コンピュータプログラムにおいて体系化される。２つの配列間の同一性および相同性を決定するための好ましいコンピュータプログラムとして、ＧＣＧプログラムパッケージ製のアルゴリズムＢＥＳＴＦＩＴ［Ｊ．Ｄｅｖｅｒｅｕｘら、Ｎｕｃｌ．Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ．、１２（１）：３８７頁（１９８４）］、関連するＭＡＣＶＥＣＴＯＲプログラム（Ｏｘｆｏｒｄ）およびＦＡＳＴＡ（Ｐｅａｒｓｏｎ）プログラムが挙げられるがこれらに限定されない。例えば、有意な天然起源の哺乳動物ポリヌクレオチド配列および標的ポリヌクレオチド配列の間のデータベースにおける配列類似性の検索は、本発明における使用に所望の好適なＲＮＡ分子の設計を可能にする。任意の特定のＲＮＡ分子に必要なアルゴリズムおよび／または相同性の程度は、本発明の方法の使用後に正常に機能し続けるようにするために望ましい、任意の天然起源の哺乳動物配列に対する標的の同一性および／または標的配列の相同性の近似性に応じて、当業者によって選択することができる。

【０２９３】

一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２配列の発現または機能を低下させるためのポリヌクレオチド組成物は、ハイブリダイズして二重鎖領域を形成するのに十分に互いに相補的な、隣り合うヌクレオチドの２本の逆平行鎖を含む二本鎖ＲＮＡ分子を含むＲＮＡｉ剤である。「ハイブリダイズする」または「ハイブリダイゼーション」は、典型的に、２つのポリヌクレオチドにおける相補的塩基の間の水素結合（例えば、ワトソン・クリック、フーグスティーンまたは逆フーグスティーン水素結合）による相補的ポリヌクレオチドの対形成を指す。標的配列（例えば、標的ｍＲＮＡ）と実質的に相補的な配列を有する領域を含む鎖は、「アンチセンス鎖」と称される。「センス鎖」は、アンチセンス鎖の領域と実質的に相補的な領域を含む鎖を指す。一部の実施形態では、センス鎖は、標的配列と実質的に同一な配列を有する領域を含むことができる。

【０２９４】

本明細書で使用される場合、第１の配列を含むポリヌクレオチドが、生理的条件のようなある特定の条件下で、第２の配列を含むポリヌクレオチドにハイブリダイズして二重鎖領域を形成することができる場合、第１の配列は、第２の配列と「相補的」である。他のこのような条件は、当業者に知られた、中程度またはストリンジェントなハイブリダイゼーション条件を含むことができる。第１の配列を含むポリヌクレオチドが、いかなるミスマッチもなく、一方または両方のヌクレオチド配列の長さ全体にわたって第２の配列を含むポリヌクレオチドと塩基対形成する場合、第１の配列は、第２の配列と完全に相補的（１００％相補的）であるとみなされる。配列が、標的配列と少なくとも約８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％または１００％相補的である場合、配列は、標的配列と「実質的に相補的」である。パーセント相補性は、第２のまたは標的配列における対応する位置における塩基と相補的な第１の配列における塩基の数を、第１の配列の全体長で割ることによって計算することができる。ある配列と別の配列がハイブリダイズするとき、３０塩基対二重鎖領域にわたって５、４、３または２個以下のミスマッチが存在する場合、これら２つの配列は実質的に相補的であると考えることもできる。一般に、本明細書に定義されている任意のヌクレオチドオーバーハングが存在する場合、このようなオーバーハングの配列は、２つの配列間の相補性の程度の決定において考慮されない。例として、ハイブリダイズして、各鎖の３’端に２ヌクレオチドオーバーハングを有する１９塩基対二重鎖領域を形成する、２１ヌクレオチドの長さのセンス鎖および２１ヌクレオチドの長さのアンチセンス鎖は、この用語が本明細書に使用される場合、完全に相補的であるとみなされる。

【０２９５】
一部の実施形態では、アンチセンス鎖の領域は、標的ＲＮＡ配列（例えば、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２　ｍＲＮＡ）の領域と完全に相補的な配列を含む。このような実施形態では、センス鎖は、アンチセンス鎖の配列と完全に相補的な配列を含むことができる。他のこのような実施形態では、センス鎖は、アンチセンス鎖の配列と実質的に相補的な配列、例えば、センスおよびアンチセンス鎖によって形成される二重鎖領域に１、２、３、４または５個のミスマッチを有する配列を含むことができる。ある特定の実施形態では、任意のミスマッチが、末端領域内（例えば、鎖の５’および／または３’端の６、５、４、３または２ヌクレオチド以内）に生じることが好ましい。一実施形態では、センスおよびアンチセンス鎖から形成された二重鎖領域における任意のミスマッチは、アンチセンス鎖の５’端の６、５、４、３または２ヌクレオチド以内に生じる。
【０２９６】
ある特定の実施形態では、二本鎖ＲＮＡのセンス鎖およびアンチセンス鎖は、ハイブリダイズして二重鎖領域を形成するが、この領域を除いては繋がっていない、２つの別々の分子となることができる。２つの別々の鎖から形成されたこのような二本鎖ＲＮＡ分子は、「小分子干渉ＲＮＡ」または「低分子干渉ＲＮＡ」（ｓｉＲＮＡ）と称される。
【０２９７】
他の実施形態では、ハイブリダイズして二重鎖領域を形成するセンス鎖およびアンチセンス鎖は、単一ＲＮＡ分子の一部となることができる。すなわち、センスおよびアンチセンス鎖は、単一ＲＮＡ分子の自己相補的領域の一部である。そのような場合、単一ＲＮＡ分子は、二重鎖領域（ステム領域とも称される）およびループ領域を含む。センス鎖の３’端は、ループ領域を形成する不対ヌクレオチドの隣り合う配列によってアンチセンス鎖の５’端に接続する。アンチセンス鎖がセンス鎖と塩基対形成して、二重鎖またはステム領域を形成することができるように、ループ領域は典型的に、ＲＮＡ分子が自分自身で折り畳むのに十分な長さのものである。ループ領域は、約３から約２５、約５から約１５または約８から約１２個の不対ヌクレオチドを含むことができる。少なくとも部分的に自己相補的な領域を有するこのようなＲＮＡ分子は、「低分子ヘアピン型ＲＮＡ」（ｓｈＲＮＡ）と称される。単一の、少なくとも部分的に自己相補的なＲＮＡ分子の長さは、約３５ヌクレオチドから約１００ヌクレオチド、約４５ヌクレオチドから約８５ヌクレオチドまたは約５０から約６０ヌクレオチドであってよく、本明細書に列挙されている長さをそれぞれ有する二重鎖領域およびループ領域を含むことができる。
【０２９８】
一部の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、センス鎖およびアンチセンス鎖を含み、アンチセンス鎖は、ＡＳＧＲ－１メッセンジャーＲＮＡ（ｍＲＮＡ）配列および／またはＡＳＧＲ－２　ｍＲＮＡ配列と実質的にまたは完全に相補的な配列を有する領域を含む。本明細書で使用される場合、「ＡＳＧＲ－１　ｍＲＮＡ配列」または「ＡＳＧＲ－２　ｍＲＮＡ配列」は、任意の種（例えば、マウス、ラット、非ヒト霊長類、ヒト）に由来するＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２タンパク質バリアントまたはアイソフォームを含む、ＡＳＧＲ－１タンパク質またはＡＳＧＲ－２タンパク質をコードするスプライスバリアントを含む、任意のメッセンジャーＲＮＡ配列を指す。
【０２９９】
センス鎖およびアンチセンス鎖が、生理的条件下でハイブリダイズして、二重鎖領域を形成するように、二本鎖ＲＮＡ分子のセンス鎖は典型的に、アンチセンス鎖の配列と十分に相補的な配列を含む。「二重鎖領域」は、ワトソン・クリック塩基対形成または他の水素結合相互作用のいずれかにより、互いと塩基対を形成して、２つのポリヌクレオチドの間で二重鎖を作製する、２つの相補的または実質的に相補的なポリヌクレオチドにおける領域を指す。ＲＮＡ分子の二重鎖領域は、例えば、ダイサー酵素および／またはＲＩＳＣ複合体を係合することにより、ＲＮＡ分子をＲＮＡ干渉経路に入れるのに十分な長さのものとなるべきである。例えば、一部の実施形態では、二重鎖領域は、約１５から約３０塩基対の長さである。約１５から約２８塩基対、約１５から約２６塩基対、約１５から約２

４塩基対、約１５から約２２塩基対、約１７から約２８塩基対、約１７から約２６塩基対、約１７から約２４塩基対、約１７から約２３塩基対、約１７から約２１塩基対、約１９から約２５塩基対、約１９から約２３塩基対または約１９から約２１塩基対のような、この範囲内の二重鎖領域の他の長さも適している。一実施形態では、二重鎖領域は、約１７から約２４塩基対の長さである。別の実施形態では、二重鎖領域は、約１９から約２１塩基対の長さである。

【０３００】

センス鎖およびアンチセンス鎖が２種の別々の分子である実施形態（例えば、ＲＮＡｉ剤がｓｉＲＮＡである実施形態）について、センス鎖およびアンチセンス鎖は、二重鎖領域の長さと同じ長さである必要はない。例えば、一方または両方の鎖は、二重鎖領域よりも長くなることができ、二重鎖領域に隣接する１個以上の不対ヌクレオチドまたはミスマッチを有することができる。よって、一部の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、少なくとも１個のヌクレオチドオーバーハングを含む。本明細書で使用される場合、「ヌクレオチドオーバーハング」は、鎖の末端における、不対ヌクレオチドまたは二重鎖領域を越えて延長するヌクレオチドを指す。ヌクレオチドオーバーハングは典型的に、一方の鎖の３’端が、他方の鎖の５’端を越えて延長する場合に、または一方の鎖の５’端が、他方の鎖の３’端を越えて延長する場合に作製される。ヌクレオチドオーバーハングの長さは一般に、１から６ヌクレオチド、１から５ヌクレオチド、１から４ヌクレオチド、１から３ヌクレオチド、２から６ヌクレオチド、２から５ヌクレオチドまたは２から４ヌクレオチドの間である。一部の実施形態では、ヌクレオチドオーバーハングは、１、２、３、４、５または６ヌクレオチドを含む。特定の一実施形態では、ヌクレオチドオーバーハングは、１から４ヌクレオチドを含む。ある特定の実施形態では、ヌクレオチドオーバーハングは、２ヌクレオチドを含む。オーバーハングにおけるヌクレオチドは、本明細書に記載されているリボヌクレオチド、デオキシリボヌクレオチドまたは修飾されたヌクレオチドであってもよい。

【０３０１】

ヌクレオチドオーバーハングは、一方または両方の鎖の５’端または３’端に存在することができる。例えば、一実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、アンチセンス鎖の５’端および３’端にヌクレオチドオーバーハングを含む。別の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、センス鎖の５’端および３’端にヌクレオチドオーバーハングを含む。一部の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、センス鎖の５’端およびアンチセンス鎖の５’端にヌクレオチドオーバーハングを含む。他の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、センス鎖の３’端およびアンチセンス鎖の３’端にヌクレオチドオーバーハングを含む。

【０３０２】

二本鎖ＲＮＡ分子は、分子の一末端に単一ヌクレオチドオーバーハングおよび他の末端に平滑断端を含むことができる。「平滑断端」は、分子の末端においてセンス鎖およびアンチセンス鎖が完全に塩基対形成しており、二重鎖領域を越えて延長する不対ヌクレオチドが存在しないことを意味する。一部の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、センス鎖の３’端にヌクレオチドオーバーハングならびにセンス鎖の５’端
およびアンチセンス鎖の３’端に平滑断端を含む。他の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、アンチセンス鎖の３’端にヌクレオチドオーバーハングならびにアンチセンス鎖の５’端およびセンス鎖の３’端に平滑断端を含む。ある特定の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、二本鎖ＲＮＡ分子の両端に平滑断端を含む。このような実施形態では、センス鎖およびアンチセンス鎖は、同じ長さを有し、二重鎖領域は、センスおよびアンチセンス鎖と同じ長さである（すなわち、分子は、その長さ全体にわたって二本鎖である）。

【０３０３】

センス鎖およびアンチセンス鎖はそれぞれ独立して、約１５から約３０ヌクレオチドの長さ、約１８から約２８ヌクレオチドの長さ、約１９から約２７ヌクレオチドの長さ、約１９から約２５ヌクレオチドの長さ、約１９から約２３ヌクレオチドの長さ、約２１から約２５ヌクレオチドの長さまたは約２１から約２３ヌクレオチドの長さであってもよい。

ある特定の実施形態では、センス鎖およびアンチセンス鎖はそれぞれ、約１８、約１９、約２０、約２１、約２２、約２３、約２４または約２５ヌクレオチドの長さである。一部の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子が、２個のヌクレオチドオーバーハングを有するように、センス鎖およびアンチセンス鎖は、同じ長さを有するが、鎖よりも短い二重鎖領域を形成する。例えば、一実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、（ｉ）それぞれ２１ヌクレオチドの長さであるセンス鎖およびアンチセンス鎖、（ｉｉ）１９塩基対の長さである二重鎖領域、ならびに（ｉｉｉ）センス鎖の３’端およびアンチセンス鎖の３’端の両方における２個の不対ヌクレオチドのヌクレオチドオーバーハングを含む。別の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、（ｉ）それぞれ２３ヌクレオチドの長さであるセンス鎖およびアンチセンス鎖、（ｉｉ）２１塩基対の長さである二重鎖領域、ならびに（ｉｉｉ）センス鎖の３’端およびアンチセンス鎖の３’端の両方における２個の不対ヌクレオチドのヌクレオチドオーバーハングを含む。他の実施形態では、二本鎖分子のどちらの末端にもヌクレオチドオーバーハングが存在しないように、センス鎖およびアンチセンス鎖は、同じ長さを有し、その長さ全体にわたって二重鎖領域を形成する。このような一実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、平滑断端であり、（ｉ）それぞれ２１ヌクレオチドの長さであるセンス鎖およびアンチセンス鎖、ならびに（ｉｉ）２１塩基対の長さである二重鎖領域を含む。別のこのような実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、平滑断端であり、（ｉ）それぞれ２３ヌクレオチドの長さであるセンス鎖およびアンチセンス鎖、ならびに（ｉｉ）２３塩基対の長さである二重鎖領域を含む。

【０３０４】

他の実施形態では、センス鎖またはアンチセンス鎖が他方の鎖よりも長く、短い方の鎖の長さに等しい長さを有する二重鎖領域をこの２つの鎖が形成することにより、二本鎖ＲＮＡ分子が少なくとも１ヌクレオチドオーバーハングを含むようにする。例えば、一実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、（ｉ）１９ヌクレオチドの長さであるセンス鎖、（ｉｉ）２１ヌクレオチドの長さであるアンチセンス鎖、（ｉｉｉ）１９塩基対の長さの二重鎖領域、および（ｉｖ）アンチセンス鎖の３’端における２個の不対ヌクレオチドの単一ヌクレオチドオーバーハングを含む。別の実施形態では、二本鎖ＲＮＡ分子は、（ｉ）２１ヌクレオチドの長さであるセンス鎖、（ｉｉ）２３ヌクレオチドの長さであるアンチセンス鎖、（ｉｉｉ）２１塩基対の長さの二重鎖領域、および（ｉｖ）アンチセンス鎖の３’端における２個の不対ヌクレオチドの単一ヌクレオチドオーバーハングを含む。

【０３０５】

オフターゲット毒性は、医薬製品の開発における絶え間ない懸念である。干渉ＲＮＡ剤には、なんらかの特定の内因性ポリヌクレオチド配列との相同性が存在する可能性があり、それにより、この干渉ＲＮＡを与えた患者に意図されない毒性効果をもたらし得る。したがって、一部の実施形態では、本発明の方法において使用される際に、いかなる必須の天然起源の哺乳動物ポリヌクレオチド配列の機能にも有害に影響しないように、このＲＮＡ分子は、正常に機能しかつ必須である、正常に機能するいかなる哺乳動物ポリヌクレオチド配列とも、実質的に非相同であるポリヌクレオチド配列を、含む。このような天然起源の機能的な哺乳動物ポリヌクレオチド配列は、所望のタンパク質をコードする哺乳動物配列と共に、非コード配列であるが健康な哺乳動物における必須な調節配列をもたらす哺乳動物配列を、含む。好ましくは、本発明の方法において有用なＲＮＡ分子は、標的細胞（例えば、肝臓細胞）において発現されるいかなる哺乳動物ポリヌクレオチド配列とも配列が十分に異なっている必要があり、本発明の方法のいずれかが実施された後にその機能が妨害されないことが意図される。上述の標的配列に対する相同性を決定するために記載されている通り、当業者は、上で同定されたコンピュータアルゴリズムを用いて、ＲＮＡ分子ポリヌクレオチド配列と標的細胞において発現される正常哺乳動物配列との間に相同性が本質的にないことを定義することができる。例えば、特異的な実施形態では、ＲＮＡｉ剤の配列および標的細胞において発現される選択された正常配列の間の相同性は、上述の式の相同性に満たない。一部の実施形態では、ＲＮＡｉ剤の配列と任意の正常哺乳動物配列との間には、相同性がほぼ全くない。

【０３０６】
本発明の方法において使用される二本鎖ＲＮＡ分子は、１個以上の修飾されたヌクレオチドを含むことができる。「修飾されたヌクレオチド」は、ヌクレオシド、核酸塩基、ペントース環またはリン酸基に対する１個以上の化学修飾を有するヌクレオチドを指す。二本鎖ＲＮＡ分子は、修飾されたヌクレオチド、リボヌクレオチドおよびデオキシリボヌクレオチドの組合せを含むことができる。二本鎖ＲＮＡ分子の一方または両方の鎖への修飾されたヌクレオチドの取り込みは、例えば、ヌクレアーゼおよび他の分解プロセスに対する分子の感受性を低下させることにより、ＲＮＡ分子のインビボ安定性を改善することができる。標的遺伝子の発現を低下させるための二本鎖ＲＮＡ分子の効力を、修飾されたヌクレオチドの取り込みによって増強させることもできる。

【０３０７】
ある特定の実施形態では、修飾されたヌクレオチドは、リボース糖の修飾を有する。このような糖修飾は、ペントース環の２’および／または５’位置における修飾を含むことができる。２’－修飾されたヌクレオチドは、ＨまたはＯＨ以外の置換基を２’位置に有するペントース環を有するヌクレオチドを指す。このような２’－修飾として、２’－Ｏ－アルキル（例えば、Ｏ－Ｃ$_1$－Ｃ$_{10}$またはＯ－Ｃ$_1$－Ｃ$_{10}$置換アルキル）、２’－Ｏ－アリル（Ｏ－ＣＨ$_2$ＣＨ＝ＣＨ$_2$）、２’－Ｃ－アリル、２’－フルオロ、２’－Ｏ－メチル（ＯＣＨ$_3$）、２’－Ｏ－メトキシエチル（Ｏ－（ＣＨ$_2$）$_2$ＯＣＨ$_3$）、２’－ＯＣＦ$_3$、２’－Ｏ（ＣＨ$_2$）$_2$ＳＣＨ$_3$、２’－Ｏ－アミノアルキル、２’－アミノ（例えば、ＮＨ$_2$）、２’－Ｏ－エチルアミンおよび２’－アジドが挙げられるがこれらに限定されない。ペントース環の５’位置における修飾として、５’－メチル（ＲまたはＳ）；５’－ビニルおよび５’－メトキシが挙げられるがこれらに限定されない。

【０３０８】
本発明の方法において用いられる二本鎖ＲＮＡ分子は、１個以上の修飾されたヌクレオチド間結合を含むこともできる。本明細書で使用される場合、用語「修飾されたヌクレオチド間結合」は、天然の３’から５’のホスホジエステル結合以外のヌクレオチド間結合を指す。一部の実施形態では、修飾されたヌクレオチド間結合は、ホスホトリエステル、アミノアルキルホスホトリエステル、アルキルホスホネート（例えば、メチルホスホネート、３’－アルキレンホスホネート）、ホスフィン酸塩、ホスホロアミド酸塩（ｐｈｏｓｐｈｏｒａｍｉｄａｔｅ）（例えば、３’－アミノホスホロアミド酸塩およびアミノアルキルホスホロアミド酸塩）、ホスホロチオエート（Ｐ＝Ｓ）、キラルホスホロチオエート、ジチオリン酸塩、チオノホスホロアミド酸塩、チオノアルキルホスホネート、チオノアルキルホスホトリエステルおよびボラノホスフェートのような、亜リン酸含有ヌクレオチド間結合である。一実施形態では、修飾されたヌクレオチド間結合は、２’から５’へのホスホジエステル結合である。他の実施形態では、修飾されたヌクレオチド間結合は、非亜リン酸含有ヌクレオチド間結合であるため、修飾されたヌクレオシド間結合と称される場合がある。このような非亜リン酸含有結合として、モルホリノ結合（一部はヌクレオシドの糖部分から形成される）；シロキサン結合（－Ｏ－Ｓｉ（Ｈ）$_2$－Ｏ－）；スルフィド、スルホキシドおよびスルホン結合；ホルムアセチル（ｆｏｒｍａｃｅｔｙｌ）およびチオホルムアセチル結合；アルケン含有骨格；スルファミン酸塩骨格；メチレンメチルイミノ（－ＣＨ$_2$－Ｎ（ＣＨ$_3$）－Ｏ－ＣＨ$_2$－）およびメチレンヒドラジノ結合；スルホン酸塩およびスルホンアミド結合；アミド結合；ならびに混合されたＮ、Ｏ、ＳおよびＣＨ$_2$構成要素部分を有するその他が挙げられるがこれらに限定されない。一実施形態では、修飾されたヌクレオシド間結合は、米国特許第５，５３９，０８２号；同第５，７１４，３３１号；および同第５，７１９，２６２号に記載されているもののような、ペプチド核酸またはＰＮＡを作製するためのペプチドに基づく結合（例えば、アミノエチルグリシン）である。二本鎖ＲＮＡ分子において用いることができる他の好適な修飾されたヌクレオチド間およびヌクレオシド間結合は、これらの全ての全体を参照により本明細書に組み込む、米国特許第６，６９３，１８７号、米国特許第９，１８１，５５１号、米国特許出願公開第２０１６／０１２２７６１号ならびにＤｅｌｅａｖｅｙおよびＤａｍｈａ、Ｃｈｅｍｉｓｔ

ｒｙ ａｎｄ Ｂｉｏｌｏｇｙ、１９巻：９３７－９５４頁、２０１２に記載されている。
【０３０９】
干渉ＲＮＡ送達
干渉ＲＮＡ化合物は、ＤＮＡワクチンまたは遺伝子療法ベクターのような核酸剤の投与に適した任意の方法によって投与することができる。これらの方法は、遺伝子銃、バイオインジェクターおよび皮膚パッチ、ならびに米国特許第６，１９４，３８９号に開示されている微粒子ＤＮＡワクチン技術のような無針方法、および米国特許第６，１６８，５８７号に開示されている粉末形態のワクチンによる哺乳動物経皮無針ワクチン接種を含む。その上、とりわけ、Ｈａｍａｊｉｍａら（１９９８）Ｃｌｉｎ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．Ｉｍｍｕｎｏｐａｔｈｏｌ．、８８（２）、２０５－１０頁に記載されている通り、鼻腔内送達が可能である。リポソーム（例えば、米国特許第６，４７２，３７５号に記載）およびマイクロカプセル化が使用されてもよい。生分解性標的化可能微粒子送達系が使用されてもよい（例えば、米国特許第６，４７１，９９６号に記載）。
【０３１０】
一実施形態では、インプラントおよびマイクロカプセル化送達系を含む放出制御製剤のような、身体からの迅速な排除から化合物を保護する担体と共に活性化合物が調製される。エチレンビニルアセテート、ポリ酸無水物、ポリグリコール酸、コラーゲン、ポリオルトエステルおよびポリ乳酸のような、生分解性の生体適合性ポリマーが使用されてもよい。このような製剤は、標準技法を使用して調製することができる。材料は、例えば、Ａｌｚａ ＣｏｒｐｏｒａｔｉｏｎおよびＮｏｖａ Ｐｈａｒｍａｃｅｕｔｉｃａｌｓ、Ｉｎｃ．から商業的に得ることもできる。リポソーム懸濁液は、医薬として許容される担体として使用することもできる。これらは、当業者に知られた方法に従って、例えば、米国特許第４，５２２，８１１号に記載されている通りに調製することができる。
【０３１１】
干渉ＲＮＡ分子は、１個以上の炭水化物部分にコンジュゲートして、干渉ＲＮＡ分子の１種以上の特性を最適化することができる。多くの場合、炭水化物部分は、干渉ＲＮＡ分子の修飾されたサブユニットに、または干渉ＲＮＡ分子の鎖の一方の５’もしくは３’端に取り付けられてもよい。例えば、干渉ＲＮＡ分子の１個以上のリボヌクレオチドサブユニットのリボース糖は、炭水化物部分を取り付けた別の部分、例えば、非炭水化物（好ましくは環状）担体により置き換えることができる。環状担体は、炭素環系であってもよい、すなわち、全環原子が炭素原子であるか、または複素環系であってもよい、すなわち、１個以上の環原子がヘテロ原子、例えば、窒素、酸素、硫黄であってもよい。環状担体は、単環式環系であってもよく、または２個以上の環、例えば、融合環を含有してもよい。環状担体は、完全に飽和した環系であってもよく、または１個以上の二重結合を含有してもよい。
【０３１２】
炭水化物部分は、担体を介してポリヌクレオチドに取り付けられてもよい。担体は、（ｉ）少なくとも１個の「骨格取り付けポイント」、好ましくは２個の「骨格取り付けポイント」、および（ｉｉ）少なくとも１個の「繋留取り付けポイント」を含む。「骨格取り付けポイント」は、本明細書で使用される場合、リボ核酸の骨格（例えば、リン酸骨格または修飾リン酸骨格、例えば硫黄含有骨格）への担体の取り込みに利用可能であり且つ好適である、官能基（例えばヒドロキシル基）または一般的には結合をいう。「繋留取り付けポイント」（ＴＡＰ）は、一部の実施形態では、選択された部分を接続する、環状担体の構成物環原子、例えば、炭素原子またはヘテロ原子（骨格取り付けポイントを提供する原子とは異なる）を指す。この部分は、例えば、炭水化物、例えば、単糖、二糖、三糖、四糖、オリゴ糖および多糖であってもよい。任意選択的に、選択された部分は、介在する繋留によって、環状担体に接続される。よって、環状担体は、官能基、例えば、アミノ基を含むことが多く、または一般に、構成物環への別の化学的実体、例えば、リガンドの取り込みまたは繋留に適した結合を提供する。
【０３１３】

一部の実施形態では、本発明の干渉ＲＮＡ分子は、担体を介して炭水化物部分にコンジュゲートされ、担体は、環状基または非環状基となることができる；特異的な実施形態では、環状基は、ピロリジニル、ピラゾリニル、ピラゾリジニル、イミダゾリニル、イミダゾリジニル、ピペリジニル、ピペラジニル、［１，３］ジオキソラン、オキサゾリジニル、イソオキサゾリジニル、モルフォリニル、チアゾリジニル、イソチアゾリジニル、キノキサリニル、ピリダジノニル、テトラヒドロフリルおよびデカリンから選択され；好ましくは、非環状基は、セリノール骨格またはジエタノールアミン骨格から選択される。

【０３１４】

干渉ＲＮＡの標的化

ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２が、肝臓細胞（例えば、肝細胞）の表面において発現されるということを考慮すると、ある特定の実施形態では、干渉効果が肝臓細胞内で特異的に発揮できるように、このような肝臓細胞に干渉ＲＮＡ分子を送達することが望ましい。したがって、ある特定の実施形態では、干渉ＲＮＡ分子は、本技術分野で公知であり本明細書に記載されている様々な方法論を使用して、肝臓細胞に特異的に標的化される。例えば、ある特定の実施形態では、肝細胞の表面に発現される様々な異なる受容体を使用して、後述する本明細書に開示されている抗原結合性タンパク質（例えば、抗体）または他の標的化部分を使用して、干渉ＲＮＡ分子を肝細胞へと特異的に標的とすることができる。ある特定の実施形態では、干渉ＲＮＡ分子は、表面発現されるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２を使用して、肝臓細胞に標的化される。これらの実施形態では、標的化された干渉ＲＮＡの効果により、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現が低下するにつれて、これが、肝臓細胞に送達されるＲＮＡｉ剤の量を低下させる自己調節系をもたらし得ることが想定される。

【０３１５】

多種多様な標的化部分は、本発明のオリゴヌクレオチドにカップリングされてもよい。一部の実施形態では、標的化部分は、例えば、直接的にまたは間接的に、介在する繋留を介して、共有結合によりカップリングされる。

【０３１６】

一部の実施形態では、標的化部分は、これが取り込まれた分子の分布、標的化または寿命を変更する。好ましい実施形態では、標的化部分は、例えば、このような標的化部分を欠く種と比較して、選択された標的、例えば、分子、細胞もしくは細胞型、区画、受容体、例えば、細胞もしくは臓器区画、組織、臓器または身体領域に対する増強された親和性をもたらす。選択された標的に対し増強された親和性をもたらす標的化部分もまた、標的化部分と呼ばれる。

【０３１７】

いくつかの標的化部分は、エンドソーム溶解特性を有することができる。エンドソーム溶解標的化部分は、エンドソームの溶解および／または細胞のエンドソームから細胞質への本発明の組成物もしくはその構成要素の輸送を促進する。エンドソーム溶解標的化部分は、ｐＨ依存性膜活性および融合性を示すポリアニオン性ペプチドまたはペプチドミメティックとなることができる。一実施形態では、エンドソーム溶解標的化部分は、エンドソームｐＨにおけるその活性立体構造を仮定する。「活性」立体構造は、エンドソーム溶解標的化部分が、エンドソームの溶解および／または細胞のエンドソームから細胞質への本発明の組成物またはその構成要素の輸送を促進する立体構造である。例示的なエンドソーム溶解標的化部分は、ＧＡＬＡペプチド（Ｓｕｂｂａｒａｏら、Ｂｉｏｃｈｅｍｉｓｔｒｙ、１９８７、２６：２９６４－２９７２頁）、ＥＡＬＡペプチド（Ｖｏｇｅｌら、Ｊ．Ａｍ．Ｃｈｅｍ．Ｓｏｃ．、１９９６、１１８：１５８１－１５８６頁）およびこれらの誘導体（Ｔｕｒｋら、Ｂｉｏｃｈｅｍ．Ｂｉｏｐｈｙｓ．Ａｃｔａ、２００２、１５５９：５６－６８頁）を含む。一実施形態では、エンドソーム溶解構成要素は、ｐＨの変化に応答して電荷またはプロトン化に変化を起こす化学基（例えば、アミノ酸）を含有することができる。エンドソーム溶解構成要素は、直鎖状または分枝状となり得る。

【０３１８】

ある特定の実施形態では、標的化部分は、輸送、ハイブリダイゼーションおよび特異性特性を改善することができ、得られた天然もしくは修飾されたオリゴリボヌクレオチド、または本明細書に記載されている単量体および／もしくは天然もしくは修飾されたリボヌクレオチドの任意の組合せを含むポリマー分子の、ヌクレアーゼ抵抗性を改善することもできる。

【０３１９】

一部の実施形態では、標的化部分は一般に、例えば、取り込みを増強するための治療修飾因子；例えば、分布をモニタリングするための診断化合物またはレポーター基；架橋剤；およびヌクレアーゼ抵抗性付与部分を含むことができる。一般例として、脂質、ステロイド、ビタミン、糖、タンパク質、ペプチド、ポリアミンおよびペプチドミミックが挙げられる。

【０３２０】

標的化部分は、タンパク質（例えば、ヒト血清アルブミン（Ｉ）、低密度リポタンパク質（ＬＤＬ）、高密度リポタンパク質（ＨＤＬ）またはグロブリン）；炭水化物（例えば、デキストラン、プルラン、キチン、キトサン、イヌリン、シクロデキストリンまたはヒアルロン酸）；または脂質のような天然起源の物質を含むことができる。標的化部分は、合成ポリマー、例えば、合成ポリアミノ酸、オリゴヌクレオチド（例えば、アプタマー）のような組換えまたは合成分子となることもできる。ポリアミノ酸の例として、ポリリシン（ＰＬＬ）、ポリＬ－アスパラギン酸、ポリＬ－グルタミン酸、スチレン－無水マレイン酸コポリマー、ポリ（Ｌ－ラクチド－ｃｏ－グリコリド）コポリマー、ジビニルエーテル－無水マレイン酸コポリマー、Ｎ－（２－ヒドロキシプロピル）メタクリルアミドコポリマー（ＨＭＰＡ）、ポリエチレングリコール（ＰＥＧ）、ポリビニルアルコール（ＰＶＡ）、ポリウレタン、ポリ（２－エチルアクリル酸）、Ｎ－イソプロピルアクリルアミドポリマーまたはポリホスファジン（ｐｏｌｙｐｈｏｓｐｈａｚｉｎｅ）であるポリアミノ酸が挙げられる。ポリアミンの例として、ポリエチレンイミン、ポリリシン（ＰＬＬ）、スペルミン、スペルミジン、ポリアミン、シュードペプチド－ポリアミン、ペプチドミメティックポリアミン、デンドリマーポリアミン、アルギニン、アミジン、プロタミン、カチオン性脂質、カチオン性ポルフィリン、ポリアミンの四級塩またはアルファヘリックスペプチドが挙げられる。

【０３２１】

標的化部分は、腎臓細胞のような指定の細胞型に結合する、他の標的化基、例えば、細胞または組織標的化剤、例えば、レクチン、糖タンパク質、脂質またはタンパク質、例えば、抗体を含むこともできる。標的化基は、サイロトロピン、メラニン細胞刺激ホルモン、レクチン、糖タンパク質、肺サーファクタントタンパク質Ａ、ムチン炭水化物、多価ラクトース、多価ガラクトース、Ｎ－アセチルガラクトサミン、Ｎ－アセチル－グルコサミン多価マンノース、多価フコース、グリコシル化ポリアミノ酸、多価ガラクトース、トランスフェリン、ビスホスホネート、ポリグルタミン酸塩、ポリアスパラギン酸塩、脂質、コレステロール、ステロイド、胆汁酸、葉酸塩、ビタミンＢ１２、ビオチン、ＲＧＤペプチド、ＲＧＤペプチドミメティックまたはアプタマーであってもよい。

【０３２２】

標的化部分の他の例として、色素、挿入剤（例えば、アクリジン）、クロスリンカー（例えば、ソラレン（ｐｓｏｒａｌｅｎｅ）、マイトマイシンＣ）、ポルフィリン（ＴＰＰＣ４、テキサフィリン、サフィリン）、多環式芳香族炭化水素（例えば、フェナジン、ジヒドロフェナジン）、人工エンドヌクレアーゼまたはキレート剤（例えば、ＥＤＴＡ）、親油性分子、例えば、コレステロール、コール酸、１－ピレン酪酸、ジヒドロテストステロン、１，３－ビス－Ｏ（ヘキサデシル）グリセロール、ゲラニルオキシヘキシル基、ヘキサデシルグリセロール、ボルネオール、メントール、１，３－プロパンジオール、ヘプタデシル基、パルミチン酸、ミリスチン酸、Ｏ３－（オレオイル）リトコール酸、Ｏ３－（オレオイル）コレン酸（ｃｈｏｌｅｎｉｃ　ａｃｉｄ）、ジメトキシトリチルまたはフェノキサジン）およびペプチドコンジュゲート（例えば、アンテナペディアペプチド、Ｔ

ａｔペプチド）、アルキル化剤、ホスフェート、アミノ、メルカプト、ＰＥＧ（例えば、ＰＥＧ－４０Ｋ）、ＭＰＥＧ、［ＭＰＥＧ］２、ポリアミノ、アルキル、置換アルキル、放射標識マーカー、酵素、ハプテン（例えば、ビオチン）、輸送／吸収促進物質（例えば、アスピリン、ビタミンＥ、葉酸）、合成リボヌクレアーゼ（例えば、イミダゾール、ビスイミダゾール、ヒスタミン、イミダゾールクラスター、アクリジン－イミダゾールコンジュゲート、テトラアザ大環状分子のＥｕ３＋複合体）、ジニトロフェニル、ＨＲＰまたはＡＰが挙げられる。

【０３２３】

標的化部分は、タンパク質、例えば、糖タンパク質またはペプチド、例えば、共同部分に対し特異的な親和性を有する分子、または抗体、例えば、肝臓の肝細胞のような指定の細胞型に結合する抗体のような抗原結合性タンパク質であってもよい。標的化部分は、ホルモンおよびホルモン受容体を含むこともできる。これは、脂質、レクチン、炭水化物、ビタミン、補助因子、多価ラクトース、多価ガラクトース、Ｎ－アセチルガラクトサミン、Ｎ－アセチル－グルコサミン多価マンノース、多価フコースまたはアプタマーのような非ペプチド性種を含むこともできる。標的化部分は、例えば、リポ多糖であってもよい。

【０３２４】

標的化部分は、例えば、細胞の細胞骨格を撹乱することにより、例えば、細胞の微小管、マイクロフィラメントおよび／または中間径フィラメントを撹乱することにより、細胞への干渉ＲＮＡ分子の取り込みを増加させることができる物質、例えば、薬物であってもよい。薬物は、例えば、タキサン（ｔａｘｏｎ）、ビンクリスチン、ビンブラスチン、サイトカラシン、ノコダゾール、ジャスプラキノリド、ラトランクリンＡ、ファロイジン、スウィンホリドＡ、インダノシン（ｉｎｄａｎｏｃｉｎｅ）またはミオセベリンであってもよい。

【０３２５】

標的化部分は、例えば、炎症応答を活性化させることにより、細胞への干渉ＲＮＡ分子の取り込みを増加させることができる。このような効果を有すると思われる例示的な標的化部分は、腫瘍壊死因子（ｔｕｍｏｒ　ｎｅｃｒｏｓｉｓ　ｆａｃｔｏｒ）アルファ（ＴＮＦアルファ）、インターロイキン－１ベータまたはガンマインターフェロンを含む。

【０３２６】

一実施形態では、標的化部分は、脂質または脂質に基づく分子である。このような脂質または脂質に基づく分子は、好ましくは、血清タンパク質、例えば、ヒト血清アルブミン（Ｉ）に結合する。血清タンパク質に結合する標的化部分は、ある特定の実施形態では、身体の標的組織、例えば、非腎臓標的組織へのコンジュゲートの分布を可能にする。例えば、標的組織は、肝臓の肝細胞または実質細胞を含む肝臓となることができる。血清タンパク質に結合することができる他の分子が、標的化部分として使用されてもよい。例えば、ナプロキセンまたはアスピリンが使用されてもよい。脂質または脂質に基づく標的化部分は、（ａ）コンジュゲートの分解に対する抵抗性を増加させることができ、（ｂ）標的細胞もしくは細胞膜への標的化もしくは輸送を増加させることができ、および／または（ｃ）血清タンパク質への結合の調整に使用されてもよい。

【０３２７】

脂質に基づく標的化部分は、標的組織へのコンジュゲートの結合のモジュレート、例えば、制御に使用されてもよい。例えば、より強く血清タンパク質に結合する脂質または脂質に基づく標的化部分は、腎臓に標的化される可能性が低く、したがって、身体から排除される可能性が低い。より弱く血清タンパク質に結合する脂質または脂質に基づく標的化部分は、それが望まれるのであれば、腎臓へのコンジュゲートの標的化に使用されてもよい。

【０３２８】

一実施形態では、脂質に基づく標的化部分は、ヒト血清アルブミンに結合する。特異的な実施形態では、これが十分な親和性でヒト血清アルブミンに結合することにより、コンジュゲートが好ましくは非腎臓組織に分布する。ある特定の実施形態では、ヒト血清アル

ブミン標的化部分結合は、不可逆となるほど親和性が強くないことが、好ましい。
【０３２９】
別の好ましい実施形態では、脂質に基づく標的化部分は、ヒト血清アルブミンに弱く結合するかまたは全く結合しないことにより、コンジュゲートが好ましくは腎臓に分布する。腎臓細胞を標的とする他の部分が、脂質に基づく標的化部分の代わりにまたはこれに加えて、使用されてもよい。
【０３３０】
別の実施形態では、標的化部分は、例えば、ビタミン、例えば、標的細胞、例えば、増殖細胞によって取り入れられるビタミンである。例示的なビタミンは、ビタミンＡ、ＥおよびＫを含む。他の例示的なビタミンは、Ｂビタミン、例えば、葉酸、Ｂ１２、リボフラビン、ビオチン、ピリドキサールまたは細胞によって取り入れられる他のビタミンもしくは栄養素を含む。低密度リポタンパク質（ＬＤＬ）および高密度リポタンパク質（ＨＤＬ）も含まれる。
【０３３１】
別の実施形態では、標的化部分は、細胞透過剤、好ましくは、ヘリックス細胞透過剤である。一部の実施形態では、薬剤は、両親媒性である。例示的な薬剤は、ｔａｔまたはアンテナペディア（ａｎｔｅｎｎｏｐｅｄｉａ）のようなペプチドである。薬剤は、ペプチドである場合、修飾されていてもよく、これは、ペプチジルミメティック、逆転異性体（ｉｎｖｅｒｔｏｍｅｒ）、非ペプチドまたはシュードペプチド結合およびＤ－アミノ酸の使用を含む。ヘリックス剤は、好ましくは、親油性および疎油性の相を好ましくは有する、アルファ－ヘリックス剤である。
【０３３２】
標的化部分は、ペプチドまたはペプチドミメティックであってもよい。ペプチドミメティック（本明細書において、オリゴペプチドミメティックとも称される）は、天然ペプチドと同様の定義された三次元構造へとフォールディングすることができる分子である。ペプチドまたはペプチドミメティック部分は、約５－５０アミノ酸長、例えば、約５、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５または５０アミノ酸長となることができる。ペプチドまたはペプチドミメティックは、例えば、細胞透過ペプチド、カチオン性ペプチド、両親媒性ペプチドまたは疎水性ペプチド（例えば、主にＴｙｒ、ＴｒｐまたはＰｈｅからなる）であってもよい。ペプチド部分は、デンドリマーペプチド、制約されたペプチドまたは架橋されたペプチドとなることができる。別の代替では、ペプチド部分は、疎水性膜転位置配列（ＭＴＳ）を含むことができる。例示的な疎水性ＭＴＳ含有ペプチドは、アミノ酸配列ＡＡＶＡＬＬＰＡＶＬＬＡＬＬＡＰを有するＲＦＧＦである。疎水性ＭＴＳを含有するＲＦＧＦアナログ（例えば、アミノ酸配列ＡＡＬＬＰＶＬＬＡＡＰ）が標的化部分となることもできる。ペプチド部分は、ペプチド、オリゴヌクレオチドおよびタンパク質を含む大型の極性分子を、細胞膜を越えて運搬することができる「送達」ペプチドとなることができる。例えば、ＨＩＶ　Ｔａｔタンパク質（ＧＲＫＫＲＲＱＲＲＲＰＰＱ）およびドロソフィラ属（Ｄｒｏｓｏｐｈｉｌａ）アンテナペディアタンパク質（ＲＱＩＫＩＷＦＱＮＲＲＭＫＷＫＫ）由来の配列は、送達ペプチドとして機能できることが判明した。ペプチドまたはペプチドミメティックは、ファージディスプレイライブラリーまたは１ビーズ１化合物（ｏｎｅ－ｂｅａｄ－ｏｎｅ－ｃｏｍｐｏｕｎｄ）（ＯＢＯＣ）コンビナトリアルライブラリーから同定されたペプチドのような、ＤＮＡのランダム配列によってコードされ得る（Ｌａｍら、Ｎａｔｕｒｅ、３５４：８２－８４頁、１９９１）。一部の実施形態では、取り込まれた単量体ユニットを介して干渉ＲＮＡ分子に繋留されたペプチドまたはペプチドミメティックは、アルギニン－グリシン－アスパラギン酸（ＲＧＤ）ペプチドまたはＲＧＤミミックのような、細胞標的化ペプチドである。ペプチド部分は、約５アミノ酸から約４０アミノ酸の長さに及び得る。ペプチド部分は、安定性または直接立体構造的特性を増加させるもののような構造的修飾を有することができる。後述する構造的修飾のいずれかを利用することができる。ＲＧＤペプチドは、肺、腎臓、脾臓または肝臓を含む種々の他の組織の細胞への干渉ＲＮＡ分子の標的化を容易にすることができ

る（Ａｏｋｉら、Ｃａｎｃｅｒ　Ｇｅｎｅ　Ｔｈｅｒａｐｙ　８：７８３－７８７頁、２００１）。ＲＧＤペプチドは、直鎖状または環状であってもよく、修飾、例えば、グリコシル化またはメチル化されて、特異的な組織への標的化を容易にすることができる。例えば、グリコシル化ＲＧＤペプチドは、αＶβ３を発現する細胞への干渉ＲＮＡ分子を送達することができる（Ｈａｕｂｎｅｒら、Ｊｏｕｒ．Ｎｕｃｌ．Ｍｅｄ．、４２：３２６－３３６頁、２００１）。増殖細胞において濃縮されたマーカーを標的とするペプチドが使用されてもよい。例えば、ＲＧＤ含有ペプチドおよびペプチドミメティックは、細胞、特に、インテグリンを提示する細胞を標的とすることができる。よって、ＲＧＤペプチド、ＲＧＤを含有する環状ペプチド、Ｄ－アミノ酸を含むＲＧＤペプチドと共に、合成ＲＧＤミミックを使用することができる。ＲＧＤに加えて、インテグリンリガンドを標的とする他の部分を使用することができる。

【０３３３】

「細胞透過ペプチド」は、細胞、例えば、細菌もしくは真菌細胞のような微生物細胞、またはヒト細胞のような哺乳動物細胞を透過することができる。微生物細胞透過ペプチドは、例えば、α－ヘリックス直鎖状ペプチド（例えば、ＬＬ－３７またはＣｅｃｒｏｐｉｎ　Ｐ１）、ジスルフィド結合含有ペプチド（例えば、α－デフェンシン、β－デフェンシンまたはバクテネシン）または１種もしくは２種の優勢なアミノ酸のみを含有するペプチド（例えば、ＰＲ－３９またはインドリシジン）であってもよい。細胞透過ペプチドは、核局在化シグナル（ＮＬＳ）を含むこともできる。例えば、細胞透過ペプチドは、ＨＩＶ－１　ｇｐ４１の融合ペプチドドメインおよびＳＶ４０ラージＴ抗原のＮＬＳに由来する、ＭＰＧのような二分両親媒性ペプチドとなることができる（Ｓｉｍｅｏｎｉら、Ｎｕｃｌ．Ａｃｉｄｓ　Ｒｅｓ．３１：２７１７－２７２４頁、２００３）。

【０３３４】

一実施形態では、標的化ペプチドは、両親媒性α－ヘリックスペプチドであってもよい。例示的な両親媒性α－ヘリックスペプチドとして、セクロピン、リコトキシン、パルダキシン、ブフォリン、ＣＰＦ、ボンビニン様ペプチド（ＢＬＰ）、カテリシジン、セラトトキシン、Ｓ．クラバ（Ｓ．ｃｌａｖａ）ペプチド、メクラウナギ腸管抗菌ペプチド（ＨＦＩＡＰ）、マガイニン、ブレビニン－２、ダーマセプチン、メリチン、プリューロシジン、Ｈ．ｓｕｂ．２Ａペプチド、ゼノパス属（Ｘｅｎｏｐｕｓ）ペプチド、エスクレンチン－１およびカエリンが挙げられるがこれらに限定されない。

【０３３５】

ペプチドおよびペプチドミメティック標的化部分は、天然起源または修飾されたペプチド、例えば、ＤもしくはＬペプチド；α、βもしくはγペプチド；Ｎ－メチルペプチド；アザペプチド；１個以上のアミドを有するペプチド、すなわち、ペプチド、１個以上の尿素、チオ尿素、カルバメートもしくはスルホニル尿素結合により置き換えられた結合；または環状ペプチドを有するものを含む。

【０３３６】

標的化部分は、特異的な受容体を標的化することができる任意の部分であってもよい。例：葉酸塩、ＧａｌＮＡｃ、ガラクトース、マンノース、マンノース－６Ｐ、ＧａｌＮＡｃクラスター、マンノースクラスター、ガラクトースクラスターのような糖のクラスターまたはアプタマー。クラスターは、２個以上の糖ユニットの組合せである。標的化部分は、インテグリン受容体部分、ケモカイン受容体部分、トランスフェリン、ビオチン、セロトニン受容体部分、ＰＳＭＡ、エンドセリン、ＧＣＰＩＩ、ソマトスタチン、ＬＤＬおよびＨＤＬ部分も含む。標的化部分は、核酸、例えば、アプタマーに基づくこともできる。アプタマーは、修飾されていなくてもよい、または本明細書に開示されている修飾の任意の組合せを有することができる。

【０３３７】

他の例示的エンドソーム放出剤は、イミダゾール、ポリまたはオリゴイミダゾール、ＰＥＩ、ペプチド、融合性ペプチド、ポリカルボキシレート、ポリカチオン、マスクされたオリゴまたはポリカチオンまたはアニオン、アセタール、ポリアセタール、ケタール／ポ

リケタール、オルトエステル、マスクされたまたはマスクされていないカチオン性またはアニオン性電荷を有するポリマー、マスクされたまたはマスクされていないカチオン性またはアニオン性電荷を有するデンドリマーを含む。

【０３３８】

薬物動態（「ＰＫ」）モジュレーターは、親油性、胆汁酸、ステロイド、リン脂質アナログ、ペプチド、タンパク質結合剤、ＰＥＧ、ビタミン等を含む。例示的なＰＫモジュレーターとして、コレステロール、脂肪酸、コール酸、リトコール酸、ジアルキルグリセリド、ジアシルグリセリド、リン脂質、スフィンゴ脂質、ナプロキセン、イブプロフェン、ビタミンＥ、ビオチン等が挙げられるがこれらに限定されない。多数のホスホロチオエート結合を含むオリゴヌクレオチドも、血清タンパク質に結合することが知られているため、骨格に複数のホスホロチオエート結合を含む短いオリゴヌクレオチド、例えば、約５塩基、１０塩基、１５塩基または２０塩基のオリゴヌクレオチドも、標的化部分（例えば、ＰＫモジュレート部分）として本発明に受け入れられる。加えて、血清構成要素（例えば、血清タンパク質）に結合するアプタマーも、ＰＫモジュレート部分として本発明に受け入れられる。

【０３３９】

２個以上の標的化部分が存在する場合、標的化部分は、全て同じ特性を有することができる、全て異なる特性を有することができる、または一部の標的化部分が同じ特性を有する一方、他は異なる特性を有する。例えば、標的化部分は、標的化特性を有することができる、エンドソーム溶解活性を有することができる、および／またはＰＫモジュレート特性を有することができる。ある特定の実施形態では、全て異なる特性を有する。

【０３４０】

一部の実施形態では、標的化部分は、核酸分子の核酸塩基、糖部分またはヌクレオシド間結合にコンジュゲートされてもよい。プリン核酸塩基またはその誘導体へのコンジュゲーションは、環内および環外原子を含む任意の位置に生じ得る。一部の実施形態では、プリン核酸塩基の２－、６－、７－または８－位置は、コンジュゲート部分に取り付けられる。ピリミジン核酸塩基またはその誘導体へのコンジュゲーションも、任意の位置に生じ得る。一部の実施形態では、ピリミジン核酸塩基の２－、５－および６－位置は、コンジュゲート部分により置換されてもよい。ヌクレオシドの糖部分へのコンジュゲーションは、任意の炭素原子に生じ得る。コンジュゲート部分に取り付けることができる糖部分の炭素原子の例として、２’、３’および５’炭素原子が挙げられる。脱塩基残基におけるような、１’位置も、コンジュゲート部分に取り付けられてもよい。ヌクレオシド間結合は、コンジュゲート部分を有することもできる。リン含有結合（例えば、ホスホジエステル、ホスホロチオエート、ホスホロジチオエート、ホスホロアミド酸その他）のため、コンジュゲート部分は、リン原子に直接的に、またはリン原子に結合されたＯ、ＮもしくはＳ原子に取り付けられてもよい。アミンまたはアミド含有ヌクレオシド間結合（例えば、ＰＮＡ）のため、コンジュゲート部分は、アミンもしくはアミドの窒素原子にまたは隣接炭素原子に取り付けられてもよい。

【０３４１】

ＲＮＡ干渉の分野におけるいずれか好適な標的化部分が使用されてもよいが、標的化部分は典型的に、炭水化物、例えば、単糖（ＧａｌＮＡｃのような）、二糖、三糖、四糖、多糖であることが想定される。核酸へと標的化部分をコンジュゲートするリンカーは、本明細書に記述されているものを含む。例えば、標的化部分は、二価または三価分枝状リンカーを介して取り付けられた１個以上のＧａｌＮＡｃ誘導体となることができる。

【０３４２】

ある特定の実施形態では、切断可能な連結基が利用される。切断可能な連結基は、細胞の外側で十分に安定であるが、標的細胞内への進入後に切断されて、リンカーが一体に保持している２部分を放出する基である。一実施形態では、切断可能な連結基は、標的細胞においてまたは第１の参照条件（例えば、細胞内条件を模倣するかまたは表すように選択され得る）下で、対象の血液におけるまたは第２の参照条件（例えば、血液または血清に

見出される条件を模倣するかまたは表すように選択され得る）下よりも、少なくとも１０倍以上、一部の実施形態では、少なくとも１００倍速く切断される。

【０３４３】

切断可能な連結基は、切断剤、例えば、ｐＨ、酸化還元電位または分解性分子の存在に対し感受性である。一般に、切断剤は、血清または血液中よりも細胞の内側において、より優勢であるかまたはより高いレベルもしくは活性で見出される。このような分解性薬剤の例として次のものが挙げられる：例えば、細胞内に存在して還元によって酸化還元切断可能な連結基を分解することができる酸化酵素もしくは還元酵素または還元性薬剤（例えばメルカプタン）を含む、特定の基質のために選択されるかまたは基質特異性がない酸化還元剤；エステラーゼ；エンドソームまたは酸性環境を作ることができる薬剤（例えば５以下のｐＨをもたらす薬剤）；一般的な酸、ペプチダーゼ（基質特異的であってもよい）およびホスファターゼとして作用することにより、酸切断可能な連結基を加水分解または分解することができる酵素。

【０３４４】

ジスルフィド結合のような切断可能結合基は、ｐＨに感受性である場合がある。ヒト血清のｐＨは７．４であるが、平均細胞内ｐＨは、僅かにより低く、約７．１－７．３に及ぶ。エンドソームは、５．５－６．０の範囲内のより酸性のｐＨを有し、リソソームは、およそ５．０のさらにより酸性であるｐＨを有する。一部のリンカーは、好ましいｐＨで切断される切断可能な連結基を有し、これにより、細胞の内側でまたは細胞の所望の区画内で、部分からカチオン性脂質を放出する。

【０３４５】

リンカーは、特定の酵素によって切断可能である切断可能な連結基を含むことができる。リンカーに取り込まれる切断可能な連結基の種類は、標的化される細胞に依存することができる。例えば、肝臓標的化の標的化部分は、エステル基を含むリンカーを介してカチオン性脂質に連結されてもよい。肝臓細胞は、エステラーゼが豊富であり、したがって、リンカーは、エステラーゼ豊富でない細胞型よりも肝臓細胞において効率的に切断される。エステラーゼが豊富な他の細胞型は、肺、腎皮質および精巣の細胞を含む。肝臓細胞および滑膜細胞のような、ペプチダーゼが豊富な細胞型を標的化する場合、ペプチド結合を含有するリンカーが使用されてもよい。

【０３４６】

一般に、切断可能な候補連結基の適合性は、候補連結基を切断する分解性薬剤（または条件）の能力を検査することにより評価することができる。切断可能な候補連結基は、血液中または他の非標的組織と接触した際の切断に抵抗する能力に関しても、検査することが望ましい。よって、標的細胞における切断を示すように選択される第１の条件と、他の組織または生体液（例えば、血液または血清）における切断を示すように選択される第２の条件との間で、切断に対する相対感受性を決定することができる。評価は、無細胞系において、細胞において、細胞培養において、臓器もしくは組織培養において、または動物全体において行うことができる。無細胞または培養条件において初期評価を為し、動物全体におけるさらなる評価によって確認することが有用となり得る。一部の実施形態では、有用な候補化合物は、血液または血清（または細胞外条件を模倣するように選択されるインビトロ条件下）と比較して、細胞（または細胞内条件を模倣するように選択されるインビトロ条件下）において少なくとも２倍、４倍、１０倍または１００倍速く切断される。

【０３４７】

一部の実施形態では、酸化還元切断可能な連結基が利用される。酸化還元切断可能な連結基は、還元または酸化後に切断される。還元的に切断可能な連結基の例は、ジスルフィド連結基（－－Ｓ－Ｓ－－）である。候補切断可能な連結基が、好適な「還元的に切断可能な連結基」であるか、または例えば、特定の干渉ＲＮＡ分子および特定の標的化剤による使用に適しているか決定するために、本明細書に記載されている方法を頼ることができる。例えば、候補は、ジチオスレイトール（ＤＴＴ）とのインキュベーション、または細胞（例えば、標的細胞）において観察される切断の速度を模倣する本技術分野で公知の試

薬を使用した他の還元剤とのインキュベーションによって評価することができる。候補は、血液または血清条件を模倣するように選択される条件下で評価することもできる。特異的な実施形態では、候補化合物は、血液において１０％以下が切断される。一部の実施形態では、有用な候補化合物は、血液（または細胞外条件を模倣するように選択されるインビトロ条件下）と比較して、細胞（または細胞内条件を模倣するように選択されるインビトロ条件下）において少なくとも２倍、４倍、１０倍または１００倍速く分解される。候補化合物の切断の速度は、細胞内培地を模倣するように選ばれた条件下で、細胞外培地を模倣するように選ばれた条件と比較して、標準酵素動態アッセイを使用して決定することができる。

【０３４８】

さらに一部の実施形態では、リン酸に基づく切断可能な連結基は、リン酸基を分解または加水分解する薬剤によって切断される。細胞におけるリン酸基を切断する薬剤の例は、細胞におけるホスファターゼのような酵素である。リン酸に基づく連結基の例は、－Ｏ－Ｐ（Ｏ）（Ｏｒｋ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（Ｏｒｋ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（ＳＲｋ）－Ｏ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｏ）（Ｏｒｋ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｏ）（Ｏｒｋ）－Ｓ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｏ）（Ｏｒｋ）－Ｓ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（Ｏｒｋ）－Ｓ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｓ）（Ｏｒｋ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｏ）（Ｒｋ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（Ｒｋ）－Ｏ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｏ）（Ｒｋ）－Ｏ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｓ）（Ｒｋ）－Ｏ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｏ）（Ｒｋ）－Ｓ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（Ｒｋ）－Ｓ－－である。特異的な実施形態は、－Ｏ－Ｐ（Ｏ）（ＯＨ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（ＯＨ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（ＳＨ）－Ｏ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｏ）（ＯＨ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｏ）（ＯＨ）－Ｓ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｏ）（ＯＨ）－Ｓ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（ＯＨ）－Ｓ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｓ）（ＯＨ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｏ）（Ｈ）－Ｏ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（Ｈ）－Ｏ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｏ）（Ｈ）－Ｏ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｓ）（Ｈ）－Ｏ－－、－－Ｓ－Ｐ（Ｏ）（Ｈ）－Ｓ－－、－－Ｏ－Ｐ（Ｓ）（Ｈ）－Ｓ－－を含む。別の特異的な実施形態は、－Ｏ－Ｐ（Ｏ）（ＯＨ）－Ｏ－－である。これらの候補は、上に記載されているものに類似した方法を使用して評価することができる。

【０３４９】

一部の実施形態では、酸性条件下で切断される連結基である、酸切断可能な連結基が想定される。一部の実施形態では、酸切断可能な連結基は、約６．５以下（例えば、約６．０、５．５、５．０以下）のｐＨによる酸性環境において、または一般的な酸として作用し得る酵素のような薬剤により、切断される。細胞において、エンドソームおよびリソソームのような特異的な低ｐＨオルガネラは、酸切断可能な連結基のために切断環境を提供することができる。酸切断可能な連結基の例として、ヒドラゾン、エステル、およびアミノ酸のエステルが挙げられるがこれらに限定されない。酸切断可能基は、一般式－Ｃ＝＝ＮＮ－－、Ｃ（Ｏ）Ｏまたは－ＯＣ（Ｏ）を有することができる。特異的な実施形態は、エステル（アルコキシ基）の酸素に取り付けられた炭素が、アリール基、置換アルキル基またはジメチルペンチルもしくはｔ－ブチルのような三級アルキル基である場合である。これらの候補は、上に記載されているものに類似した方法を使用して評価することができる。

【０３５０】

一部の実施形態では、細胞におけるエステラーゼおよびアミダーゼのような酵素によって切断される、エステルに基づく切断可能な連結基が想定される。エステルに基づく切断可能な連結基の例として、アルキレン、アルケニレンおよびアルキニレン基のエステルが挙げられるがこれらに限定されない。エステル切断可能な連結基は、一般式－Ｃ（Ｏ）Ｏ－－または－ＯＣ（Ｏ）－－を有する。これらの候補は、上に記載されているものに類似した方法を使用して評価することができる。

【０３５１】

またさらなる実施形態では、細胞におけるペプチダーゼおよびプロテアーゼのような酵

素によって切断される、ペプチドに基づく切断可能な連結基が想定される。ペプチドに基づく切断可能な連結基は、オリゴペプチド（例えば、ジペプチド、トリペプチド等）およびポリペプチドを生じる、アミノ酸の間に形成されたペプチド結合である。ペプチドに基づく切断可能基は、アミド基（－－Ｃ（Ｏ）ＮＨ－－）を含まない。アミド基は、任意のアルキレン、アルケニレンまたはアルキネレン（ａｌｋｙｎｅｌｅｎｅ）の間に形成され得る。ペプチド結合は、アミノ酸の間に形成されて、ペプチドおよびタンパク質を生じる、特殊な種類のアミド結合である。ペプチドに基づく切断基は一般に、ペプチドおよびタンパク質を生じるアミノ酸の間に形成されたペプチド結合（すなわち、アミド結合）に限定され、アミド官能基全体を含まない。ペプチドに基づく切断可能な連結基は、一般式－ＮＨＣＨＲ^{A}Ｃ（Ｏ）ＮＨＣＨＲ^{B}Ｃ（Ｏ）－－（式中、Ｒ^{A}およびＲ^{B}は、２個の隣接するアミノ酸のＲ基である）を有する。これらの候補は、上に記載されているものに類似した方法を使用して評価することができる。本明細書で使用される場合、「炭水化物」は、酸素、窒素もしくは硫黄原子が各炭素原子に結合された、少なくとも６個の炭素原子を有する１個以上の単糖ユニットで構成されているそれ自体が炭水化物（直鎖状、分枝状または環状となり得る）である化合物；または酸素、窒素もしくは硫黄原子が各炭素原子に結合された、少なくとも６個の炭素原子をそれぞれ有する１個以上の単糖ユニットで構成されている炭水化物部分をその一部として有する化合物（直鎖状、分枝状または環状となり得る）を指す。代表的な炭水化物は、糖（約４－９個の単糖ユニットを含有する単糖、二糖、三糖およびオリゴ糖）、ならびにデンプン、グリコーゲン、セルロースおよび多糖ガムのような多糖を含む。

【０３５２】

干渉ＲＮＡの合成

本発明の方法において用いることができる干渉ＲＮＡ分子は、本技術分野で公知の技法を使用して、例えば、従来のＲＮＡ固相合成を使用して直ちに作製することができる。例えば、米国特許第８，８７７，９１７号を参照されたい。二本鎖ＲＮＡ分子のポリヌクレオチドは、標準ヌクレオチドまたはヌクレオシド前駆体（例えば、ホスホラミダイト）を利用した好適な核酸合成機においてアセンブルさせることができる。自動核酸合成機は、いくつかのベンダーによって商業販売されており、Ａｐｐｌｉｅｄ　Ｂｉｏｓｙｓｔｅｍｓ（Ｆｏｓｔｅｒ　Ｃｉｔｙ、ＣＡ）製のＤＮＡ／ＲＮＡ合成機、ＢｉｏＡｕｔｏｍａｔｉｏｎ（Ｉｒｖｉｎｇ、ＴＸ）製のＭｅｒＭａｄｅ合成機およびＧＥ　Ｈｅａｌｔｈｃａｒｅ　Ｌｉｆｅ　Ｓｃｉｅｎｃｅｓ（Ｐｉｔｔｓｂｕｒｇｈ、ＰＡ）製のＯｌｉｇｏＰｉｌｏｔ合成機を含む。

【０３５３】

２’シリル保護基は、リボヌクレオシドの５’位置における酸に不安定なジメトキシトリチル（ＤＭＴ）と併せて使用されて、ホスホラミダイト化学によりオリゴヌクレオチドを合成することができる。最終脱保護条件は、ＲＮＡ産物を有意に分解しないことが知られている。全合成は、大規模、中規模または小規模で、任意の自動または手動合成機において行うことができる。合成は、複数のウェルプレートまたはスライドグラスにおいて実行することもできる。

【０３５４】

２’－Ｏ－シリル基は、フッ化物イオンの任意の供給源、例えば、無機対イオンと対になるフッ化物イオンを含有する塩、例えば、フッ化セシウムおよびフッ化カリウム、または有機対イオンと対になるフッ化物イオンを含有する塩、例えば、フッ化テトラアルキルアンモニウムを含むことができる、フッ化物イオンへの曝露により除去することができる。クラウンエーテル触媒は、脱保護反応において無機フッ化物と組み合わせて利用することができる。好ましいフッ化物イオン供給源は、フッ化テトラブチルアンモニウムまたはアミンヒドロフルオライド（例えば、双極性非プロトン溶媒、例えば、ジメチルホルムアミドにおいて、トリエチルアミンと水性ＨＦとを組み合わせる）である。

【０３５５】

亜リン酸トリエステルおよびホスホトリエステルにおける使用のための保護基の選択は

、フッ化物に向かうトリエステルの安定性を変更することができる。ホスホトリエステルまたは亜リン酸トリエステルのメチル保護は、フッ化物イオンに対する結合を安定化し、プロセス収率を改善することができる。

【０３５６】

リボヌクレオシドは、反応性２’ヒドロキシル置換基を有するため、ＲＮＡにおける反応性２’位置を、５’－Ｏ－ジメトキシトリチル保護基に対し直交性である保護基、例えば、酸処理に安定したものにより保護することが望ましくなり得る。シリル保護基は、この判断基準を満たし、最小のＲＮＡ分解をもたらし得る最終フッ化物（ｆｌｕｒｏｉｄｅ）脱保護ステップにおいて直ちに除去され得る。

【０３５７】

テトラゾール触媒は、標準ホスホラミダイトカップリング反応において使用され得る。好ましい触媒は、例えば、テトラゾール、Ｓ－エチル－テトラゾール、ｐ－ニトロフェニルテトラゾールを含む。

【０３５８】

例えば、Ｔｒｕｆｅｒｔら、Ｔｅｔｒａｈｅｄｒｏｎ、５２：３００５頁、１９９６；およびＭａｎｏｈａｒａｎ「Ｏｌｉｇｏｎｕｃｌｅｏｔｉｄｅ Ｃｏｎｊｕｇａｔｅｓ ｉｎ Ａｎｔｉｓｅｎｓｅ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ」、ｉｎ Ａｎｔｉｓｅｎｓｅ Ｄｒｕｇ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ、Ｓ．Ｔ．Ｃｒｏｏｋｅ編、Ｍａｒｃｅｌ Ｄｅｋｋｅｒ、Ｉｎｃ．、２００１も参照されたい。保護された単量体化合物は、カラムクロマトグラフィー、高圧液体クロマトグラフィーまたは再結晶のような方法によって、反応混合物から分離し、さらに精製することができる。当業者によって理解される通り、本明細書における式の化合物を合成するさらなる方法は、当業者に明らかである。その上、様々な合成ステップを代替の順番または順序で実行することにより、所望の化合物を得ることができる。本明細書に記載されている化合物の合成において有用な、他の合成化学転換、保護基（例えば、塩基に存在するヒドロキシル、アミノ等のため）および保護基方法論（保護および脱保護）は、本技術分野で公知であり、例えば、Ｒ．Ｌａｒｏｃｋ、Ｃｏｍｐｒｅｈｅｎｓｉｖｅ Ｏｒｇａｎｉｃ Ｔｒａｎｓｆｏｒｍａｔｉｏｎｓ、ＶＣＨ Ｐｕｂｌｉｓｈｅｒｓ（１９８９）；Ｔ．Ｗ．ＧｒｅｅｎｅおよびＰ．Ｇ．Ｍ．Ｗｕｔｓ、Ｐｒｏｔｅｃｔｉｖｅ Ｇｒｏｕｐｓ ｉｎ Ｏｒｇａｎｉｃ Ｓｙｎｔｈｅｓｉｓ、第２版、Ｊｏｈｎ Ｗｉｌｅｙ ａｎｄ Ｓｏｎｓ（１９９１）；Ｌ．ＦｉｅｓｅｒおよびＭ．Ｆｉｅｓｅｒ、Ｆｉｅｓｅｒ ａｎｄ Ｆｉｅｓｅｒ’ｓ Ｒｅａｇｅｎｔｓ ｆｏｒ Ｏｒｇａｎｉｃ Ｓｙｎｔｈｅｓｉｓ、Ｊｏｈｎ Ｗｉｌｅｙ ａｎｄ Ｓｏｎｓ（１９９４）；ならびにＬ．Ｐａｑｕｅｔｔｅ編、Ｅｎｃｙｃｌｏｐｅｄｉａ ｏｆ Ｒｅａｇｅｎｔｓ ｆｏｒ Ｏｒｇａｎｉｃ Ｓｙｎｔｈｅｓｉｓ、Ｊｏｈｎ Ｗｉｌｅｙ ａｎｄ Ｓｏｎｓ（１９９５）、ならびにそれらの後続版に記載されているようなものを含む。

【０３５９】

処置の方法

本発明のさらなる実施形態では、ヒト対象を処置する方法であって、本発明の抗原結合性タンパク質または抗体または干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）の治療投薬量を投与するステップを含む方法が提供される。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、モノクローナル抗体である。一実施形態では、抗原結合性タンパク質は、ヒト抗体である。別の実施形態では、抗原結合性タンパク質または抗体は、ヒト化抗体である。別の実施形態では、干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）が投与される。本明細書で使用される場合、用語「対象」は、ヒトを含む哺乳動物を指し、用語「患者」と互換的に使用することができる。

【０３６０】

後述する実施例で発表されたアイスランド人研究の結果を考慮すれば、宿主へのＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）の投与を含む治療法を受けている宿主における下流において、なんら特定のさらなる遺伝子操作の必要もない。すなわち、一部の実施形態では、抗体（またはＲＮＡｉ）は、本明細書に記載されて

いる抗体（またはＲＮＡｉ）の１種以上でありさえすればよく、これは、ＡＳＧＲ（ＡＳＧＲ１のような）に結合し（および阻害し）、本明細書に提供されている心血管疾患、心筋梗塞または他の障害のリスクの低下に十分な量および頻度で投与される。一部の実施形態では、抗体（またはＲＮＡｉ）は、非ＨＤＬコレステロールの低減をもたらすのに十分な量で投与される。一部の実施形態では、抗体（またはＲＮＡｉ）は、ＬＤＬコレステロールの低減をもたらすのに十分な量で投与される。そうでないと記載しない限り限定を意図しないが、以下は、ＡＳＧＲが様々な障害に影響を有し得る様々な実施形態についての記載であり、したがって、本明細書に提供されている様々な抗体（またはＲＮＡｉ）（ＡＳＧＲ機能を阻害（例えば、低下）し得る）が、本明細書に提示されている様々な障害に影響をいかにして与えるかについての記載である。

【０３６１】

一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）は、血小板クリアランスにおけるＡＳＧＲの役割により効果を及ぼす。受容体の阻害（例えば、低下）は、古い血小板のクリアランスの低下をもたらす。このようなより古い血小板は、新たな血小板ほど凝固せず、結果として、血液はより希薄になる。結果として、プラークが軽減することができ、対象にとって肯定的な影響（例えば、脳卒中が軽減される）が起こり得る。

【０３６２】

一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）は、ＡＳＧＲに結合して、炎症を変更する。例えば、ＡＳＧＲ－１受容体の低下は、免疫応答の修飾をもたらす。通常、炎症誘発性サイトカインの増加が存在し得る。このような炎症誘発性サイトカインは、ネイティブ状態（ＡＳＧＲ１受容体が低下されない状態）では循環している。しかし、ＡＬＰ（アルカリホスファターゼ）は、抗炎症性の役割を有する場合があり、これにより、全身性に炎症および凝血異常を低下させる。一部の実施形態では、作用機構は、ＡＬＰを増加させ、したがって炎症を低下させる、ＡＳＧＲ１の低下が関与する。

【０３６３】

一部の実施形態では、また、理論によって限定されることを（そうでないと記載されない限り）意図するものではないが、ＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）は、直接的にまたは間接的に、１種以上の他の分子と相互作用するＡＳＧＲにより活性を低下させることができる。例えば、様々なタンパク質に関する様々な実施形態は、本明細書の実施例１８および１９に提供されている。上に記載されている通り、このタンパク質選択は、心血管疾患マーカーとしてこれらのタンパク質の１種以上をモニタリングすることにより、ＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）の有効性（および／または抗体の量および／または治療法（またはＲＮＡｉ）に応答し得る対象の同定）の決定に有用となることもできる。よって、このようなマーカーは、マーカーとして有用であり、理論によって限定されることを意図するものではないが、一部の実施形態では、下に開示されるタンパク質の１種以上は、当該タンパク質を（直接的にまたは間接的に）通じて、ＡＳＧＲ１モジュレーションが心血管疾患を含む本明細書に提示されている障害の１種以上に関するその利点を達成する、タンパク質である。

【０３６４】

本明細書の実施例１８および１９に記載されているマーカータンパク質に加えて（これは、様々な作用機構および様々なＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）および投薬量管理体制の有効性のモニタリングも可能にする）、以下の目的のタンパク質はＡＳＧＲおよびＡＳＧＲ－１と相互作用するタンパク質であり、特に、これらへの結合によって直接的に相互作用する。よって、これらは、様々なＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）によって、本明細書に提供されている様々な実施形態のために阻害（例えば、低減）され得るさらなる相互作用である。理論によって限定されることを（そうでないと明確に記載されない限り）意

図するものではないが）、以下のタンパク質の１種以上へのＡＳＧＲ－１の結合は、記載されている結合を阻害（例えば、低減）する本明細書に提供されているＡＳＧＲ－１阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）を使用することにより阻害（例えば、低減）され得る。一部の実施形態では、タンパク質相互作用は、ＡＳＧＲ阻害剤によって（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体結合またはＲＮＡｉにより）ＡＳＧＲレベルが有効に低減されたときよりも下流で発生する、もたらされる作用機構として企図されるが、以下のリストは、ＡＳＧＲ１に直接的に結合するので、したがって本明細書に提供されている抗原結合性タンパク質または抗体（またはＲＮＡｉ）の１種以上によってＡＳＧＲ－１への直接結合が阻害（例えば、低減）され得る、タンパク質のリストである。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ－１阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）は、次のうち１種以上へのＡＳＧＲ－１の結合を阻害（例えば、低減）する：アルファ－２－ＨＳ－糖タンパク質（別名、フェチュインＡ）（Ｔｏｚａｗａら、Ｊ Ｂｉｏｌ Ｃｈｅｍ（２００１）２７６：１２６２４－１２６２８頁を参照）；アシアロ糖タンパク質受容体１（Ｓｔｏｃｋｅｒｔら（１９７７）Ｓｃｉｅｎｃｅ １９７：６６７－６６８頁を参照）、オロソムコイド（別名、アルファ－１－酸糖タンパク質）（Ｔｏｚａｗａら、Ｊ Ｂｉｏｌ Ｃｈｅｍ（２００１）２７６：１２６２４－１２６２８頁を参照）、アルカリホスファターゼ（Ｈａｒｄｏｎｋ ＭＪ、Ｓｃｈｏｌｔｅｎｓ ＨＢ．Ｈｉｓｔｏｃｈｅｍｉｓｔｒｙ．１９８０；６９（３）：２８９－９７頁およびＳｃｈｏｌｔｅｎｓ ＨＢ、Ｍｅｉｊｅｒ ＤＫ、Ｈａｒｄｏｎｋ ＭＪ． Ｌｉｖｅｒ．１９８２年３月；２（１）：１４－２１頁を参照）、ＬＤＬおよびカイロミクロン（Ｗｉｎｄｌｅｒら、Ｂｉｏｃｈｅｍ Ｊ（１９９１）２７６：７９－８７頁）、フィブロネクチン（Ｒｏｔｕｎｄｏら、Ｈｅｐａｔｏｌｏｇｙ（１９９８）２８：４７５－４８５頁を参照）ならびにＩｇＡ（Ｓｔｏｃｋｅｒｔら、ＰＮＡＳ（１９８２）７９：６２２９－６２３１頁を参照）。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）抗体は、ＡＳＧＲに結合し、タンパク質リガンド、合成多糖、固体基質等が挙げられるがこれらに限定されない、末端ＧａｌまたはＧａｌＮＡｃを有する分子とＡＳＧＲの相互作用を阻害（例えば、低減）する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質または抗体またはＲＮＡｉ）は、無シアリル化分子に結合するＡＳＧＲ１の能力を阻害（例えば、低減）する。一部の実施形態では、本発明は、心血管疾患を処置または予防する方法であって、それを必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、心血管疾患は、冠動脈疾患または心筋梗塞である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１種以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、心血管事象の相対リスク低減は、患者において、少なくとも約５％、少なくとも約１０％、少なくとも約１５％、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％である。心血管疾患の一部の非限定例として、例えば、冠血管心疾患、冠動脈疾患、末梢動脈疾患、脳卒中（虚血性および出血性）、狭心症、脳血管疾患、急性冠血管症候群および心筋梗塞のような、アテローム硬化性疾患が挙げられる。一部の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、次のリスクの低減において有用である：非致死性心臓発作、致死性および非致死性脳卒中、ある特定の種類の心臓手術、心不全のための入院、心疾患患者における胸痛、および／または以前の心臓発作、以前の心臓手術のような確立された心疾患による心血管事象、および／または詰まった動脈のエビデンスを有する胸痛。一部の実施形態では、本発明のＡＳＧＲ、

ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤ならびに方法は、反復性心血管事象のリスクの低減に使用することができる。

【０３６５】

一部の実施形態では、本発明は、冠動脈疾患になるまたはＭＩを有するリスクを減少させる方法であって、リスクの減少を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１種以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、冠動脈疾患またはＭＩの相対リスク低下は、患者において、少なくとも約５％、少なくとも約１０％、少なくとも約１５％、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％である。

【０３６６】

一部の実施形態では、本発明は、患者における血中ＬＤＬコレステロールレベルを低下させる方法であって、血中ＬＤＬコレステロールレベルの低下を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１種以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、患者における血中ＬＤＬコレステロールレベルは、患者における血中ＬＤＬコレステロールの投薬前レベルと比較して、少なくとも約１５％低下される。本発明の本態様の一部の実施形態では、前記患者の血中ＬＤＬコレステロールレベルは、患者における血中ＬＤＬコレステロールの投薬前レベルと比較して、少なくとも約５％、少なくとも約１０％、少なくとも約１５％、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％、少なくとも約６５％、少なくとも約７０％、少なくとも約７５％、少なくとも約８０％、少なくとも約８５％または少なくとも約９０％低減される。

【０３６７】

一部の実施形態では、本発明は、患者における非ＨＤＬコレステロールレベルを低下させる方法であって、非ＨＤＬコレステロールレベルの低下を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１種以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、患者における非ＨＤＬコレステロールレベルは、患者における非ＨＤＬコレステロールの投薬前レベルと比較して、少なくとも約５％低下される。本発明の本態様の一部の実施形態では、前記患者の非ＨＤＬコレステロールレベルは、患者における非ＨＤＬコレステロールの投薬前レベル

と比較して、少なくとも約１０％、少なくとも約１５％、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％、少なくとも約６５％、少なくとも約７０％、少なくとも約７５％、少なくとも約８０％、少なくとも約８５％または少なくとも約９０％低減される。

【０３６８】

一部の実施形態では、本発明は、患者におけるＡＬＰレベルを増加させる方法であって、ＡＬＰレベルの増加を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１種以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、患者におけるＡＬＰレベルは、患者におけるＡＬＰの投薬前レベルと比較して、少なくとも約３０％増加される。本発明の本態様の一部の実施形態では、前記患者のＡＬＰレベルは、患者における投薬前ＡＬＰレベルと比較して、少なくとも約少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％、少なくとも約６５％、少なくとも約７０％、少なくとも約７５％、少なくとも約８０％、少なくとも約８５％または少なくとも約９０％増加される。一部の実施形態では、ＡＬＰレベルは、処置前よりも少なくとも約１．２５×、１．５×、２×、２．５×、３×、３．５×、４×、４．５×および５×増加される。

【０３６９】

一部の実施形態では、本発明は、患者におけるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２をアンタゴナイズする方法であって、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２のアンタゴナイズを必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む方法を提供する。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１種以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。

【０３７０】

一部の実施形態では、心血管疾患を処置または予防する方法が提供され、本方法は、心血管疾患の処置または予防を必要とする患者に、本明細書に記載されているＡＳＧＲ阻害剤の治療有効用量を投与するステップを含む。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ阻害剤は、ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２の阻害剤である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている抗原結合性タンパク質のうち１種以上である。一部の実施形態では、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２阻害剤は、本明細書に記載されている干渉ＲＮＡ（例えば、ｓｉＲＮＡまたはｓｈＲＮＡ）である。一部の実施形態では、心血管事象の相対リスク低下は、患者において、少なくとも約５％、少なくとも約１０％、少なくとも約１５％、少なくとも約２０％、少なくとも約２５％、少なくとも約３０％、少なくとも約３５％、少なくとも約４０％、少なくとも約４５％、少なくとも約５０％、少なくとも約５５％、少なくとも約６０％である。

【０３７１】
用語「処置」は、少なくとも１種の症状もしくは障害の他の実施形態の軽減、または疾患重症度の低下その他を包含する。本発明に係る抗原結合性タンパク質、特に、ヒト抗体は、実行可能な治療剤を構成するために、完全治癒をもたらしたり、または疾患の全ての症状もしくは徴候を根絶したりする必要はない。関連分野で認識される通り、治療剤として用いられる薬物は、所定の疾患状態の重症度を低下させることができるが、有用な治療剤としてみなされるために、疾患の全ての徴候を消失させる必要はない。疾患の影響を単純に低下させること（例えば、その症状の数または重症度を低下させることにより、または別の処置の有効性を増加させることにより、または別の有益な効果を生じることにより）、または対象における疾患が発症または悪化する見込みを低下させることで十分である。本発明の一実施形態は、特定の障害の重症度を反映する指標のベースラインを上回る持続的な改善の誘導に十分な量および時間で、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡを患者に投与するステップを含む方法を対象とする。
【０３７２】
用語「予防」は、少なくとも１種の症状または障害の他の実施形態その他の予防を包含する。本発明に係る抗原結合性タンパク質、特に、ヒト抗体を組み込んだ、予防的に投与される処置は、実行可能な予防剤を構成するために、状態の発病の予防において完全に有効である必要はない。対象において疾患が発生または悪化する見込みを単に低下させることだけで十分である。
【０３７３】
用語「非ＨＤＬコレステロール」は、ＬＤＬコレステロール、超低密度リポタンパク質、中間密度リポタンパク質、リポタンパク質（ａ）およびカイロミクロンを含む、あらゆるコレステロール含有アテローム生成促進的リポタンパク質を包含する。非ＨＤＬコレステロールレベルは、総コレステロールレベルからＨＤＬコレステロールレベルを減算することにより計算される。
【０３７４】
関連分野で理解される通り、抗原結合性タンパク質および／または干渉ＲＮＡを含む医薬組成物は、適応症および組成物に適切な様式で対象に投与される。一実施形態では、医薬組成物は、本発明のヒト抗体を含む。別の実施形態では、医薬組成物は、干渉ＲＮＡを含む。医薬組成物は、非経口的、局所的または吸入によるものが挙げられるがこれらに限定されない、いずれか好適な技法によって投与することができる。注射される場合、医薬組成物は、例えば、関節内、静脈内、筋肉内、病巣内、腹腔内もしくは皮下経路、ボーラス注射または連続的注入により投与することができる。吸入による送達は、例えば、経鼻または経口吸入、ネブライザーの使用、エアロゾル形態での抗原結合性タンパク質の吸入その他を含む。他の代替法は、丸薬、シロップまたは薬用キャンディーを含む経口調製物を含む。
【０３７５】
有利には、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡは、生理的に許容される担体、賦形剤または希釈剤のような、１種以上の追加的な構成要素を含む組成物の形態で投与される。任意選択的に、組成物は、１種以上の生理的に活性な薬剤をその上含む。様々な特定の実施形態では、組成物は、１種以上の抗原結合性タンパク質（例えば、ヒト抗体）または干渉ＲＮＡに加えて、１、２、３、４、５または６種の生理的に活性な薬剤を含む。
【０３７６】
１種以上の抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡ、および本明細書に記述されている状態のいずれかを処置する際における使用のためのラベルまたは他の説明書を含む、医師による使用のためのキットが提供される。一実施形態では、キットは、本明細書に開示されている組成物の形態であってもよく、１個以上のバイアル内に存在し得る、１種以上のヒト抗体または１種以上の干渉ＲＮＡの無菌調製物を含む。
【０３７７】
投与の投薬量および頻度は、投与経路、用いられる特定の抗原結合性タンパク質または

干渉ＲＮＡ、処置されるべき疾患の性質および重症度、状態が急性であるか慢性であるか、ならびに対象のサイズおよび全身状態のような因子に従って変動し得る。適切な投薬量は、関連技術分野、例えば、用量漸増試験が関与し得る臨床治験で、公知の手順によって決定することができる。

【０３７８】

抗原結合性タンパク質、例えば、モノクローナル抗体または干渉ＲＮＡは、例えば、１回または２回以上、例えば、ある期間にわたって規則的な間隔で、投与され得る。特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡは、１ヶ月以上に少なくとも１回の期間にわたって、例えば、１、２もしくは３ヶ月間またはさらには無期限に投与される。慢性状態を処置するために、長期処置が一般に最も有効である。しかし、急性状態を処置するため、より短い期間、例えば、１から６週間の投与で十分な場合もある。一般に、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡは、患者が、選ばれた指標（単数または複数）に関するベースラインを上回る、医学的に関連した程度の改善をあらわすまで投与される。

【０３７９】

本明細書に提供されている治療レジメンの一例は、１週間に１回または２週間に１回または１ヶ月間に１回、１ヶ月間おきに１回、３ヶ月間に１回、６ヶ月間以上に１回の、適切な投薬量における、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２を発現する細胞を標的とすることが望まれる状態を処置するための、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡの皮下注射を含む。抗原結合性タンパク質の毎週または毎月投与は、所望の結果が達成されるまで、例えば、対象の症状が鎮静するまで続けることができる。処置は、必要に応じて再開してもよく、または代わりに、維持用量が投与されてもよい。

【０３８０】

一部の実施形態では、表１８．１、１８．２、１９．３および１９．４におけるマーカーの１種以上を使用して、投与されたＡＳＧＲ阻害剤（例えば、抗原結合性タンパク質および／または抗体および／またはＲＮＡｉ）の量が、その意図される治療適用に十分であるか否か決定することができる。一部の実施形態では、表１８．１、１８．２、１９．３および１９．４の１種以上に概要を述べるタンパク質に関するタンパク質レベルにおける変更の１種以上が、抗原結合性タンパク質、抗体および／またはＲＮＡｉの投与に応答して変化する場合、抗原結合性タンパク質、抗体および／またはＲＮＡｉは、宿主において効果を有する。一部の実施形態では、所望の量へと非ＨＤＬコレステロールのレベルを変更する、またはこれを所望の量だけ低下させる場合、量は十分である。一部の実施形態では、使用されるマーカーは、表１９．４の段１、２、３、４および５の１種以上におけるものの１種以上であってもよい。一部の実施形態では、使用されるマーカーは、表１９．４の段１および５の１種以上におけるものの１種以上であってもよい。

【０３８１】

併用療法

本発明の方法および組成物の特定の実施形態は、少なくとも１種の抗原結合性タンパク質および／または干渉ＲＮＡ、ならびに例えば心血管疾患の処置または予防に有用な１種以上の他の治療薬の使用が関与する。一実施形態では、抗原結合性タンパク質および／または干渉ＲＮＡは、単独で、または患者が患う状態の処置に有用な他の薬剤と組み合わせて投与される。このような薬剤の例として、タンパク質性および非タンパク質性薬物の両方が挙げられる。複数の治療薬が同時投与される場合、関連技術分野で認識される通りに、適宜投薬量が調整されてもよい。「同時投与」および併用療法は、同時投与に限定されないが、抗原結合性タンパク質が、患者への少なくとも１種の他の治療剤の投与が関与する処置の経過において少なくとも１回投与される処置レジメンも含む。ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡは、少なくとも１種の他の治療剤の投与に先立ち投与される。ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡは、少なくとも１種の他の治療剤の投与と同時に投与される。ある特定の実施形態では、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡは、少なくとも１種の他の治療剤の投与の後に投与される。

【０３８２】
一実施形態では、少なくとも１種の抗原結合性タンパク質または抗体および／または干渉ＲＮＡは、抗ＰＣＳＫ９抗体（例えば、Ｒｅｐａｔｈａ（登録商標）、Ｐｒａｌｕｅｎｔ（登録商標）、ボコシズマブ）と組み合わせて対象に投与される。別の実施形態では、少なくとも１種の抗原結合性タンパク質もしくは抗体および／または干渉ＲＮＡは、少なくとも１種の他のコレステロール低減（血清および／または全身コレステロール）剤と組み合わせて対象に投与される。一部の実施形態では、ＬＤＬＲの発現を増加させる薬剤は、血清ＨＤＬレベルを増加させる、ＬＤＬレベルを低減する、またはトリグリセリドレベルを低減することが観察された。例示的な薬剤として、スタチン（例えば、アトルバスタチン、セリバスタチン、フルバスタチン、ロバスタチン、メバスタチン、ピタバスタチン、プラバスタチン、ロスバスタチン、シンバスタチン）、ニコチン酸（ナイアシン）（ＮＩＡＣＯＲ、ＮＩＡＳＰＡＮ（徐放ナイアシン）、ＳＬＯ－ＮＩＡＣＩＮ（徐放ナイアシン））、フィブリン酸（ＬＯＰＩＤ（ゲムフィブロジル）、ＴＲＩＣＯＲ（フェノフィブレート）、胆汁酸捕捉剤（ＱＵＥＳＴＲＡＮ（コレスチラミン）、コレセベラム（ＷＥＬＣＨＯＬ）、ＣＯＬＥＳＴＩＤ（コレスチポール））、コレステロール吸収阻害剤（ＺＥＴＩＡ（エゼチミブ））、ニコチン酸とスタチンとの組み合わせ（ＡＤＶＩＣＯＲ（ロバスタチンおよびＮＩＡＳＰＡＮ）、スタチンと吸収阻害剤との組み合わせ（ＶＹＴＯＲＩＮ（ＺＯＣＯＲおよびＺＥＴＩＡ）および／または脂質修飾剤が挙げられるがこれらに限定されない。一部の実施形態では、少なくとも１種の抗原結合性タンパク質および／または干渉ＲＮＡは、ＰＰＡＲガンマアゴニスト、ＰＰＡＲアルファ／ガンマアゴニスト、スクアレンシンターゼ阻害剤、ＣＥＴＰ阻害剤、降圧薬、抗糖尿病剤（スルホニル尿素、インスリン、ＧＬＰ－１アナログ、ＤＤＰＩＶ阻害剤等）、ＡｐｏＢモジュレーター、ＭＴＰ阻害剤および／または閉塞性動脈硬化症処置と組み合わされる。一部の実施形態では、少なくとも１種の抗原結合性タンパク質および／または干渉ＲＮＡは、スタチン、オンコスタチンＭ等のある特定のサイトカイン、エストロゲンおよび／またはベルベリンのようなある特定の薬草部分等の、対象におけるＬＤＬＲタンパク質のレベルを増加させる薬剤と組み合わされる。一部の実施形態では、少なくとも１種の抗原結合性タンパク質および／または干渉ＲＮＡは、対象における血清コレステロールレベルを増加させる薬剤（ある特定の抗精神病剤、ある特定のＨＩＶプロテアーゼ阻害剤、高フルクトース、スクロース、コレステロールまたはある特定の脂肪酸のような食事性因子、ならびにＲＸＲ、ＲＡＲ、ＬＸＲ、ＦＸＲのためのある特定の核受容体アゴニストおよびアンタゴニストのような）と組み合わされる。２種の組合せは、他の薬剤の望ましくない副作用が、抗原結合性タンパク質または干渉ＲＮＡによって緩和されることを可能にする場合がある。

【０３８３】
診断使用
一実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、生体試料におけるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の存在の検出に有用である。用語「検出」は、本明細書で使用される場合、定量的または定性的検出を包含する。ある特定の実施形態では、生体試料は、細胞または組織を含む。ある特定の実施形態では、このような組織は、他の組織と比べてより高いレベルでＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２を発現する組織を含む。

【０３８４】
一実施形態では、本発明は、生体試料におけるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の存在を検出する方法を提供する。ある特定の実施形態では、本方法は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への抗原結合性タンパク質の結合に許容的な条件下で、本発明の抗原結合性タンパク質と生体試料を接触させるステップ、ならびに抗原結合性タンパク質ならびにＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の間で複合体が形成されるか検出するステップを含む。

【０３８５】
一実施形態では、本発明は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発

現増加または減少に関連する障害を診断する方法を提供する。ある特定の実施形態では、本方法は、抗原結合性タンパク質と被験細胞を接触させるステップ；ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への抗原結合性タンパク質の結合を検出することにより、被験細胞によるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のレベル（定量的にまたは定性的に）を決定するステップ；ならびに被験細胞によるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のレベルを、対照細胞（例えば、被験細胞と同じ組織起源の正常細胞、またはこのような正常細胞に匹敵するレベルでＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２を発現する細胞）によるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のレベルと比較するステップであって、対照細胞と比較して被験細胞によるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のより高いまたは低いレベルが、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現増加または減少に関連する障害の存在を示す、ステップを含む。ある特定の実施形態では、被験細胞は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現増加または減少に関連する障害を有すると疑われる個体から得られる。

【０３８６】

ある特定の実施形態では、上に記載されているもののような診断または検出の方法は、細胞表面において、またはその表面にＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２を発現する細胞から得られる膜調製物において発現されたＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への本発明の抗原結合性タンパク質の結合を検出するステップを含む。ある特定の実施形態では、本方法は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への本発明の抗原結合性タンパク質の結合に許容的な条件下で、抗原結合性タンパク質と細胞を接触させるステップ、ならびに本発明の抗原結合性タンパク質ならびに細胞表面におけるＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の間に複合体が形成されるか否かを検出するステップを含む。細胞表面に発現されたＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への本発明の抗原結合性タンパク質の結合を検出するための例示的なアッセイは、「ＦＡＣＳ」アッセイである。

【０３８７】

ある特定の他の方法を使用して、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２への本発明の抗原結合性タンパク質の結合を検出することができる。このような方法として、ウェスタンブロット、ラジオイムノアッセイ、ＥＬＩＳＡ（酵素結合免疫吸着測定法）、「サンドイッチ」イムノアッセイ、免疫沈降アッセイ、蛍光イムノアッセイ、プロテインＡイムノアッセイおよび免疫組織化学的検査（ＩＨＣ）のような、本技術分野で周知の抗原結合アッセイが挙げられるがこれらに限定されない。

【０３８８】

ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は標識されている。標識として、直接的に検出される標識または部分（蛍光、発色団、高電子密度、化学発光および放射性標識のような）と共に、例えば、酵素反応または分子相互作用により間接的に検出される酵素またはリガンドのような部分が挙げられるが、これらに限定されない。例示的な標識として、放射性同位元素^{32}Ｐ、^{14}Ｃ、^{125}Ｉ、^{3}Ｈおよび^{131}Ｉ、希土類キレートのようなフルオロフォア、またはフルオレセインおよびその誘導体、ローダミンおよびその誘導体、ダンシル、ウンベリフェロン、ルシフェラーゼ、例えば、ホタルルシフェラーゼおよび細菌ルシフェラーゼ（米国特許第４，７３７，４５６号）、ルシフェリン、２，３－ジヒドロフタラジンジオン、西洋わさびペルオキシダーゼ（ＨＲＰ）、アルカリホスファターゼ、ベーターガラクトシダーゼ、グルコアミラーゼ、リゾチーム、サッカライドオキシダーゼ、例えば、グルコースオキシダーゼ、ガラクトースオキシダーゼおよびグルコース－６－リン酸デヒドロゲナーゼ、ウリカーゼのような複素環オキシダーゼ、ならびにＨＲＰのような色素前駆体の酸化に過酸化水素を用いる酵素とカップリングされたキサンチンオキシダーゼ、ラクトペルオキシダーゼまたはミクロペルオキシダーゼ、ビオチン／アビジン、スピン標識、バクテリオファージ標識、安定フリーラジカルその他が挙げられるがこれらに限定されない。

【０３８９】
ある特定の実施形態では、本発明の抗原結合性タンパク質は、不溶性マトリクスに固定化される。固定化は、溶液中に遊離したままの任意のＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２から、本発明の抗原結合性タンパク質が分離することを必要とする。これは従来、水不溶性マトリクスもしくは表面への吸着によるような、アッセイ手順前の本発明の抗原結合性タンパク質の不溶化（例えば、Ｂｅｎｎｉｃｈら、米国特許第３，７２０，７６０号を参照）、または共有結合カップリング（例えば、グルタルアルデヒド架橋を使用）、または例えば、免疫沈降による、本発明の抗原結合性タンパク質ならびにＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の間の複合体の形成後の本発明の抗原結合性タンパク質の不溶化によって、達成される。

【０３９０】
本発明について記載してきたが、次の実施例は、限定ではなく例証として提供されている。

【０３９１】
多数の配列が本明細書に提供されている。配列に矛盾がある場合、他に指示されない限り、図中に提示されている表における配列が優先する。同じコンセンサス配列の間に任意の意図されない差がある場合、（そうでないことが記載されない限り）図（図中の表から）に提供されているコンセンサス配列が優先する。任意のさらなる不一致（ｄｅｓｃｒｅｐａｎｃｉｅｓ）（単なる代替配列ではない）に関して、他に指定がない限り、表１－７内の配列が優先する。図は、様々な核酸およびアミノ酸配列の複数の配列、配列アラインメントおよび配列構成要素を含む。本明細書は、指定の表および／または指定の図の観点からこの情報を参照する。必要に応じて、どちらの参照（図または表による）が使用されてもよく、どちらの指定（図または表）も代替の指定をも示す。よって、図４８は表１を指定し、図４９は表２を指定し、図５０は表３を指定し、図５１は表４を指定し、図５２は表５を指定し、図５３は表６を指定し、図５４は表７を指定し、図５５は表１９Ａ、１９Ｂ、１９Ｃ、２０Ａ、２０Ｂおよび２０Ｃを指定し、図５６は表２１－４８を指定し、図５７は表４９－１３４を指定し、逆もまた同じである。そのようなものとして、上述の図または表に関する本明細書における任意の記述は、「表」または「図」の命名法に関して互換的である。

【実施例】

【０３９２】
［実施例１］
ＡＳＧＲ－１機能を破壊し、非ＨＤＬコレステロールを低下させ、冠動脈疾患を防ぐ希少配列バリアントの同定
循環非高密度リポタンパク質（非ＨＤＬ）コレステロールのレベルは遺伝性であり、冠動脈疾患（ＣＡＤ）および心筋梗塞（ＭＩ）のリスクと強く相関する。全ゲノム配列決定は、血清脂質レベルに対して大きな影響を及ぼし、したがって、ＣＡＤおよびＭＩのような心血管疾患のリスクを有する希少配列バリアントを探し出す可能性を与える。

【０３９３】
方法
研究参加者：
様々な脂質特性（非ＨＤＬコレステロール、ＨＤＬコレステロール、ＬＤＬコレステロールおよびトリグリセリド）、アルカリホスファターゼ（ＡＬＰ）、フェリチンおよびビタミンＢ１２を測定するために使用される、アイスランド、デンマークおよびオランダからの集団試料セットの詳細を表１．２にまとめる。フェリチンについてのデータセットは示していない。研究の一部であった冠動脈疾患症例対照試料セットを表１．１にまとめる。

【０３９４】
アイスランド人研究集団
研究参加者をｄｅＣＯＤＥにおいて様々な遺伝的プログラムの一部として登録した。血中脂質レベル（総コレステロール、非高密度リポタンパク質コレステロール（非ＨＤＬ－

Ｃ）、低密度リポタンパク質コレステロール（ＬＤＬ－Ｃ）、高密度リポタンパク質コレステロール（ＨＤＬ－Ｃ）およびトリグリセリド）、アルカリホスファターゼおよびビタミンＢ１２レベルをアイスランドにおける最大の研究所のうちの３つから得た：１）Ｌａｎｄｓｐｉｔａｌｉ－Ｔｈｅ Ｎａｔｉｏｎａｌ Ｕｎｉｖｅｒｓｉｔｙ Ｈｏｓｐｉｔａｌ ｏｆ Ｉｃｅｌａｎｄ（ＬＵＨ）、Ｒｅｙｋｊａｖｉｋ（１９９３年から２０１２年の間に実施した測定、入院および外来患者）、２）Ｍｊｏｄｄにおける研究所（ＲＡＭ）、Ｒｅｙｋｊａｖｉｋ（２００４年から２０１２年の間に実施した測定、外来患者）および３）Ａｋｕｒｅｙｒｉ Ｈｏｓｐｉｔａｌ、Ｔｈｅ Ｒｅｇｉｏｎａｌ Ｈｏｓｐｉｔａｌ ｉｎ Ｎｏｒｔｈ Ｉｃｅｌａｎｄ、Ａｋｕｒｅｙｒｉ（２００４年から２０１０年の間に実施した、入院および外来患者）。参加者に関する情報を表１．２にまとめる。脂質レベルを、性別、生年および測定時の年齢、脂質低下薬および測定部位について、個体の複数回測定の平均を使用して調整し、次いで分位数正規化を使用して標準正規分布に正規化した。効果推定値をｍｍｏｌ／Ｌにおいて得るために、回帰解析からの推定値に集団における脂質レベルの推定標準偏差を掛けた。それらのおおよその対数正規分布を考慮して、トリグリセリドレベルを調整前に対数変換し、対応する効果推定値をｍｍｏｌ／Ｌの単位の代わりに変化パーセンテージとして提示する。アイスランドにおける非ＨＤＬコレステロール、ＬＤＬコレステロール、ＨＤＬコレステロールおよびトリグリセリドを有する個体の総数を以下の表１．３に示す。各脂質について、チップ分類し（ｃｈｉｐ－ｔｙｐｅｄ）かつ直接インピュートした個体ならびに家族性インピュテーションを有する個体の数も示す。

【０３９５】

【表５】

表1.3: アイスランド人の研究参加者の脂質レベル

	非HDL-C	LDL-C	HDL-C	トリグリセリド
総数	119,146	53,841	119,514	80,111
直接インピュテーション	69,277	51,029	69,414	59,678
家族性インピュテーション	49,869	2,812	50,100	20,433
研究において使用した脂質値を有するアイスランド人の個体の総数ならびにチップにより型を決定し直接インピュートした個体(直接インピュテーション)ならびにチップにより型を決定した個体の一等親および二等親血縁者であり、家系図に基づいて推測したそれらの遺伝子型を有する個体(家族性インピュテーション)の内訳。				

【０３９６】

非ＨＤＬコレステロールを、総コレステロールからＨＤＬコレステロールを差し引くことによって得、全てのアテローム生成リポタンパク質粒子（ＶＬＤＬ、ＩＤＬ、ＬＤＬ、カイロミクロンおよびＬｐ（ａ））内に運搬されたコレステロールの量を測定する。Ｆｒｉｅｄｅｗａｌｄ式（トリグリセリドレベル＜４．００ｍｍｏｌ／Ｌについて）（Ｆｒｉｅｄｅｗａｌｄ，Ｗ．Ｔ．、Ｌｅｖｙ，Ｒ．Ｉ．およびＦｒｅｄｒｉｃｋｓｏｎ，Ｄ．Ｓ．Ｅｓｔｉｍａｔｉｏｎ ｏｆ ｔｈｅ ｃｏｎｃｅｎｔｒａｔｉｏｎ ｏｆ ｌｏｗ－ｄｅｎｓｉｔｙ ｌｉｐｏｐｒｏｔｅｉｎ ｃｈｏｌｅｓｔｅｒｏｌ ｉｎ ｐｌａｓｍａ，ｗｉｔｈｏｕｔ ｕｓｅ ｏｆ ｔｈｅ ｐｒｅｐａｒａｔｉｖｅ ｕｌｔｒａｃｅｎｔｒ

ｉｆｕｇｅ．Ｃｌｉｎ．Ｃｈｅｍ．１８、４９９－５０２頁（１９７２年））を使用してＬＤＬコレステロールを算出した。総コレステロールおよびＨＤＬ－コレステロール値は空腹および非空腹値の混合であるのに対して、トリグリセリドは空腹値のみである。

【０３９７】

冠動脈疾患（ＣＡＤ）は、ａ）１９８１年から２００２年の間にアイスランドにおいて７５歳前に心筋梗塞（ＭＩ）を患っており、ＭＯＮＩＣＡ基準を満たしていたＭＯＮＩＣＡ登録における個体（Ｇｕｄｂｊａｒｔｓｓｏｎら、Ｌａｒｇｅ－ｓｃａｌｅ ｗｈｏｌｅ－ｇｅｎｏｍｅ ｓｅｑｕｅｎｃｉｎｇ ｏｆ ｔｈｅ Ｉｃｅｌａｎｄｉｃ ｐｏｐｕｌａｔｉｏｎ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１５年）、ｂ）ＬＵＨからＣＡＤ退院時診断を受けた対象（ＩＣＤ９コード４１０．＊、４１１．＊、４１２．＊、４１４．＊またはＩＣＤ１０コードＩ２０．０、Ｉ２１．＊、Ｉ２２．＊、Ｉ２３．＊、Ｉ２４．＊、Ｉ２５．＊）、ｃ）１９８７年から２０１２年の間にＬＵＨにて冠動脈造影および経皮冠動脈インターベンションの全国的な臨床登録から同定された顕著な血管造影ＣＡＤ（以下に定義されているものを参照）と診断された対象、ｄ）２００２年から２０１１年の間にＬＵＨにて冠動脈バイパス移植（ＣＡＢＧ）処置を受けている対象またはｅ）１９９６年から２００９年の間に死亡登録においてＭＩもしくはＣＡＤ（ＩＣＤ９もしくは１０コード）として挙げられた死因もしくは死因の一因、と定義した。全国的な登録における冠動脈造影図をインターベンショナル心臓専門医によって評価した。３つの主要な心外膜冠状血管または左主冠動脈のうちの１つ以上が目測によって少なくとも５０％の狭窄を有することが見出された場合、患者は顕著な血管造影ＣＡＤを有するとみなした。

【０３９８】

アイスランド人でない研究集団

アイスランド人でない試料セットの特徴を表１．１および表１．２にまとめる。表１．１および１．２にまとめた研究の全ては、適切な生命倫理および／またはデータ保護機関によって承認された。Ｎｉｊｍｅｇｅｎ Ｂｉｏｍｅｄｉｃａｌ Ｓｔｕｄｙ、オランダからの試料に関して、脂質値（すなわち、総コレステロール、ＨＤＬ－コレステロールおよびトリグリセリド）は全て非空腹値であった。デンマーク人Ｉｎｔｅｒ９９およびＡｄｄｉｔｉｏｎ研究からの試料に関して、脂質値は全て空腹値であった。生体試料を提供した全ての参加対象は、インフォームドコンセントに署名している。表現型および生体試料の個人識別は、Ｉｃｅｌａｎｄｉｃ Ｄａｔａ Ｐｒｏｔｅｃｔｉｏｎ Ａｕｔｈｏｒｉｔｙによって提供された第三者システムによって暗号化した。

【０３９９】

データ生成および解析

全ゲノム配列決定、ＳＮＰ呼び出しおよびインピュテーション

アイスランド人の試料を、Ｉｌｌｕｍｉｎａマイクロアレイを使用して遺伝子型を決定した（Ｓａｍａｎｉ ＮＪら、Ｇｅｎｏｍｅｗｉｄｅ ａｓｓｏｃｉａｔｉｏｎ ａｎａｌｙｓｉｓ ｏｆ ｃｏｒｏｎａｒｙ ａｒｔｅｒｙ ｄｉｓｅａｓｅ．Ｔｈｅ Ｎｅｗ Ｅｎｇｌａｎｄ ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ ｍｅｄｉｃｉｎｅ ２００７年；３５７：４４３－５３頁）。２，６３６人のアイスランド人の全ゲノムを、標準的なＴｒｕＳｅｑ法（Ｉｌｌｕｍｉｎａ）を使用して少なくとも１０倍（中央値２０倍）の平均深度まで配列決定した（Ｓａｍａｎｉ ＮＪら、Ｇｅｎｏｍｅｗｉｄｅ ａｓｓｏｃｉａｔｉｏｎ ａｎａｌｙｓｉｓ ｏｆ ｃｏｒｏｎａｒｙ ａｒｔｅｒｙ ｄｉｓｅａｓｅ．Ｔｈｅ Ｎｅｗ Ｅｎｇｌａｎｄ ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ ｍｅｄｉｃｉｎｅ ２００７年；３５７：４４３－５３頁）。ＡＳＧＲ－１遺伝子におけるＧＣリッチイントロン４の改善された配列決定カバレッジに関して、７３８人のアイスランド人について作成した全ゲノム配列データを、Ｉｌｌｕｍｉｎａ製のＴｒｕＳｅｑ ＰＣＲフリー法（３０倍の平均深度）を使用して解析した。ＡＳＧＲ－１のイントロン４におけるｄｅｌ１２バリアントをこのデータセットにおいて検出した。

【０４００】

単一トラックアッセイ（Ｓｉｎｇｌｅ－Ｔｒａｃｋ ａｓｓａｙ）ＳＮＰおよびマイクロ

サテライト遺伝子型決定：
本発明者らは、Ｃｅｎｔａｕｒｕｓ（Ｎａｎｏｇｅｎ）プラットフォーム（Ｇｒｅｔａｒｓｄｏｔｔｉｒ Ｓら、Ｇｅｎｏｍｅ－ｗｉｄｅ ａｓｓｏｃｉａｔｉｏｎ ｓｔｕｄｙ ｉｄｅｎｔｉｆｉｅｓ ａ ｓｅｑｕｅｎｃｅ ｖａｒｉａｎｔ ｗｉｔｈｉｎ ｔｈｅ ＤＡＢ２ＩＰ ｇｅｎｅ ｃｏｎｆｅｒｒｉｎｇ ｓｕｓｃｅｐｔｉｂｉｌｉｔｙ ｔｏ ａｂｄｏｍｉｎａｌ ａｏｒｔｉｃ ａｎｅｕｒｙｓｍ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１０年；４２：６９２頁）を使用してｒｓ１８６０２１２０６の単一ＳＮＰ遺伝子型決定を実施した。ｄｅｌ１２バリアントを、以下のプライマー：フォワード（ｆｏｒｗｒｄ）プライマー（ＮＥＤ標識化）５’－ＴＴＣＡＴＣＴＴＴＣＴＴＣＣＣＡＣＡＴＴＧＣ－３’（ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：３２６００）、リバース（ｒｅｖｅｒｓｅ）プライマー５’－ＧＧＧＣＣＴＧＡＧＡＧＡＧＡＣＧＴＴＣＡ－３’（ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：３２６０１）を用いてＰＣＲベースの方法を使用して遺伝子決定した。内部サイズ標準を得られたＰＣＲ産物に加え、断片を分離し、社内のＡｌｌｅｌｅ ＣａｌｌｅｒソフトウェアをＡｐｐｌｉｅｄ Ｂｉｏｓｙｓｔｅｍｓモデル３７３０シーケンサーにおいて検出した。

【０４０１】

統計的解析：
アイスランド人のデータセットにおけるインピュートした遺伝子型と、血清脂質（非ＨＤＬコレステロール、ＨＤＬコレステロール、ＬＤＬコレステロールおよびトリグリセリド）、ＡＬＰ、フェリチンおよびビタミンＢ１２レベルとの間の関連性を、追加の遺伝モデルを仮定して、一般化線形回帰を使用して試験した（Ｓａｍａｎｉ ＮＪら、Ｇｅｎｏｍｅｗｉｄｅ ａｓｓｏｃｉａｔｉｏｎ ａｎａｌｙｓｉｓ ｏｆ ｃｏｒｏｎａｒｙ ａｒｔｅｒｙ ｄｉｓｅａｓｅ．Ｔｈｅ Ｎｅｗ Ｅｎｇｌａｎｄ ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ ｍｅｄｉｃｉｎｅ ２００７年；３５７：４４３－５３頁；およびＯｌｓｅｎ ＭＨら、Ｎ－ｔｅｒｍｉｎａｌ ｐｒｏ－ｂｒａｉｎ ｎａｔｒｉｕｒｅｔｉｃ ｐｅｐｔｉｄｅ，ｂｕｔ ｎｏｔ ｈｉｇｈ ｓｅｎｓｉｔｉｖｉｔｙ Ｃ－ｒｅａｃｔｉｖｅ ｐｒｏｔｅｉｎ，ｉｍｐｒｏｖｅｓ ｃａｒｄｉｏｖａｓｃｕｌａｒ ｒｉｓｋ ｐｒｅｄｉｃｔｉｏｎ ｉｎ ｔｈｅ ｇｅｎｅｒａｌ ｐｏｐｕｌａｔｉｏｎ．Ｅｕｒｏｐｅａｎ ｈｅａｒｔ ｊｏｕｒｎａｌ ２００７年；２８：１３７４－８１頁）。アイスランド人のデータセットに関して、ロジスティック回帰を使用して、疾患状態を応答として、個体が保有するｄｅｌ１２のコピー数を説明変数として取り扱って、ｄｅｌ１２バリアントと冠動脈疾患および心筋梗塞との間の関連性を試験した。アイスランド人でない試料セットについての冠動脈疾患症例対照関連性解析を、乗法リスクモデルを仮定するＮＥＭＯソフトウェア（Ｊｏｒｇｅｎｓｅｎ ＡＢら、Ｌｏｓｓ－ｏｆ－ｆｕｎｃｔｉｏｎ ｍｕｔａｔｉｏｎｓ ｉｎ ＡＰＯＣ３ ａｎｄ ｒｉｓｋ ｏｆ ｉｓｃｈｅｍｉｃ ｖａｓｃｕｌａｒ ｄｉｓｅａｓｅ．Ｔｈｅ Ｎｅｗ Ｅｎｇｌａｎｄ ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ ｍｅｄｉｃｉｎｅ ２０１４年；３７１：３２－４１頁）を使用して行った。アイスランド人およびアイスランド人でない試料セットについての結果を、Ｍａｎｔｅｌ－Ｈａｅｎｓｚｅｌ固定効果モデルを使用して組み合わせた。心筋梗塞のない生存に対するｄｅｌ１２バリアントの効果を推定するために、対応するカイ二乗検定を、非ＨＤＬコレステロールについて１．３６、ＨＤＬコレステロールについて１．５７、トリグリセリドについて１．４０、ＡＬＰについて１．５３、ビタミンＢ１２について１．３０、冠動脈疾患について１．７１および心筋梗塞について１．４８で割ることによって、カプランマイヤー曲線によりヘテロ接合体保因者および非保因者における最初の心筋梗塞に対する生存を推定した（Ｈｏｏｇｅｎｄｏｏｒｎ ＥＨら、Ｔｈｙｒｏｉｄ ｆｕｎｃｔｉｏｎ ａｎｄ ｐｒｅｖａｌｅｎｃｅ ｏｆ ａｎｔｉ－ｔｈｙｒｏｐｅｒｏｘｉｄａｓｅ ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ ｉｎ ａ ｐｏｐｕｌａｔｉｏｎ ｗｉｔｈ ｂｏｒｄｅｒｌｉｎｅ ｓｕｆｆｉｃｉｅｎｔ ｉｏｄｉｎｅ ｉｎｔａｋｅ：ｉｎｆｌｕｅｎｃｅｓ ｏｆ ａｇｅ ａｎｄ ｓｅｘ．Ｃｌｉｎｉｃａｌ ｃｈｅｍｉｓｔｒｙ ２００６年；５２：１０４－１１頁）。

【０４０２】

ｄｅｌ１２バリアントの信頼できるインピュテーションを得るために、３，７９９人の

アイスランド人の個体をｄｅｌ１２バリアントについて遺伝子型を決定し、それらの遺伝子型を、アイスランド人の集団の残りへのｄｅｌ１２バリアントのインピュテーションのためのトレーニングセットとして使用した。ｄｅｌ１２についてのインピュテーション情報は０．９９であった。

【０４０３】

アイスランド人の試料を、上記のようにＩｌｌｕｍｉｎａマイクロアレイを使用して遺伝子型決定した（Ｇｕｄｂａｒｔｓｓｏｏｎ，ＤＦら、Ｌａｒｇｅ Ｓｃａｌｅ ｗｈｏｌｅ－ｇｅｎｏｍｅ ｓｅｑｕｅｎｃｉｎｇ ｏｆ ｔｈｅ Ｉｃｅｌａｎｄｉｃ ｐｏｐｕｌａｔｉｏｎ．Ｎａｔｕｒｅ Ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１５年）。２，６３６人のアイスランド人の全ゲノムを、Ｉｌｌｕｍｉｎａの標準的なＴｒｕＳｅｑ法を使用して少なくとも１０倍（中央値２０倍）の平均深度まで配列決定した（Ｄｉ Ａｎｇｅｌａｎｔｏｎｉｏ Ｅら、Ｍａｊｏｒ ｌｉｐｉｄｓ，ａｐｏｌｉｐｏｐｒｏｔｅｉｎｓ，ａｎｄ ｒｉｓｋ ｏｆ ｖａｓｃｕｌａｒ ｄｉｓｅａｓｅ．Ｊａｍａ ２００９年；３０２：１９９３－２０００頁）。合計３５５０万人の常染色体ＳＮＰおよびＩＮＤＥＬを、Ｇｅｎｏｍｅ Ａｎａｌｙｓｉｓ Ｔｏｏｌｋｉｔバージョン２．３．９を使用して同定した。全ての配列決定した個体をまた、チップ分類し、広域相解析した（ｌｏｎｇ－ｒａｎｇｅ－ｐｈａｓｅｄ）という事実を利用して、ハプロタイプ共有についての情報を使用してバリアント遺伝子型決定を改善した。Ｅｎｓｅｍｂｌｅ ｒｅｌｅａｓｅ ７２およびＶａｒｉａｎｔ Ｅｆｆｅｃｔ Ｐｒｅｄｉｃｔｏｒ（ＶＥＰ）バージョン２．８を使用してバリアントをアノテーションした。見出した３５５０万の配列バリアントのうち、２５３０万のバリアントは品質閾値を超え、Ｉｌｌｕｍｉｎａチップを使用して遺伝子型を決定した１０４，２２０人のアイスランド人にインピュートした。さらに、アイスランド人の系図を使用して、遺伝子型の確率を、１８８０年以降に誕生したチップ分類した個体の一親等および二親等血縁者である２９４，２１２人の型を決定していない個体について算出した（Ｇｕｄｂａｒｔｓｓｏｏｎ，ＤＦら、Ｌａｒｇｅ Ｓｃａｌｅ ｗｈｏｌｅ－ｇｅｎｏｍｅ ｓｅｑｕｅｎｃｉｎｇ ｏｆ ｔｈｅ Ｉｃｅｌａｎｄｉｃ ｐｏｐｕｌａｔｉｏｎ．Ｎａｔｕｒｅ Ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１５年）。遺伝子型インピュテーションの情報性（インピュテーション情報）を、インピュートした予測されるアレル数の分散と実際のアレル数の分散の比によって推定した：

【０４０４】

【数１】

$$\frac{Var(E(\theta|\text{チップデータ}))}{Var(\theta)}$$

式中、θはアレル数である。Ｖａｒ（Ｅ（θ｜チップデータ））はインピュートした予測される数の観測された分散によって推定され、Ｖａｒ（θ）はｐ（１－ｐ）によって推定され、式中、ｐはアレル頻度である。

【０４０５】

ＡＳＧＲ－１遺伝子におけるＧＣリッチイントロン４の改善された配列決定カバレッジに関して、７３８人のアイスランド人について生成した全ゲノム配列（「ＷＧＳ」）データを、Ｉｌｌｕｍｉｎａ製のＴｒｕＳｅｑ ＰＣＲフリー法（３０倍の平均深度）を使用して解析した。このＰＣＲフリー法は、ＡＳＧＲ－１イントロン４を含むＧＣリッチ領域のはるかに良いカバレッジを与えた。ＡＳＧＲ－１のイントロン４におけるｄｅｌ２バリアントをこのデータセットにおける５人の個体において検出した。

【０４０６】

関連領域（ＡＳＧＲ－１を中心とした１Ｍｂ）の改善されたカバレッジを提供するために、追加の５，８１７人のＷＧＳ個体（２，６３６人のＷＧＳアイスランド人の上位にある）を含む新たなデータセットを解析した。これらの追加の個体を、Ｉｌｌｕｍｉｎａ ＴｒｕＳｅｑ ＰＣＲフリーまたはＴｒｕｅＳｅｑ Ｎａｎｏ法のいずれかを用いて配列決

定した。これらのＩｌｌｕｍｉｎａ ＴｒｕｅＳｅｑ法は、標準的なＩｌｌｕｍｉｎａ ＴｒｕｅＳｅｑ法（中央配列決定深度３２倍）と比較して向上した配列カバレッジを与える。同定した配列バリアントを１５０，６５６人のアイスランド人のチップによりチップ分類した個体にインピュートし、また、チップ分類した個体の一親等および二親等の血縁者（ｐｒｉｍａｒｙ ａｎｄ ｓｅｃｏｎｄａｒｙ ｒｅｌａｔｉｖｅｓ）であってチップ分類されていない者に、系図情報を使用してインピュートした。この拡張したデータセットにおいて、本発明者らは、別の希少な（０．０２７％）新規バリアント、Ｗ１５８Ｘを同定した。Ｗ１５８Ｘバリアントは、２９１アミノ酸全長タンパク質（ＮＰ＿００１６６２．１：ｐ．Ｔｒｐ１５８Ｘ）からアミノ酸１５８における中途終止コドンのフレームシフトおよび導入を引き起こすＡＳＧＲ－１（ＮＭ＿００１６７１．４：ｃ．４６９＿４７２ｄｕｐＡＡＣＴ）のエクソン７における４つのｂｐ ＩＮＤＥＬである。合計で３４５人の個体を、ｃ．４６９＿４７２ｄｕｐＡＡＣＴのインピュテーション予測保因者および非保因者に基づいてサンガー配列決定した。このデータセットにおいて、７９人のｃ．４６９＿４７２ｄｕｐＡＡＣＴ保因者および２７０人の非保因者を同定した。次いでこの遺伝子型データを使用して、バリアントをアイスランド人のデータセットに再インピュートした。非ＨＤＬコレステロールに関して、より多くの試料セット（ｎ＝１３６，２６１）を表１．４Ａおよび１．４Ｂに概説した関連性解析において使用した。

【０４０７】

アイスランド人のデータセットにおけるインピュートした遺伝子型と、血清脂質（非ＨＤＬコレステロール、ＨＤＬコレステロール、ＬＤＬコレステロールおよびトリグリセリド）、ＡＬＰおよびビタミンＢ１２レベルとの間の関連性を、追加の遺伝モデルを仮定して、一般化線形回帰を使用して試験した（Ｇｕｄｂｊａｒｔｓｓｏｎ ＤＦら、Ｌａｒｇｅ－ｓｃａｌｅ ｗｈｏｌｅ－ｇｅｎｏｍｅ ｓｅｑｕｅｎｃｉｎｇ ｏｆ ｔｈｅ Ｉｃｅｌａｎｄｉｃ ｐｏｐｕｌａｔｉｏｎ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１５年；およびＳｔｅｉｎｔｈｏｒｓｄｏｔｔｉｒ Ｖら、Ｉｄｅｎｔｉｆｉｃａｔｉｏｎ ｏｆ ｌｏｗ－ｆｒｅｑｕｅｎｃｙ ａｎｄ ｒａｒｅ ｓｅｑｕｅｎｃｅ ｖａｒｉａｎｔｓ ａｓｓｏｃｉａｔｅｄ ｗｉｔｈ ｅｌｅｖａｔｅｄ ｏｒ ｒｅｄｕｃｅｄ ｒｉｓｋ ｏｆ ｔｙｐｅ ２ ｄｉａｂｅｔｅｓ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１４年；４６：２９４－８頁）。全ての測定値を、年齢、性別および測定部位について調整し、調整および逆正規変換後に利用可能な測定値について平均値を出した。脂質測定値をスタチン使用についてさらに調整した。アイスランド人のデータセットにおいて脂質低下薬を摂取することが知られている個体の除去により、非ＨＤＬコレステロールとの関連性は変化しなかった。効果は、標準化単位において、－０．２９（９５％ＣＩ －０．３８、－０．２０；Ｐ＝４．０×10^{-11}）から－０．３０（－０．３９、－０．２１；Ｐ＝６．７×10^{-11}）に変化した。これにより、非ＨＤＬコレステロール情報を有する合計で１１９，１４６人のうち、１６，２９５人の個体を除くことになった。

【０４０８】

デンマーク人Ｉｎｔｅｒ９９研究、ＡＤＤＩＴＩＯＮデンマークスクリーニングコホートおよびＮｉｊｍｅｇｅｎ ｂｉｏｍｅｄｉｃａｌ ｓｔｕｄｙからの脂質、ＡＬＰおよびビタミンＢ１２測定値を同様に調整し、変換し、Ｒソフトウェアパッケージに実装された線形回帰を使用してｄｅｌ１２およびｒｓ１８６０２１２０６のアレル数との関連性を試験した。異なる集団からの結果を、ＭＥＴＡＬによる逆分散固定効果法を使用して組み合わせた（Ｗｉｌｌｅｒ ＣＪら、ＭＥＴＡＬ：ｆａｓｔ ａｎｄ ｅｆｆｉｃｉｅｎｔ ｍｅｔａ－ａｎａｌｙｓｉｓ ｏｆ ｇｅｎｏｍｅｗｉｄｅ ａｓｓｏｃｉａｔｉｏｎ ｓｃａｎｓ．Ｂｉｏｉｎｆｏｒｍａｔｉｃｓ ２０１０年；２６：２１９０－１頁）。回帰解析からの効果推定値を標準偏差（ＳＤ）の単位において表す。非ＨＤＬコレステロール、ＬＤＬコレステロールおよびＨＤＬコレステロールについてｍｇ／ｄＬにおいて効果推定値を得るために、回帰解析からの推定値に母集団分布の推定ＳＤを掛けた。トリグリセリド、ＡＬＰおよびビタミンＢ１２レベルを、これらの分布がおおよそ対数正規であり、対応する効果推定値が変化パーセンテージとして提示されるので、調整前に対数変換した。

【０４０９】
アイスランド人のデータセットに関して、ロジスティック回帰を使用して、疾患状態を応答として、個体が保有する欠失のコピー数を説明変数として取り扱って、ｄｅｌ１２バリアントと冠動脈疾患および心筋梗塞との間の関連性を試験した。疾患状態と相関する他の利用可能な個体の特徴もまた、確率変数としてモデルに含めた（Ｇｕｄｂｊａｒｔｓｓｏｎ ＤＦら、Ｌａｒｇｅ－ｓｃａｌｅ ｗｈｏｌｅ－ｇｅｎｏｍｅ ｓｅｑｕｅｎｃｉｎｇ ｏｆ ｔｈｅ Ｉｃｅｌａｎｄｉｃ ｐｏｐｕｌａｔｉｏｎ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１５年）。アイスランド人でない試料セットについての冠動脈疾患症例対照関連性解析を、乗法リスクモデルを仮定するＮＥＭＯソフトウェア（Ｇｒｅｔａｒｓｄｏｔｔｉｒ Ｓら、Ｔｈｅ ｇｅｎｅ ｅｎｃｏｄｉｎｇ ｐｈｏｓｐｈｏｄｉｅｓｔｅｒａｓｅ ４Ｄ ｃｏｎｆｅｒｓ ｒｉｓｋ ｏｆ ｉｓｃｈｅｍｉｃ ｓｔｒｏｋｅ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２００３年；３５：１３１－８頁）を使用して行った。アイスランド人およびアイスランド人でない試料セットについての結果を、Ｍａｎｔｅｌ－Ｈａｅｎｓｚｅｌ固定効果モデルを使用して組み合わせた。効果推定値の不均一を、異なる群についての推定オッズ比が、自由度が比較した群の数から１を引いた数に等しい尤度比検定を使用して対数正規分布に従うと仮定して試験した。
【０４１０】
心筋梗塞のない生存に対するｄｅｌ１２バリアントの効果を推定するために、本発明者らは、性別によって階層化し、Ｃｏｘ比例モデルを使用して保因者と非保因者との間の生存の差を試験したヘテロ接合体保因者および非保因者における最初の心筋梗塞に対する生存をカプランマイヤー曲線により推定した。解析は、Ｒソフトウェアパッケージにおける生存ライブラリーを使用して実施した。生存解析は、本発明者らの解析を少なくとも４０歳である生存者に限定した後、８７，７１８人のチップにより遺伝子型を決定したアイスランド人およびチップ分類した個体の４４，６５５人のアイスランド人の一親等および二親等血縁者に基づいた。死は打ち切り事象として処理した。
【０４１１】
ＡＳＧＲ－１におけるｄｅｌ１２バリアントの機能的特徴付け
ｃＤＮＡ調製、増幅、サンガー配列決定および次世代配列決定：
ＲＮＡをｄｅｌ１２の保因者および非保因者由来の血液試料から単離した。ｃＤＮＡ生成後、ＡＳＧＲ－１におけるエクソン３と５の間の領域をＰＣＲ増幅し、同定したＰＣＲ産物（ｄｅｌ１２保因者について２つおよび非保因者について１つ）を、標準的な方法を使用してサンガー配列決定して、同定したｃＤＮＡ産物間の配列の相違を決定した。２つの増幅したｃＤＮＡ ＰＣＲ産物間の比を定量するために、これらを、ＭｉＳｅｑ ｖ２試薬キットと連結したＩｌｌｕｍｉｎａ ＭｉＳｅｑ機器を使用して配列決定した。
【０４１２】
ウェスタンブロット解析：
野性型ＡＳＧＲ－１ ｃＤＮＡおよび２２ｂｐを欠失しているＡＳＧＲ－１ ｃＤＮＡを、２２ｂｐを欠失しているＡＳＧＲ－１転写産物が、ウェスタンブロット解析によって評価されるように安定な切断型ＡＳＧＲ－１タンパク質を生成するか否かを決定するためにＨｅＬａ細胞内で一時的に過剰発現させた。
【０４１３】
Ｑｉａｇｅｎ ＲＮＡ ｍａｘｉキットを使用してＲＮＡを血液試料から単離した。ＲＮＡの濃度および質を、Ａｇｉｌｅｎｔ ２１００ Ｂｉｏａｎａｌｙｚｅｒ（Ａｇｉｌｅｎｔ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ）を使用して決定し、全ての試料は７を超えるＲＩＮ値を有した。ｃＤＮＡ生成後、ＡＳＧＲ－１におけるエクソン３と５の間の領域を、フォワードプライマー、ＣＡＣＴＣＡＧＧＴＣＣＴＴＣＴＧＣＴＧＴＴＴＣ（ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：３２６０２）およびリバースプライマー、５’－ＡＣＣＴＣＧＣＣＴＣＣＴＣＣＴＧＣＴ－３’（ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：３２６０３）を用いてＡｄｖａｎｔａｇｅ（登録商標）２ポリメラーゼキット（Ｃｌｏｎｔｅｃｈ）を使用してＰＣＲ増幅した。得られた産物をアガロースゲル上で分離し、同定したＰＣＲ産物（ｄｅｌ１２保因者について２つおよび非保因

者について１つ）を、同定したｃＤＮＡ産物間の配列の相違を決定するために標準的な方法を使用してサンガー配列決定した。２つの増幅したｃＤＮＡ　ＰＣＲ産物間の比を定量するために、これらを、ＭｉＳｅｑ　ｖ２試薬キットと連結したＩｌｌｕｍｉｎａ　ＭｉＳｅｑ機器を使用して配列決定した。

【０４１４】

ＨｅＬａ細胞内での野性型およびエクソン４の末端に２２ｂｐ欠失を保有する突然変異ＡＳＧＲ－１の一時的過剰発現

野性型および突然変異ＡＳＧＲ－１　ｃＤＮＡの生成およびクローニング：

ＡＳＧＲ－１のｃＤＮＡを、ヒト肝臓ｍａｒａｔｈｏｎ　ｒｅａｄｙ（ＢＤ　ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ　Ｃｌｏｎｔｅｃｈ）ｃＤＮＡでのＰＣＲによって得た。使用したプライマーは、フォワード５’ＧＣＣＡＧＣＣＣＴＡＴＣＡＴＧＡＣＣＡＡ’３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６０４）およびリバース５’ＧＣＡＧＧＴＣＧＡＧＧＣＡＴＴＧＡＡＧＡ’３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６０５）であった。得られたｃＤＮＡは、ＡＳＧＲ－１の開始および終止コドンを含む全てのエクソンを含有した。ＰＣＲ産物を１．６％アガロースゲル上に流し、正確なサイズのバンドを切り出し、製造業者のプロトコールに従ってＱＩＡｑｕｉｃｋゲル抽出キット（ＱＩＡＧＥＮ　２８７０４）を使用して精製した。ｐｃＤＮＡ３．１／Ｖ５－Ｈｉｓ　ＴＯＰＯベクター（Ｉｎｖｉｔｒｏｇｅｎ　Ｋ４８００－０１）内へのＡＳＧＲ－１　ｃＤＮＡのクローニングのために、２μｌのゲル抽出産物を使用し、製造業者のプロトコールに従って、ｐｃＤＮＡ３．１＿ＡＳＧＲ－１＿ＷＴを得た。形質転換したＴＯＰ１０化学的コンピテント細胞（Ｉｎｖｉｔｒｏｇｅｎ　Ｃ４０４０－１０）を、５０μｇ／ｍｌのアンピシリンを含有するＬＢプレート上にプレーティングした。コロニーを、５０μｇ／ｍｌのアンピシリンを含有する３ｍＬのＬＢ培地中で増殖させた。プラスミドを、製造業者のプロトコールに従ってＱＩＡＧＥＮプラスミドミニキット（ＱＩＡＧＥＮ　１２１２５）を使用して精製した。プラスミド配列を、以下の配列決定プライマー：Ｔ７：５‘ＴＡＡＴＡＣＧＡＣＴＣＡＣＴＡＴＡＧＧＧ’３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６０６）、ＢＧＨ：５’ＴＡＧＡＡＧＧＣＡＣＡＧＴＣＧＡＧＧ’３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６０７）およびＡＳＧＲ－１：５’ＧＡＧＧＣＡＡＴＧＴＧＧＧＡＡＧＡＡＡＧＡＴＧ’３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６０８）を使用してサンガー配列決定によって確認した。

【０４１５】

ＡＳＧＲ－１における２２ｂｐ欠失の導入：

ｄｅｌ１２保有ｍＲＮＡを代表するｃＤＮＡを生成するために、標的化突然変異誘発を実施した。Ｑ５部位特異的突然変異誘発キット（Ｎｅｗ　Ｅｎｇｌａｎｄ　ＢｉｏＬａｂｓ　Ｅ０５５４Ｓ）およびｐｃＤＮＡ３．１＿ＡＳＧＲ－１＿ＷＴプラスミドを鋳型として使用した。手短に述べると、ＰＣＲ反応を、以下のプライマー５’ＧＡＧＧＣＡＡＴＧＴＧＧＧＡＡＧＡＡＡＧＡＴＧＡＡＧＴＣＧ‘３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６０９）および５’ＣＴＧＧＧＣＣＴＣＣＧＴＧＣＴＣＧＣ’３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：３２６１０）を使用して実施し、エクソン４の末端において２２ｂｐを欠失している全ｐｃＤＮＡ３．１＿ＡＳＧＲ－１＿ＷＴプラスミドを表す二本鎖ＤＮＡ断片を得た。製造業者の推奨に従って、１ｕＬのＰＣＲ反応を、ＰＣＲ断片をリン酸化し、再環状化し、非突然変異鋳型プラスミドを除去する、ＫＬＤ反応（Ｎｅｗ　Ｅｎｇｌａｎｄ　ＢｉｏＬａｂｓ　Ｅ０５５４Ｓ）において使用した。突然変異プラスミドをＮＥＢ５－アルファコンピテント細胞（Ｎｅｗ　Ｅｎｇｌａｎｄ　ＢｉｏＬａｂｓ　Ｃ２９８７Ｈ）内に形質転換し、５０μｇ／ｍｌのアンピシリンを含有するＬＢプレート上にプレーティングした。コロニーを、５０μｇ／ｍｌのアンピシリンを含有する３ｍｌのＬＢ培地中で増殖させた。プラスミドを、製造業者のプロトコールに従ってＱＩＡＧＥＮプラスミドミニキット（ＱＩＡＧＥＮ　１２１２５）を使用して精製した。ＡＳＧＲ－１＿２２ｂｐ＿ｄｅｌ配列をサンガー配列決定によって確認した。

【０４１６】

培養細胞におけるＡＳＧＲ－１の発現：

トランスフェクションの２日前に、１００，０００個のＨｅＬａ細胞（Ｐｕｂｌｉｃ

Ｈｅａｌｔｈ Ｅｎｇｌａｎｄ ９３０２１０１３）を、１０％のウシ胎仔血清（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ １０５００－０６４）および５０単位／ｍＬのペニシリンおよび５０ｕｇ／ｍＬのストレプトマイシン（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ １５０７０－０６３）を補足した３ｍＬのＤＭＥＭ培地（１１９９５－０６５、ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ）入りの６ウェルプレートの各ウェルに播種した。細胞を加湿インキュベーター内で３７℃および５％CO_2にてインキュベートした。

【０４１７】

トランスフェクションの前日に、培地を、抗生物質を含まないものと置き換えた。トランスフェクションの日に、各々のトランスフェクトしたウェルについて、ＡＳＧＲ－１＿ＷＴまたはＡＳＧＲ－１＿ｄｅｌ２２ ｃＤＮＡを含有する２．５ｕｇのプラスミドを、１２５ｕＬのＯｐｔｉ－Ｍｅｍ培地（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ ３１９８５－０４７）および５ｕＬのＰ３０００試薬（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ Ｌ３０００－００８）中で希釈した。次に、３．７５ｕＬのＬｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ３０００（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ Ｌ３０００－００８）を１２５ｕＬのＯｐｔｉ－Ｍｅｍと混合した。続いて、希釈したプラスミド溶液をＬｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ３０００溶液と１：１の比にて混合し、室温にて５分間インキュベートし、その後、各々のトランスフェクトしたウェルに２５０ｕＬの混合溶液を添加した。

【０４１８】

トランスフェクションの２４時間後、使用済み培地を、抗生物質を含まない新たなものと置き換えた。細胞を採取する４．５時間前に、選択したウェルに１０ｕＭのＭＧ１３２（ＴＯＣＲＩＳ １７４８）を補足した。トランスフェクションの４８時間後に、細胞を、ＰＢＳ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ １４１９０－２５０）によりウェルを２回洗浄することによって解析のために採取し、続いてＰＢＳ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ １５５７５－０２０）中の０．５ｍＭのＥＤＴＡ１ｍＬと共に８分インキュベートした。次に、ＥＤＴＡ溶液を吸引し、２ｍＬの新たな培地をピペット操作することによって細胞を除去した。３×６ウェルを各実験条件についてプールし、細胞を３００×ｇにて５分間遠心沈殿させた。当量の２×６ウェルをウェスタンブロット解析のために２００ｕＬのＲＩＰＡ緩衝液中に溶解させた。残りの細胞を２つに分け、３００ｕＬのＲＬＴ緩衝液（Ｑｉａｇｅｎ ７４１０６）または９００ｕＬの組織および細胞溶解溶液（Ｅｐｉｃｅｎｔｒｅ ＭＴＣ０９６Ｈ）中に溶解させ、それぞれＲＮＡおよびＤＮＡ抽出のためにドライアイス上で急速凍結した。３つの異なる一時的発現実験を行い、全て同じ結果を得た。

【０４１９】

定量的ＰＣＲ解析：

ＲＮＡを、製造業者の推奨に従ってＲＮｅａｓｙ Ｍｉｎｉ Ｋｉｔ（Ｑｉａｇｅｎ ７４１０６）を使用して細胞から単離し、濃度および質をＮａｎｏｄｒｏｐ １０００分光光度計（Ｔｈｅｒｍｏ Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ）により決定した。ｃＤＮＡを、高容量ｃＤＮＡ逆転写酵素キット（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ）を使用して合成した。ＤＮＡを、製造業者の推奨に従ってＭａｓｔｅｒＰｕｒｅ ＤＮＡ Ｐｕｒｉｆｉｃａｔｉｏｎ Ｋｉｔ（Ｅｐｉｃｅｎｔｒｅ ＭＣＤ８５２０１）を使用して細胞から単離した。

【０４２０】

遺伝子発現およびトランスフェクション効率の解析を、フォワード（ＡＧＡＣＣＴＴＣＡＧＣＡＴＣＴＧＧＡＣＡＡＴＧ（ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：３２６１１））およびリバース（ＣＧＡＧＧＴＣＣＧＧＡＧＣＡＧＡＧＡ（ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：３２６１２））プライマーならびにＡＳＧＲ－１遺伝子の蛍光標識化プローブスパニングエクソンジャンクション２－３（６ＦＡＭ－ＣＡＧＡＡＡＡＧＧＧＣＣＡＣＣＴＣ－ＭＧＢ（ＳＥＱ ＩＤ ＮＯ：３２６１３）（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ）を使用してＡＢＩ Ｐｒｉｓｍ ７９００ＨＴ Ｓｅｑｕｅｎｃｅ Ｄｅｔｅｃｔｉｏｎ Ｓｙｓｔｅｍ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ）でのリアルタイムＰＣＲにより全ｃＤＮＡおよびＤＮＡのそれぞれにおいて実施した。ヒトベータアクチンアッセイ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ ４３２６３１５Ｅ）を、インプットｃＤＮＡおよびＤＮＡの正規化を検証するために並行して実施した。

【０４２１】
ウェスタンブロット解析：
　６ウェルプレートの２つのウェルに対応する細胞を、１：１００のＨａｌｔプロテアーゼおよびホスファターゼ阻害剤カクテルを含む２００μｌのＲＩＰＡ緩衝液（Ｔｈｅｒｍｏ　Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ　７８４４２）を使用して溶解させた。溶解物を氷上に１０分間撹拌しながら維持し、続いて２０秒間超音波処理し（Ｂｒａｎｓｏｎ　２５１０）、氷上で１０分間さらに撹拌した。溶解物を４℃にて１５分間、１４，０００×ｇにて遠心沈殿した。溶解物の総タンパク質量を、Ｐｉｅｒｃｅ　ＢＣＡタンパク質アッセイキット（Ｔｈｅｒｍｏ　Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ　２３２２７）を使用して推定した。試料を、Ｎｏｖｅｘ　Ｂｏｌｔ　ＬＤＳ試料緩衝液（４×）（Ｌｉｆｅ　ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ　Ｂ００７）およびＮｏｖｅｘ　Ｂｏｌｔ試料還元剤（１０×）（Ｌｉｆｅ　ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ　Ｂ０００９）を使用して調製し、Ｎｏｖｅｘ　Ｎｕｐａｇｅ　４－１２％Ｂｉｓ－Ｔｒｉｓゲル（Ｌｉｆｅ　ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ　ＮＰ０３３５ＢＯＸ）上に流した。１つのレーン当たりの総タンパク質量は２４μｇであり、ＰａｇｅＲｕｌｅｒ（Ｔｈｅｒｍｏ　ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ　２６６１６）を使用してタンパク質サイズを推定した。ゲルを５０分間２００Ｖに一定して流した。タンパク質を、ｉＢｌｏｔ２（Ｌｉｆｅ　ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ）を使用してニトロセルロース膜（Ｌｉｆｅ　ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ　ＩＢ２３００２）に移した。膜を乾燥させ、次いでＭＱ水により水和し、その後、ブロットした。膜を、Ｏｄｙｓｓｅｙ遮断（ｂｌｏｃｋｉｎｇ）緩衝液ＰＢＳ（Ｌｉ－Ｃｏｒ　９２７－４００００）を使用して室温にて１時間遮断した。使用した一次抗体は、室温にて３時間、０．１％Ｔｗｅｅｎを添加した遮断緩衝液中でインキュベートしたα－ＡＳＧＲ－１（Ｓｉｇｍａ－Ａｌｄｒｉｃｈ　ＨＰＡ０１１９５４）１：５００（アミノ酸１－４１を認識する）およびα－ベーター－アクチン（Ａｂｃａｍ　ａｂ６２７６）１：５０００であった。使用した二次抗体は、室温にて１時間、ＰＢＳＴ＋０．０１％ＳＤＳ中の両方１：２０，０００であるα－ウサギ６８０ＲＤ（Ｌｉ－Ｃｏｒ　９２６－６８０７３）およびα－マウス８００ＣＷ（Ｌｉ－Ｃｏｒ　９２６－３２２１２）であった。膜を洗浄した後、これを乾燥させ、次いでＯｄｙｓｓｅｙ赤外線イメージングシステム（Ｌｉ－Ｃｏｒ　Ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ）を使用して走査した。
【０４２２】
ｄｅＣＯＤＥデータベースにおける他の疾患および特性：
　ｄｅＣＯＤＥ　Ｇｅｎｅｔｉｃｓ表現型データベースは、各分野における専門家との協力よって得られた疾患および特性に関する医療情報を含有する。これは、心血管疾患（例えば、心筋梗塞、冠動脈疾患、末梢動脈疾患、心房細動、洞不全症候群および脳卒中）、代謝障害（例えば、肥満、糖尿病およびメタボリックシンドローム）、精神障害（例えば、統合失調症、双極性障害、不安症および鬱病）、依存症（例えば、ニコチン、アルコール）、炎症性疾患（例えば、関節リウマチ、狼瘡および喘息）、筋骨格障害（例えば、変形性関節症、骨粗鬆症）、眼疾患（例えば、緑内障）、腎疾患（例えば、腎臓結石、腎不全）および２９種類のがんに関する情報を含む。身体測定もまた、これらのプロジェクトのいくつかを通じて収集されている。患者の精密検査から定期的に測定された特性（例えば、ナトリウム、カリウム、重炭酸塩、カルシウム、リン酸塩、クレアチニン、血球数、ヘモグロビン、ヘマトクリット、免疫グロブリン、鉄、ビタミン、脂質、肝機能検査など）は、Ｌａｎｄｓｐｉｔａｌｉ　Ｕｎｉｖｅｒｓｉｔｙ　Ｈｏｓｐｉｔａｌ、ＲｅｙｋｊａｖｉｋおよびＭｊｏｄｄにおけるＩｃｅｌａｎｄｉｃ　Ｍｅｄｉｃａｌ　Ｃｅｎｔｅｒ　Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ（Ｌａｅｋｎａｓｅｔｒｉｄ）、Ｒｅｙｋｊａｖｉｋから得た。ｄｅｌ１２との関連性について試験した、独立し、相関のない二次特性の数は合計で４００に達する。
【０４２３】
結果
非ＨＤＬコレステロールレベルとの配列バリアントの関連性
　配列バリアントを、２０倍の中央深度までの２，６３６人のアイスランド人の全ゲノム

配列決定（「ＷＳＧ」）によって最初に同定した。これらのバリアントは、Ｉｌｌｕｍｉｎａ一塩基多型（ＳＮＰ）アレイを使用して遺伝子型を決定した１０４，２２０人のアイスランド人のゲノムに（広域相解析したハプロタイプによる補助によって）インピュートした。さらに、アイスランド人の遺伝学的情報を使用して、遺伝子型を決定された人に対する２９４，２１２人の近親者についての遺伝子型確率を算出した。これらのデータを使用して、本発明者らは、非ＨＤＬコレステロールレベル（ｎ＝１１９，１４６）と関連する新規の希少バリアントをスクリーニングした。染色体１７ｐ１３．１上の７つの相関した（ペアワイズr^2＞０．７）希少非コードＳＮＰのセットは非ＨＤＬコレステロールレベルと関連していた。７つのバリアントは、アシアロ糖タンパク質受容体１および２（ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２）遺伝子を含む、８０ｋｂに及ぶ。最も強い関連性は、非ＨＤＬコレステロールの８．９±１．５ｍｇ／ｄｌの低下と関連するＡＳＧＲ－１の下流に位置するｒｓ１８６０２１２０６（マイナーアレル頻度（ＭＡＦ）＝０．４３％）によって表された（Ｐ＝１．４×10^{-9}）（表１．４Ｂ）。

【０４２４】

関連領域は、ＡＳＧＲ－１のイントロン４を除いて全ゲノム配列決定によって十分にカバーされていた。このイントロンは７９塩基対（ｂｐ）の長さで、非常にＧＣリッチである。この領域を調査するために、さらに７３８人の個体を、イントロンのカバレッジを向上させ、イントロン内の１２ｂｐ欠失の同定を導く、ＰＣＲフリー配列決定（Ｉｌｌｕｍｉｎａ）を用いて全ゲノム配列決定した；ＮＭ＿００１６７１．４：ｃ．２８４－３６＿２８３＋３３ｄｅｌＣＴＧＧＧＧＣＴＧＧＧＧを、本明細書以下でｄｅｌ１２と称する。ｄｅｌ１２の直接的な遺伝子型決定およびアイスランド人のデータセットへのインピューション後、本発明者らは、ｄｅｌ１２（ＭＡＦ＝０．４１％）がｒｓ１８６０２１２０６（ｒ２＝０．８６）および６つの他の相関したＳＮＰと高度に相関し、非ＨＤＬコレステロールレベルの低下（１０．２±１．５ｍｇ／ｄｌ、Ｐ＝２．５×１０－１０の減少）とさらにより強く関連することを観察した（表１．９Ａ）。ｄｅｌ１２はまた、非ＨＤＬコレステロールについてよりはるかに低い程度であるが、ＨＤＬコレステロールを増加させ、トリグリセリド（ＴＧ）レベルを減少させる（表１．４Ａおよび１．９Ｂ）。７つのＳＮＰのうちのどれも、ｄｅｌ１２についての調整後、非ＨＤＬコレステロールとの有意な関連性を維持せず、ｄｅｌ１２が非ＨＤＬ関連性を説明するのに十分であることを示す。

【０４２５】

非ＨＤＬコレステロールレベルとのｄｅｌ１２関連性を検証するために、オランダ（Ｎｉｊｍｅｇｅｎ Ｂｉｏｍｅｄｉｃａｌ Ｓｔｕｄｙ １８）およびデンマーク（デンマーク人Ｉｎｔｅｒ９９１９およびデンマーク人Ａｄｄｉｔｉｏｎ研究２０）からの試料におけるｄｅｌ１２を遺伝子型決定した。ｄｅｌ１２は、アイスランドのものと同様の効果量を有する各試料セットにおける非ＨＤＬコレステロールと関連した（表１．２、表１．４Ａおよび１．４Ｂならびに表１．９Ｂ）。３つ全てのデータセットをアイスランド人の発見データと組み合わせると、ｄｅｌ１２は非ＨＤＬコレステロールを１１．６±１．５ｍｇ／ｄｌ低下させることが立証された（Ｐ＝１．０×10^{-16}）（表１．９Ｂ）。

【０４２６】

ＡＳＧＲ－１における機能バリアントのさらなる喪失を同定するために、拡張データセットを、上記の２，６３６人の上位の５，８１７人のＷＳＧアイスランド人のさらなる群の全ゲノム配列決定（「ＷＳＧ」）によって同定した配列バリアントに基づいてスクリーニングした。このデータセットにおいて、希少な４つのｂｐ挿入突然変異を同定した；すなわち、ＭＡＦ＝０．０２７％；ＮＭ＿００１６７１．４：ｃ．４６９＿４７２ｄｕｐＡＡＣＴ。至る所で言及されているように、このフレームシフト突然変異は、２９１アミノ酸全長タンパク質（ＮＰ＿００１６６２．１：ｐ．Ｗ１５８Ｘ）からアミノ酸１５８において中途終止コドンを導入する。潜在的保因者および非保因者を、サンガー配列決定を使用して直接遺伝子型を決定した。次いでこれらの遺伝子型を使用して、ｐ．Ｗ１５８Ｘを１５０，６５６人のアイスランド人のチップによりチップ分類した（ｃｈｉｐｐｅｄ ｔｙｐｅｄ）個体ならびにこれらの一親等および二親等血縁者に再インピュートした。この

データセットにおいて、ｃ．４６９＿４７２ｄｕｐＡＡＣＴは、非ＨＤＬコレステロールの減少（－２１．６ｍｇ／ｄＬ、９５％ＣＩ－３４．２から－９．６）およびＡＬＰの増加（４５．３％の増加、９５％ＣＩ　２０．４から６８．２、Ｐ＝７．９×１０$^{-6}$）と有意に関連している（表１．８）。ｃ．４６９＿４７２ｄｕｐＡＡＣＴの効果の方向および効果量はｄｅｌ１２のものと同様である（表１．８）。単回試験を実施したことを考慮すると、これらの結果は、非ＨＤＬおよびＡＬＰに対するＡＳＧＲ－１の機能効果の喪失の反復を有意に提供している。さらに、Ｗ１５８Ｘはｄｅｌ１２と相関しないので（すなわち、Ｗ１５８Ｘおよびｄｅｌ１２を保有する個体間で重複は存在しなかった）、Ｗ１５８Ｘバリアントは、ＡＳＧＲ－１遺伝子における機能の喪失が、非ＨＤＬ、トリグリセリド、アルカリホスファターゼ、フェリチンおよびビタミンＢ１２レベルの観察された変化に関与しているという、なおさらなる証明を提供する。冠動脈疾患に関して、Ｗ１５８Ｘ（ｃ．４６９＿４７２ｄｕｐＡＡＣＴ）についてのオッズ比は０．６５（９５％ＣＩ　０．２６から１．４０；Ｐ＝０．２４）であった。上述のように、Ｗ１５８Ｘ（ｃ．４６９＿４７２ｄｕｐＡＡＣＴ）バリアントはｄｅｌ１２から独立しており、アイスランドにおいて見出された７９人の保因者のいずれもｄｅｌ１２を保有していなかった。バリアントはまた、（Ｅｘｏｍｅ　Ａｇｇｒｅｇａｔｉｏｎ　Ｃｏｎｓｏｒｔｉｕｍ（ＥｘＡＣ）、Ｅｘｏｍｅ　Ｖａｒｉａｎｔ　Ｓｅｒｖｅｒ（ＥＶＳ）、Ｇｅｎｏｍｅｓ　ｏｆ　ｔｈｅ　Ｎｅｔｈｅｒｌａｎｄｓ（ＧｏＮＬ）およびｄｂＳＮＰのような大集団のデータベースにおいて検出されないので、アイスランド人の集団に特異的であるように見える。

【０４２７】

ＡＳＧＲ－１のイントロン４内のｄｅｌ１２はフレームシフトを生じるスプライシングエラーを引き起こす

ｄｅｌ１２はＡＳＧＲ－１のイントロン４に位置するので、本発明者らは、エクソン４と５の間のスプライシングに対するその効果を調べた。ｄｅｌ１２の１２人の非保因者および１２人のヘテロ接合体保因者からの血液試料から生成したｃＤＮＡにおけるエクソン３と５の間の領域をＰＣＲ増幅した（図４）。ＰＣＲ産物をゲル電気泳動によって分離し、非保因者において２３９ｂｐのバンドを実証した。しかしながら、ｄｅｌ１２保因者において、予測された２３９ｂｐのＰＣＲ産物に加えて、より小さな２１７ｂｐバンドが示された（図４Ｂ）。ｃＤＮＡ産物のサンガー配列決定時に、本発明者らは、２１７ｂｐのｃＤＮＡ断片においてエクソン４の末端に２２ｂｐの欠失を同定した（図４Ｃ）。ＡＳＧＲ－１転写産物からのこれらの２２ｂｐの欠失は、エクソン４における疑似５‘－スプライス部位によって駆動されるように見える（図４Ｄ）。これは、翻訳された場合、得られたタンパク質がオリゴマー化ドメインおよび炭水化物認識ドメインの両方を欠くように、保因者においてフレームシフトを引き起こす。このスプライシング欠損を定量するために、本発明者らは、ｄｅｌ１２保因者に見出された２つのｃＤＮＡ産物の配列決定によって作成した、配列決定読み取りの直接デジタル計数のためのＩｌｌｕｍｉｎａ　ＴｒｕＳｅｑ法を、使用した。平均すると、全ＡＳＧＲ－１転写産物の３２±１３％が、不正確にスプライシングされたアイソフォームによって占められていた（図４Ｅ）。この形態は非保因者において検出できなかった（図４Ｅ）。まとめると、これらのデータは、ＡＳＧＲ－１を、この遺伝子座における非ＨＤＬ関連性についての標的遺伝子と同定し、ＡＳＧＲ－１タンパク質の機能を破壊する、関連した突然変異であるｄｅｌ１２と整合性がとれている。ＡＳＧＲ－１は、これらのＮ結合型炭水化物鎖上の末端ガラクトース（Ｇａｌ）またはＮ－アセチルガラクトサミン（Ｇａｌ－ＮＡｃ）残基を含有する多種多様の脱シアル化糖タンパク質のエンドサイトーシスおよび分解を認識し、媒介することが知られている肝臓アシアロ糖タンパク質受容体（ＡＳＧＲ）の主要なサブユニットである（Ｍｏｒｅｌｌ　ＡＧ、Ｇｒｅｇｏｒｉａｄｉｓ　Ｇ、Ｓｃｈｅｉｎｂｅｒｇ　ＩＨ、Ｈｉｃｋｍａｎ　Ｊ、Ａｓｈｗｅｌｌ　Ｇ．Ｔｈｅ　ｒｏｌｅ　ｏｆ　ｓｉａｌｉｃ　ａｃｉｄ　ｉｎ　ｄｅｔｅｒｍｉｎｉｎｇ　ｔｈｅ　ｓｕｒｖｉｖａｌ　ｏｆ　ｇｌｙｃｏｐｒｏｔｅｉｎｓ　ｉｎ　ｔｈｅ　ｃｉｒｃｕｌａｔｉｏｎ．Ｔｈｅ　Ｊｏｕｒｎａｌ　ｏｆ　ｂｉｏｌｏｇｉｃａｌ　ｃｈｅｍｉｓｔｒｙ　１９７１年；２４６：１４６１－７頁；Ｖａｎ　Ｄｅｎ　Ｈａｍｅｒ

ＣＪ、Ｍｏｒｅｌｌ ＡＧ、Ｓｃｈｅｉｎｂｅｒｇ ＩＨ、Ｈｉｃｋｍａｎ Ｊ、Ａｓｈｗｅｌｌ Ｇ．Ｐｈｙｓｉｃａｌ ａｎｄ ｃｈｅｍｉｃａｌ ｓｔｕｄｉｅｓ ｏｎ ｃｅｒｕｌｏｐｌａｓｍｉｎ．ＩＸ．Ｔｈｅ ｒｏｌｅ ｏｆ ｇａｌａｃｔｏｓｙｌ ｒｅｓｉｄｕｅｓ ｉｎ ｔｈｅ ｃｌｅａｒａｎｃｅ ｏｆ ｃｅｒｕｌｏｐｌａｓｍｉｎ ｆｒｏｍ ｔｈｅ ｃｉｒｃｕｌａｔｉｏｎ．Ｔｈｅ Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ ｂｉｏｌｏｇｉｃａｌ ｃｈｅｍｉｓｔｒｙ １９７０年；２４５：４３９７－４０２頁；Ａｓｈｗｅｌｌ Ｇ、Ｈａｒｆｏｒｄ Ｊ．Ｃａｒｂｏｈｙｄｒａｔｅ－ｓｐｅｃｉｆｉｃ ｒｅｃｅｐｔｏｒｓ ｏｆ ｔｈｅ ｌｉｖｅｒ．Ａｎｎｕａｌ ｒｅｖｉｅｗ ｏｆ ｂｉｏｃｈｅｍｉｓｔｒｙ １９８２年；５１：５３１－５４頁；Ｗｅｉｇｅｌ ＰＨ．Ｇａｌａｃｔｏｓｙｌ ａｎｄ Ｎ－ａｃｅｔｙｌｇａｌａｃｔｏｓａｍｉｎｙｌ ｈｏｍｅｏｓｔａｓｉｓ：ａ ｆｕｎｃｔｉｏｎ ｆｏｒ ｍａｍｍａｌｉａｎ ａｓｉａｌｏｇｌｙｃｏｐｒｏｔｅｉｎ ｒｅｃｅｐｔｏｒｓ．ＢｉｏＥｓｓａｙｓ：ｎｅｗｓ ａｎｄ ｒｅｖｉｅｗｓ ｉｎ ｍｏｌｅｃｕｌａｒ，ｃｅｌｌｕｌａｒ ａｎｄ ｄｅｖｅｌｏｐｍｅｎｔａｌ ｂｉｏｌｏｇｙ １９９４年；１６：５１９－２４頁）。

【０４２８】

ＡＳＧＲ－１におけるｄｅｌ１２バリアントおよび冠動脈疾患のリスク

非ＨＤＬコレステロールレベルに対するｄｅｌ１２の効果を考慮して、アイスランドからの３３，０９０人の症例および２３６，２５４人の対照ならびにＵＳＡ、ＵＫ、ニュージーランドおよびデンマークからの８，５５８人の症例および１１，１２０人の対照のＣＡＤのリスクに対するこの影響を評価した。ｄｅｌ１２の保因者は、非保因者よりＣＡＤの低いリスクを有することが見出された（オッズ比０．６６；９５％信頼区間［ＣＩ］０．５５から０．７９；Ｐ＝６．３×１０－６）（図５Ａ）。８つの研究集団にわたって異質性の証拠はなかった（Ｐｈｅｔ＝０．９６）。ｄｅｌ１２はまた、アイスランドにおいてＭＩのリスクを減少させる（ハザード比０．６４；９５％ＣＩ、０．６４から０．８０；Ｐ＝８．５×１０－５）（図５Ｂ）。さらに、ｄｅｌ１２保因者は非保因者より１．５年長い寿命を有する（９５％ＣＩ、０．２から２．８年；Ｐ＝０．０２０）。

【０４２９】

非ＨＤＬコレステロールレベルに対する配列バリアントの効果とＣＡＤのリスクとの間に強い正の相関が存在する（Ｈａｄｄａｄ Ｌ、Ｄａｙ ＩＮ、Ｈｕｎｔ Ｓ、Ｗｉｌｌｉａｍｓ ＲＲ、Ｈｕｍｐｈｒｉｅｓ ＳＥ、Ｈｏｐｋｉｎｓ ＰＮ．Ｅｖｉｄｅｎｃｅ ｆｏｒ ａ ｔｈｉｒｄ ｇｅｎｅｔｉｃ ｌｏｃｕｓ ｃａｕｓｉｎｇ ｆａｍｉｌｉａｌ ｈｙｐｅｒｃｈｏｌｅｓｔｅｒｏｌｅｍｉａ．Ａ ｎｏｎ－ＬＤＬＲ，ｎｏｎ－ＡＰＯＢ ｋｉｎｄｒｅｄ．Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ ｌｉｐｉｄ ｒｅｓｅａｒｃｈ １９９９年；４０：１１１３－２２頁；Ｔｉｍｍｓ ＫＭ、Ｗａｇｎｅｒ Ｓ、Ｓａｍｕｅｌｓ ＭＥら Ａ ｍｕｔａｔｉｏｎ ｉｎ ＰＣＳＫ９ ｃａｕｓｉｎｇ ａｕｔｏｓｏｍａｌ－ｄｏｍｉｎａｎｔ ｈｙｐｅｒｃｈｏｌｅｓｔｅｒｏｌｅｍｉａ ｉｎ ａ Ｕｔａｈ ｐｅｄｉｇｒｅｅ．Ｈｕｍａｎ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２００４年；１１４：３４９－５３頁；Ｖａｒｒｅｔ Ｍ、Ｒａｂｅｓ ＪＰ、Ｓａｉｎｔ－Ｊｏｒｅ Ｂら、Ａ ｔｈｉｒｄ ｍａｊｏｒ ｌｏｃｕｓ ｆｏｒ ａｕｔｏｓｏｍａｌ ｄｏｍｉｎａｎｔ ｈｙｐｅｒｃｈｏｌｅｓｔｅｒｏｌｅｍｉａ ｍａｐｓ ｔｏ １ｐ３４．１－ｐ３２．Ａｍｅｒｉｃａｎ ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ ｈｕｍａｎ ｇｅｎｅｔｉｃｓ １９９９年；６４：１３７８－８７頁；Ｈｕｎｔ ＳＣ、Ｈｏｐｋｉｎｓ ＰＮ、Ｂｕｌｋａ Ｋら、Ｇｅｎｅｔｉｃ ｌｏｃａｌｉｚａｔｉｏｎ ｔｏ ｃｈｒｏｍｏｓｏｍｅ １ｐ３２ ｏｆ ｔｈｅ ｔｈｉｒｄ ｌｏｃｕｓ ｆｏｒ ｆａｍｉｌｉａｌ ｈｙｐｅｒｃｈｏｌｅｓｔｅｒｏｌｅｍｉａ ｉｎ ａ Ｕｔａｈ ｋｉｎｄｒｅｄ．Ａｒｔｅｒｉｏｓｃｌｅｒ Ｔｈｒｏｍｂ Ｖａｓｃ Ｂｉｏｌ ２０００年；２０：１０８９－９３頁；Ｄｏ Ｒ、Ｗｉｌｌｅｒ ＣＪ、Ｓｃｈｍｉｄｔ ＥＭら、Ｃｏｍｍｏｎ ｖａｒｉａｎｔｓ ａｓｓｏｃｉａｔｅｄ ｗｉｔｈ ｐｌａｓｍａ ｔｒｉｇｌｙｃｅｒｉｄｅｓ ａｎｄ ｒｉｓｋ ｆｏｒ ｃｏｒｏｎａｒｙ ａｒｔｅｒｙ ｄｉｓｅａｓｅ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１３年；４５：１３４５－５２頁）（図６、表１．５）。しかしながら、いくつかの公開されたバリアン

トは全体の傾向からそれている。例えば、ＬＰＡおよびＡＮＧＰＴＬ４バリアントは、予測するこれらの非ＨＤＬ効果よりＣＡＤに対して十分に大きな効果を有するのに対して、ＡＰＯＥバリアントの効果は非ＨＤＬ効果によって予測されるよりも弱い。ＡＳＧＲ－１におけるｄｅｌ１２は、ＣＡＤに対する効果が、非ＨＤＬコレステロール効果の効果によって予測されるよりも強い、バリアントの別の例である（図６、表１．５）。

【０４３０】

ＡＬＰおよびビタミン１２の血清レベルとのｄｅｌ１２の関連性

ＡＳＧＲ－１におけるｄｅｌ１２の全体的な効果を決定するために、アイスランド人のデータセットにおける様々なヒト疾患および他の特性に対するこの効果をスクリーニングした。より高いレベルの循環アルカリホスファターゼ（ＡＬＰ）（３３．６±２．８Ｕ／Ｌ増加、Ｐ＝３．６×１０－６３）およびビタミンＢ１２（５８．４±８．３ｐｍｏｌ／Ｌ増加、Ｐ＝３．１×１０－１２）との、ｄｅｌ１２の極めて有意な関連性を観察した（表８Ａおよび８Ｂならびに表１８）。ＡＬＰレベルの増加は肝疾患を反映し得るが、ｄｅｌ１２保因者において、血清ガンマグルタミルトランスフェラーゼ（ＧＧＴ）、ビリルビン、アラニンアミノトランスフェラーゼまたは一般に肝疾患においてＡＬＰの変化と並行する肝機能の他の尺度の増加はなかった（表１．６）。

【０４３１】

同等の効果量（ＡＬＰについてＰ＝９．９×１０－６９およびビタミンＢ１２についてＰ＝９．９×１０－１４）を有するデンマーク人Ｉｎｔｅｒ９９研究からの個体におけるより高いレベルのＡＬＰおよびビタミンＢ１２とのｄｅｌ１２関連性が、反復された（表１．１０）。

【０４３２】

ＡＳＧＲ－１の上流の共通のバリアント（ｒｓ３１４２５３；ＭＡＦ＝３５．１％）は、ＬＤＬコレステロールおよびＡＬＰレベルの両方と中程度に関連することが報告されている（Ｃｈａｍｂｅｒｓ ＪＣ、Ｚｈａｎｇ Ｗ、Ｓｅｈｍｉ Ｊら、Ｇｅｎｏｍｅ－ｗｉｄｅ ａｓｓｏｃｉａｔｉｏｎ ｓｔｕｄｙ ｉｄｅｎｔｉｆｉｅｓ ｌｏｃｉ ｉｎｆｌｕｅｎｃｉｎｇ ｃｏｎｃｅｎｔｒａｔｉｏｎｓ ｏｆ ｌｉｖｅｒ ｅｎｚｙｍｅｓ ｉｎ ｐｌａｓｍａ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１１年；４３：１１３１－８頁；Ｗｉｌｌｅｒ ＣＪ、Ｓｃｈｍｉｄｔ ＥＭ、Ｓｅｎｇｕｐｔａ Ｓら、Ｄｉｓｃｏｖｅｒｙ ａｎｄ ｒｅｆｉｎｅｍｅｎｔ ｏｆ ｌｏｃｉ ａｓｓｏｃｉａｔｅｄ ｗｉｔｈ ｌｉｐｉｄ ｌｅｖｅｌｓ．Ｎａｔｕｒｅ ｇｅｎｅｔｉｃｓ ２０１３年；４５：１２７４－８３頁）。この共通のバリアントの関連性は、本発明のデータ（相関したｒｓ５６０９３５４６とのＡＬＰおよび非ＨＤＬの両方についての最大の関連性；ＭＡＦ＝２１．６％）において反復され、ＡＬＰおよび非ＨＤＬとのこの関連性は、実証されるようにｄｅｌ１２（ｒ２＜０．００１、表１．５）によって表される希少シグナルから独立している。ｄｅｌ１２に関して、この共通のバリアントはＡＬＰおよび非ＨＤＬに対して反対の効果を有し；ＡＬＰを増加させるアレルは非ＨＤＬを減少させる（Ｃｈａｍｂｅｒｓ；Ｗｉｌｌｅｒを参照）（表１．７）。

【０４３３】

【表６】

表１．１				
研究	設計	CADおよびMI症例の定義	対照の確認	参考文献
アイスランド	症例/対照	CADおよびMI症例は、a)LUHからの退院時診断(ICD9コード410.*、411.*、412.*、414.*またはICD10コードI20.0、I21.*、I22.*、I23.*、I24.*、I25.*)、b)有意な血管造影CAD(50%以上の主要冠状血管の狭窄)、c)冠血行再建術(CABG)を受けた、d)死亡登録に記載されたMIもしくはCAD(ICD9もしくは10コード)、またはe)MONICA登録からの75歳前のMIによって定義された	既知のCVDを有さない種々のdeCODE遺伝学プログラムからの研究参加者。	Helgadottir A、Thorleifsson G、Manolescu Aら。A common variant on chromosome 9p21 affects the risk of myocardial infarction. Science(New York,NY)2007;316:1491-3頁。
UK 1 - Leicester MI Study	症例/対照	症例は、Leicester Royal Infirmary、Leicester and the Royal Hallamshire Hospital、Sheffieldの冠疾患集中治療室に収容され、急性MIについてのWHO基準を満たしたMI患者を含んだ。	対照は、各病院からの心血管疾患を有さない個体または同じ地理的地域に位置する3か所のプライマリケア診療からの個体の成人の外来者を含んだ。CADの履歴を報告した個体は排除した。	Helgadottir A、Manolescu A、Thorleifsson Gら。The gene encoding 5-lipoxygenase activating protein confers risk of myocardial infarction and stroke.Nature genetics 2004;36:233-9頁。
UK2 - BHF Family Heart Study	症例/対照	British Heart Foundation Family Heart Study(BHF-FHS)CADの症例は、英国全体から動員された定義されたCADの強い家族歴を有するヨーロッパ系の家族からの発端症例であった。CADは、66歳の誕生日前の心筋梗塞または冠血行再建術(PTCAまたは	対照は、Wellcome Trust Case Control Consortium Studyの一部としてUnited Kingdom Blood Service(UKBS)によって動員された献血者であった。	Genome-wide association study of 14,000 cases of seven common diseases and 3,000 shared controls.Nature 2007;447:661-78頁、および

表1．1

研究	設計	CADおよびMI症例の定義	対照の確認	参考文献
		CABG)の有効な履歴と定義された。		Samani NJ、Erdmann J、Hall ASら。Genomewide association analysis of coronary artery disease.The New England journal of medicine 2007;357:443-53頁。
Emory (Atlanta、Georgia、USA)	症例/対照	症例は、Emory University Hospitalにおいて心臓カテーテル法を受けている対象から同定された。CADの症例は、血管造影により主要冠動脈のいずれかにおいて少なくとも1つの有意な狭窄(50%以上)を有したものまたは有意な狭窄を有さないが、MI、CABGもしくはPCIの履歴を有したものを含んだ。	対照は、CADを有さないまたは最小のCAD(20%未満の狭窄)を有する心臓カテーテル法を受けており、以前にMIまたはCADの履歴がない個体を含んだ。さらなる対照は、Grady Memorial HospitalsおよびClinical Registry in Neurology (CRIN)から動員され、非血管神経疾患(主にパーキンソン病およびアルツハイマー病）を有する個体、彼らの配偶者、血縁関係がない友人および地域のボランティアを含み;既知のCADの履歴を有するものを除外した。	Helgadottir Aら。(2007)
Duke (Durham、North Carolina、USA)	症例/対照	参加者は、心臓カテーテル検査室によってDuke University Medical Centerに登録された。MI症例は、MIの自己報告した履歴を有するもの(診療記録の再調査によって裏付けされている)または研究追跡期間の間にMIに	対照は、心臓カテーテル法の指標の前または後にMIの履歴を有さず、PCIがないまたは40%超の左室造影によるCABG駆出率および冠動脈造影による50%未満の狭窄を有するものを含んだ。	Helgadottir Aら。(2007)

表1．1

研究	設計	CADおよびMI症例の定義	対照の確認	参考文献
		罹ったものを含んだ。		
UPenn (Philadelphia、Pennsylvania、USA)	症例/対照	研究参加者は、University of Pennsylvania Medical Centerに登録され、心臓カテーテル法を受けている対象を含んだ。CAD症例は、血管造影により主要冠動脈のいずれかにおいて少なくとも1つの有意な狭窄(50%以上)を有したものまたは有意な狭窄を有さないが、MI、CABGもしくはPCIの履歴を有したものを含んだ。	対照は、冠動脈造影により有意な管腔狭窄を有さない個体(50%未満の管腔狭窄)を含んだ。	Helgadottir Aら。(2007)
ニュージーランド	症例/対照	a)有意な血管造影によるCAD(50%以上の主要冠状血管の狭窄)、b)CABG処置、c)臨床登録におけるMIまたはCAD(ICD9または10コード)。	既知のCADを有さず、末梢動脈障害を除外するために足関節上腕血圧比によって頸動脈疾患および腹部大動脈瘤について超音波スクリーニングした研究参加者。	Gretarsdottir S、Baas AF、Thorleifsson Gら。Genome-wide association study identifies a sequence variant within the DAB2IP Gene conferring susceptibility to abdominal aortic aneurysm.Nature genetics 2010;42:692-7頁。
デンマーク1 (Gentofte cadlab)	症例/対照	症例は、虚血性心疾患、心臓弁膜症または心筋症の疑いがあるために、冠動脈血管造影によって調査された対象から	Danish National Patient Registryおよび Danish Register of Causes of Deathからの情報に基づいたCAD診断を有さない	

表１．１

研究	設計	CADおよびMI症例の定義	対照の確認	参考文献
		同定された。CAD症例は、血管造影により主要冠動脈のいずれかにおいて少なくとも1つの有意な狭窄(50%以上)を有したものを含んだ。	Monica10およびInter99研究における個体。	
デンマーク2(Monica10)	症例/対照	Monica10は集団に基づいた研究である。参加者は、以前のコペンハーゲン県の南部における集団のランダム試料としてDanish Central Personal Registerから動員された。心血管系事象は、初めての非致死性または致死性CVD(ICD-8:390-448/ICD-10:I00-I79)と定義された。心血管エンドポイントの評価は、Danish National Patient RegistryおよびDanish Register of Causes of Deathからのデータに基づいた。	Danish National Patient Registryおよび Danish Register of Causes of Deathからの情報に基づいてCAD診断を有さないMonica10およびInter99研究における個体。	Olsen MH、Hansen TW、Christensen MKら。N-terminal pro-brain natriuretic peptide, but not high sensitivity C-reactive protein, improves cardiovascular risk prediction in the general population. European heart journal 2007;28:1374-81頁。
デンマーク3(Inter99)	症例/対照	Inter99研究は、心血管疾患に対するライフスタイル介入の効果を調査する、集団に基づいたランダム化対照臨床試験(CT00289237、ClinicalTrials.gov)である。心血管系事象は、初めての非致死性または致死性CVD(ICD-8:390-448/ICD-10:I00-I79)と定義された。心血管エンドポイントの評価は、Danish National Patient RegistryおよびDanish Register of	Danish National Patient Registryおよび Danish Register of Causes of Deathからの情報に基づいたCAD診断を有さないMonica10およびInter99研究における個体。	14. Jorgensen AB、Frikke-Schmidt R, Nordestgaard BG、Tybjaerg-Hansen A。Loss-of-function mutations in APOC3 and risk of ischemic vascular disease. The New England journal of medicine

表１．１

研究	設計	CADおよびMI症例の定義	対照の確認	参考文献
		Causes of Deathからのデータに基づいた。		2014;371:32-41頁。
スウェーデン	症例/対照	Karolinska University Hospital、Stockholmにおける診療所からの虚血性脳卒中患者。虚血性脳卒中診断は臨床所見および脳撮像(CTまたはMRI)に基づいた。	集団に基づいた対照、Karolinska Hospitalにおいて動員された健常献血者または健常ボランティアのいずれか	Gretarsdottirら(2008) Traylorら(2012)
南ドイツ	症例/対照	Department of Neurology、Klinikum Grosshadern、University of Munichの脳卒中ユニットにおいて動員された虚血性脳卒中患者。診断は、臨床所見および撮像証拠(CTまたはMRIのいずれか)に基づき、神経学者によって臨床的に確認された。	KORA S4研究から選択された心血管疾患の履歴を有さない性別および年齢をマッチさせた個体	Traylorら(2008) Gschwendtnerら(2009) Wichmannら(2005)
西ドイツ	症例/対照	地域のWestphalian Stroke Registerに参加している病院により動員された虚血性脳卒中患者。診断は、臨床所見および撮像証拠(CTまたはMRIのいずれか)に基づき、神経学者によって臨床的に確認された。	集団に基づいたDortmund Health Studyからの脳卒中の自己報告した履歴を有する集団対照	Traylorら(2008) Bergerら(2007)
英国	症例/対照	脳血管を扱う診療所により動員された虚血性脳卒中患者。全ての症例は、CTまたはMRIによる元の脳の撮像を再調査して一人の経験のある脳卒中神経学者によって表現型を決定された。	年齢および性別をマッチさせ、脳血管疾患の症状を示さない地域の対照が、患者と同じ地理的地域から動員された。	Traylorら(2008) Gschwendtnerら(2009)

【０４３４】

【表７】

表1.2. 血漿中脂質、アルカリホスファターゼおよびビタミンB12レベルとのdel12バリアントの関連性の発見および反復研究における参加者の特徴

特性[a]	アイスランド	Nijmegen Biomedical Study (オランダ)[c]	Inter99研究 (デンマーク)[d]	Addition Study (デンマーク)[e]
祖先	コーカサス人	コーカサス人	コーカサス人	コーカサス人
N[b]	194,958	5,645	7,633	9,689
平均年齢(SD)、歳	58.2 (40.6-75.8)	55.8 (38.0-73.6)	48.5 (36.1-55.5)	59.9 (53.1-66.7)
性別、女性%	53.4%	53.6%	49.9%	46.4%
非HDLコレステロール(SD)、mg/dL	154.7 (109.1-200.3)	170.7 (129.4-212.0)	161.6 (117.5-205.7)	164.7 (124.0-205.4)
LDLコレステロール(SD)、mg/dL	133.0 (91.6-174.4)	138.6 (102.2-175.0)	137.2 (99.7-174.7)	139.3 (101.9-176.1)
HDLコレステロール(SD)、mg/dL	54.7 (37.7-71.7)	52.6 (39.2-66.0)	54.2 (38.4-70.0)	60.0 (43.6-76.4)
総コレステロール(SD)、mg/dL	208.0 (162.6-253.4)	223.4 (180.9-265.9)	215.8 (173.6-258.0)	224.7 (183.9-265.5)
トリグリセリド(SD)、mg/dL	133.6 (67.6-190.5)	155.8 (94.5-256.8)	105.8 (60.8-183.9)	117.4 (73.5-187.3)
アルカリホスファターゼ(SD)、IU/l	87.1 (53.5-141.7)	na	41.3 (30.7-55.6)	na
ビタミンB12(SD)、pmol/l	398 (256-618)	na	398 (286-554)	na

[a]列挙された特性の各々についての平均値(利用可能な場合)を示す(±1SD)。[b]特性の少なくとも1つについての測定値を有する個体の数。[c]Wetzelsら(2007年)[5]、[d]Jorgensenら(2003年)[6]、[e]Lauritzenら(2000年)[7]

【０４３５】

【表８】

表1.4A. アイスランド、デンマークおよびオランダにおける非HDLコレステロール、LDLコレステロール、HDLコレステロール、トリグリセリド、ALPおよびビタミンB12とのdel12の関連性

	研究集団(n)		効果(95% CI)[a]	*P*値	集団平均値[e] (±1SD)
	非HDLコレステロール	del12頻度 (%)	mg/dL		mg/dL
発見	アイスランド(119,146)	0.41	-13.6 (-17.7,-9.4)	2.5×10^{-10}	154.7 (109.1-200.3)
反復	デンマークA[b] (6,182)	0.22	-21.3 (-36.8,-5.9)	0.0069	161.6 (117.5-205.7)
反復	デンマークB[c] (9,656)	0.32	-22.2 (-32.8,-11.7)	3.8×10^{-5}	164.7 (124.0-205.4)
反復	オランダ[d] (5,537)	0.50	-17.0 (-28.3,-5.7)	0.0032	170.7 (129.4-212.0)
	混合		-15.3 (-18.9,-11.7)	1.0×10^{-16}	
	LDLコレステロール		mg/dL		
発見	アイスランド(53,841)	0.41	-9.5 (-14.0,-5.1)	2.8×10^{-5}	133.0 (91.6-174.4
反復	デンマークA (6,098)	0.22	-22.1 (-35.5,-8.7)	0.0012	137.2 (99.7-174.7)
反復	デンマークB (8,080)	0.32	-19.0 (-29.2,-8.8)	0.00026	139.3 (101.9-176.1)
反復	オランダ (5,523)	0.50	-16.0 (-26.1,-6.0)	0.0018	138.6 (102.2-175.0)
	混合		-12.5 (-16.2,-8.8)	3.9×10^{-11}	
	HDLコレステロール		mg/dL		mg/dL
発見	アイスランド(119,514)	0.41	2.4 (0.7,4.1)	0.0058	54.7 (37.7-71.7)
反復	デンマークA (6,182)	0.22	4.6 (-0.8,9.9)	0.096	54.2 (38.4-70.0)
反復	デンマークB (9,656)	0.32	2.4 (-1.8,6.7)	0.26	60.0 (43.6-76.4)
反復	オランダ (5,537)	0.50	2.4 (-1.3,6.0)	0.20	52.6 (39.2-66.0)
	混合		2.5 (1.1,4.0)	0.00039	
	トリグリセリド		変化%		mg/dL
発見	アイスランド(80,011)	0.41	-6.1 (-10.8,-1.5)	0.012	133.6 (67.6-190.5)
反復	デンマークA (6,182)	0.22	-6.0 (-25.2,11.4)	0.53	105.8 (60.8-183.9)
反復	デンマークB (8,163)	0.32	-8.9 (-21.0,2.3)	0.15	117.4 (73.5-187.3)
反復	オランダ (5,537)	0.50	-4.4 (-17.9,8.2)	0.52	155.8 (94.5-256.8)
	混合		-6.3 (-10.3,-2.3)	0.0032	
	ALP		変化%		U/L
発見	アイスランド(126,060)	0.41	50.1 (42.9,57.2)	3.6×10^{-63}	87.1 (53.5-141.7)
反復	デンマークA[c] (5,829)	0.22	29.1 (14.8,42.5)	3.1×10^{-6}	41.3 (30.7-55.6)
	混合		46.5 (40.1,52.7)	5.6×10^{-69}	
	ビタミンB12		変化%		pmol/L
発見	アイスランド(97,910)	0.41	16.6 (11.5,21.5)	3.1×10^{-12}	398 (256-618)
反復	デンマークA[c] (5,826)	0.22	18.6 (3.9,32.4)	0.0053	398 (286-554)
	混合		16.8 (12.0,21.5)	8.3×10^{-14}	

[a]非HDLコレステロールおよびHDLコレステロールについてはmg/dLにおける、トリグリセリド、ALPおよびビタミンB12については変化パーセンテージとしての効果推定値および95%信頼区間(95%CI)。[b]デンマーク人Inter99研究(Jorgensenら 2003年)。[c]デンマーク人Addition研究(van den Donkら 2011年)。[d]Nijmegen Biomedical Study(Hoogendoornら 2006年)。[e]トリグリセリド、ALPおよびビタミンB12について、集団平均およびSDを対数変換値について算出し、元の単位に変換して戻す。非HDLおよびHDLコレステロールについての値をミリモル/リットルに変換するために、0.02586を掛ける。トリグリセリドをmmol/Lに変換するために、0.01129を掛ける。

【０４３６】

【表９】

表1.4B．アイスランド、デンマークおよびオランダにおけるコレステロール、トリグリセリド、アルカリホスファターゼおよびビタミンB12測定値とのdel12およびrs186021206の関連性。

	rs186021206				del12		
特性/コホート(n)[a]	効果[b]	効果(95% CI)[c]	*P*	P_{adj}[d]	効果[b]	効果(95% CI)[c]	*P*
非HDLコレステロール	SD	mg/dL				mg/dL	
アイスランド (119,146)	-0.28	-12.9 (-17.1,-8.7)	1.4×10^{-9}	0.39	-0.30	-13.6 (-17.7,-9.4)	2.5×10^{-10}
デンマークA (6,182)	-0.38	-16.7 (-27.9,-5.4)	0.0038	0.64	-0.48	-21.3 (-36.8,-5.9)	0.0069
デンマークB (9,656)	-0.32	-13.1 (-21.0,-5.3)	0.0011	0.74	-0.55	-22.2 (-32.8,-11.7)	3.8×10^{-5}
オランダ (5,537)	-0.23	-9.7 (-19.9,0.5)	0.062	0.19	-0.41	-17.0 (-28.3,-5.7)	0.0032
混合	-0.29	-12.9 (-16.3,-9.6)	2.0×10^{-14}	0.24	-0.34	-15.3 (-18.9,-11.7)	1.0×10^{-16}
LDLコレステロール		mg/dL				mg/dL	
アイスランド (53,841)	-0.22	-9.2 (-13.6,-4.7)	5.5×10^{-5}	0.78	-0.23	-9.5 (-14.0,-5.1)	2.8×10^{-5}
デンマークA (6,098)	-0.43	-16.1 (-25.8,-6.3)	0.0012	0.56	-0.59	-22.1 (-35.5,-8.7)	0.0012
デンマークB (8,080)	-0.34	-12.5 (-20.3,-4.7)	0.0016	0.86	-0.51	-19.0 (-29.2,-8.8)	0.00026
オランダ (5,523)	-0.36	-13.2 (-22.3,-4.2)	0.0041	0.81	-0.44	-16.0 (-26.1,-6.0)	0.0018
混合	-0.28	-11.1 (-14.5,-7.8)	1.0×10^{-10}	0.70	-0.31	-12.5 (-16.2,-8.8)	3.9×10^{-11}
総コレステロール		mg/dL				mg/dL	
アイスランド (125,381)	-0.22	-9.9 (-14.0,-5.7)	3.1×10^{-6}	0.78	-0.23	-10.5 (-14.7,-6.4)	6.5×10^{-7}
デンマークA (6,182)	-0.32	-13.5 (-24.2,-2.8)	0.014	0.54	-0.33	-14.0 (-28.7,0.8)	0.063
デンマークB (9,656)	-0.30	-12.0 (-19.9,-4.2)	0.0027	0.97	-0.47	-19.2 (-29.8,-8.6)	0.00040
オランダ (5,537)	-0.21	-9.0 (-19.5,1.5)	0.0927	0.48	-0.33	-14.1 (-25.7,-2.5)	0.018
混合	-0.24	-10.5 (-13.8,-7.2)	5.1×10^{-10}	0.68	-0.27	-12.0 (-15.6,-8.5)	5.6×10^{-11}
HDLコレステロール		mg/dL				mg/dL	
アイスランド (119,514)	0.13	2.2 (0.5,3.9)	0.011	0.0055	0.14	2.4 (0.7,4.1)	0.0058
デンマークA (6,182)	0.15	2.4 (-1.5,6.4)	0.22	0.84	0.29	4.6 (-0.8,9.9)	0.096
デンマークB (9,656)	0.03	0.4 (-2.7,3.6)	0.79	0.32	0.15	2.4 (-1.8,6.7)	0.26
オランダ (5,537)	0.02	0.2 (-3.1,3.5)	0.9	0.043	0.18	2.4 (-1.3,6.0)	0.20
混合	0.10	1.6 (0.4,2.9)	0.01	0.001	0.15	2.5 (1.1,4.0)	0.00039

表1.4B．アイスランド、デンマークおよびオランダにおけるコレステロール、トリグリセリド、アルカリホスファターゼおよびビタミンB12測定値とのdel12およびrs186021206の関連性。

	rs186021206				del12		
特性/コホート(n)[a]	効果[b]	効果(95% CI)[c]	*P*	P_{adj}[d]	効果[b]	効果(95% CI)[c]	*P*
トリグリセリド		**変化%**				**変化%**	
アイスランド (80,011)	-0.11	-5.4 (-10.1,-0.8)	0.027	0.13	-0.12	-6.1 (-10.8,-1.5)	0.012
デンマークA (6,182)	-0.26	-13.4 (-26.1,-1.6)	0.046	0.11	-0.11	-6.0 (-25.2,11.4)	0.53
デンマークB (8,163)	-0.03	-1.3 (-11.2,8.0)	0.79	0.099	-0.2	-8.9 (-21.0,2.3)	0.15
オランダ (5,537)	0.13	6.5 (-7.0,19.1)	0.32	0.0057	-0.09	-4.4 (-17.9,8.2)	0.52
混合	-0.09	-4.2 (-7.9,-0.6)	0.028	0.0066	-0.13	-6.3 (-10.3,-2.3)	0.003
ALP		**変化%**				**変化%**	
アイスランド (126,060)	0.82	48.9 (41.8,55.8)	1.2×10^{-61}	0.10	0.84	50.1 (42.9,57.2)	3.6×10^{-63}
デンマークA (6,035)	0.70	23.0 (13.2,32.4)	2.2×10^{-7}	0.092	0.86	29.1 (14.8,42.5)	3.1×10^{-6}
混合	0.80	41.5 (35.9,47.0)	1.9×10^{-67}	0.026	0.84	46.5 (40.1,52.7)	5.6×10^{-69}
ビタミンB12		**変化%**				**変化%**	
アイスランド (97,910)	0.33	15.8 (10.8,20.7)	2.0×10^{-11}	0.15	0.35	16.6 (11.5,21.5)	3.1×10^{-12}
デンマークA (6,032)	0.49	17.6 (7.2,27.7)	0.00027	0.011	0.52	18.6 (3.9,32.4)	0.0053
混合	0.35	16.1 (11.6,20.6)	4.3×10^{-14}	0.84	0.36	16.8 (12.0,21.5)	8.3×10^{-14}

[a]特性値および遺伝子型を有する個体の数。[b]調整値の分布の標準偏差(SD)の単位における回帰からの効果推定値。[c]コレステロールについてはmg/dLにおける、トリグリセリド、ALPおよびビタミンB12については変化パーセンテージとしての効果推定値および95%信頼区間(95%CI)。[d]del12の効果について調整したp値。「オランダ」、The Nijmegen Biomedical Study[15];「デンマークA」、デンマーク人Inter99研究[5];「デンマークB」、デンマーク人Addition研究[16]。

【０４３７】

【表１０】

表1.5. アイスランドにおける非HDLコレステロールレベルおよび冠動脈疾患との公開された脂質バリアントの関連性

構築した36位置				非HDL(mg/dL)		冠動脈疾患		
Chr	位置(hg18)	MAF	Info	効果	SE	OR	95% CI	
1	25,641,524	0.47184	0.996	0.7	0.2	0.99	0.97	1.02
1	55,278,235	0.01173	0.986	-17.2	1.0	0.73	0.66	0.81
1	62,725,961	0.21814	0.996	1.6	0.3	1.01	0.98	1.03
1	62,906,518	0.33844	0.998	-2.3	0.2	0.99	0.97	1.01
1	92,766,395	0.19052	0.999	0.8	0.3	0.99	0.97	1.02
1	109,620,053	0.20789	0.999	4.8	0.3	1.08	1.06	1.11
1	110,000,250	0.41287	0.995	1.0	0.2	1.01	0.99	1.03
1	149,225,460	0.15162	0.997	-0.7	0.3	1.03	1.00	1.06
1	154,967,275	0.28892	0.998	-0.5	0.2	0.99	0.97	1.02
1	219,036,651	0.28689	0.994	0.9	0.2	1.01	0.98	1.03
1	228,362,314	0.39128	0.999	-1.1	0.2	0.99	0.97	1.01
1	232,915,962	0.4424	0.999	1.2	0.2	1.00	0.98	1.03
2	21,087,477	0.04518	0.999	-6.1	0.5	0.94	0.89	0.99
2	21,117,405	0.3491	0.997	2.9	0.2	1.05	1.03	1.07
2	21,139,562	0.1408	0.999	4.3	0.3	1.08	1.04	1.11
2	27,584,444	0.34466	0.998	-1.8	0.2	1.00	0.98	1.03
2	27,584,716	0.20151	0.995	-1.4	0.3	1.00	0.97	1.02
2	43,927,385	0.27892	0.999	-2.6	0.2	0.95	0.93	0.98
2	43,953,086	0.19027	0.997	-1.5	0.3	0.96	0.94	0.99
2	63,003,061	0.32014	0.997	0.9	0.2	1.02	1.00	1.05
2	118,293,189	0.07895	0.998	-0.8	0.4	1.02	0.98	1.06
2	121,025,958	0.41077	0.994	0.6	0.2	1.03	1.01	1.06
2	169,538,401	0.37685	0.999	-0.5	0.2	0.99	0.97	1.01
2	216,012,629	0.32322	0.998	0.8	0.2	0.95	0.93	0.97
3	12,271,469	0.3667	0.998	-1.2	0.2	0.99	0.97	1.02
3	32,508,014	0.07924	0.997	-1.6	0.4	0.98	0.94	1.02
3	133,691,893	0.11977	0.998	-1.1	0.3	0.99	0.96	1.03
3	172,209,912	0.07646	0.999	0.8	0.4	1.08	1.04	1.12
4	3,442,937	0.40281	0.991	0.7	0.2	1.03	1.00	1.05
4	25,672,088	0.14802	0.993	0.9	0.3	1.04	1.01	1.07
4	88,249,285	0.40279	0.999	0.7	0.2	1.00	0.98	1.02
4	100,233,828	0.42298	0.998	0.5	0.2	1.01	0.99	1.03
5	74,661,243	0.35407	0.999	2.8	0.2	1.04	1.02	1.06
5	122,883,315	0.47211	0.995	0.5	0.2	1.00	0.98	1.02
5	156,322,875	0.35741	0.998	1.7	0.2	1.01	0.99	1.03
6	16,217,142	0.46163	0.995	-0.8	0.2	0.99	0.97	1.01
6	26,201,120	0.06713	1.000	-1.5	0.4	0.99	0.95	1.03
6	31,373,469	0.29084	0.993	0.8	0.2	1.02	1.00	1.04
6	43,865,874	0.47286	0.993	0.9	0.2	1.02	1.00	1.04
6	100,706,818	0.19956	0.998	-1.0	0.3	1.00	0.97	1.02
6	116,444,196	0.40848	0.998	-0.6	0.2	0.98	0.96	1.00
6	127,494,332	0.47183	0.999	0.9	0.2	1.01	0.99	1.03

表1.5. アイスランドにおける非HDLコレステロールレベルおよび冠動脈疾患との公開された脂質バリアントの関連性

構築した36位置				非HDL(mg/dL)		冠動脈疾患		
Chr	位置(hg18)	MAF	Info	効果	SE	OR	95% CI	
6	139,873,450	0.42692	0.999	-0.7	0.2	0.98	0.96	1.00
6	160,881,127	0.01773	1.000	4.0	0.8	1.31	1.21	1.41
6	160,930,108	0.06104	0.984	2.3	0.4	1.27	1.22	1.33
7	21,573,877	0.22512	0.992	1.5	0.3	1.00	0.98	1.02
7	25,958,351	0.14423	0.993	0.9	0.3	1.05	1.02	1.08
7	44,548,856	0.2013	0.990	2.0	0.3	1.02	1.00	1.05
7	44,567,220	0.42549	0.998	-1.2	0.2	0.97	0.95	0.99
7	72,620,810	0.11552	0.998	-0.9	0.3	1.02	0.99	1.06
7	72,697,942	0.46468	0.997	0.5	0.2	0.99	0.97	1.01
7	130,095,474	0.44163	0.998	-0.5	0.2	0.96	0.94	0.98
8	9,221,641	0.07554	0.997	1.9	0.4	1.04	1.00	1.08
8	18,316,718	0.18705	0.996	-1.3	0.3	0.96	0.94	0.99
8	19,888,502	0.08181	0.996	-2.1	0.4	0.93	0.89	0.97
8	19,910,123	0.45471	0.996	-1.0	0.2	0.96	0.94	0.98
8	55,584,167	0.24432	1.000	1.0	0.2	1.02	0.99	1.04
8	59,548,473	0.31037	0.998	-1.4	0.2	0.99	0.97	1.01
8	116,733,072	0.26318	0.999	-1.1	0.2	1.00	0.97	1.02
8	126,543,488	0.22755	0.997	-1.9	0.3	0.96	0.94	0.99
8	126,551,803	0.49199	0.999	-2.3	0.2	0.95	0.93	0.97
8	145,094,645	0.385	0.990	0.7	0.2	0.98	0.96	1.00
9	2,630,759	0.09898	0.998	-1.3	0.4	0.97	0.94	1.01
9	16,894,846	0.31865	0.998	-0.5	0.2	0.97	0.95	0.99
9	106,704,122	0.25781	0.999	-1.1	0.2	0.97	0.95	0.99
9	106,724,051	0.28833	0.997	-0.6	0.2	0.99	0.97	1.02
9	135,122,694	0.38646	0.997	-0.9	0.2	0.99	0.97	1.01
9	135,143,989	0.15248	0.995	1.0	0.3	1.05	1.02	1.08
10	94,829,632	0.42892	0.993	-0.6	0.2	0.99	0.97	1.01
11	18,612,847	0.30731	0.998	0.8	0.2	1.02	1.00	1.04
11	61,305,450	0.27208	0.991	0.8	0.2	1.01	0.99	1.04
11	61,354,548	0.38782	0.998	-1.1	0.2	1.00	0.98	1.02
11	116,144,314	0.06787	0.999	-5.8	0.4	0.94	0.91	0.98
11	116,159,645	0.46743	0.999	-0.5	0.2	0.97	0.95	0.99
11	116,206,564	0.00228	0.979	-15.1	2.3	0.91	0.73	1.14
11	122,039,714	0.40275	0.996	0.6	0.2	1.01	0.99	1.03
11	125,749,162	0.10572	0.999	0.7	0.3	1.02	0.99	1.06
12	110,492,139	0.38236	0.999	0.8	0.2	0.94	0.92	0.96
12	110,794,963	0.2284	0.999	0.8	0.3	0.94	0.92	0.97
12	119,901,033	0.30901	0.994	0.9	0.2	1.03	1.01	1.05
13	31,851,388	0.44766	0.999	-0.7	0.2	0.99	0.97	1.01
14	23,953,727	0.49889	0.995	0.8	0.2	0.98	0.96	1.01
15	56,518,445	0.19278	0.999	-0.6	0.3	0.99	0.97	1.02
16	55,542,640	0.38939	0.991	-1.8	0.2	0.97	0.95	0.99
16	55,572,592	0.06047	0.997	2.9	0.5	1.04	1.00	1.09
16	66,485,543	0.10432	1.000	-0.8	0.3	0.97	0.94	1.01

表1.5. アイスランドにおける非HDLコレステロールレベルおよび冠動脈疾患との公開された脂質バリアントの関連性

構築した36位置				非HDL(mg/dL)		冠動脈疾患		
Chr	位置(hg18)	MAF	Info	効果	SE	OR	95%CI	
16	70,665,594	0.14755	0.997	1.3	0.3	1.03	1.00	1.06
17	7,032,374	0.35058	0.996	-1.0	0.2	0.98	0.96	1.00
17	8,101,874	0.49481	0.998	-0.4	0.2	0.96	0.94	0.98
17	39,281,652	0.03364	0.989	1.3	0.6	1.08	1.02	1.15
17	42,746,803	0.28266	0.998	0.6	0.2	1.02	1.00	1.04
17	64,394,061	0.32561	0.995	0.5	0.2	1.03	1.01	1.05
18	45,363,953	0.01171	0.999	4.8	1.0	1.00	0.91	1.09
19	8,335,323	0.02392	0.965	-4.7	0.7	0.80	0.74	0.86
19	11,063,306	0.0888	0.995	-6.8	0.4	0.89	0.86	0.92
19	11,088,602	0.45236	0.997	1.4	0.2	1.02	1.00	1.04
19	19,268,718	0.07838	0.997	-3.8	0.4	0.96	0.92	1.00
19	50,103,781	0.16819	0.980	8.4	0.3	1.05	1.02	1.08
19	50,103,919	0.05236	0.968	-16.9	0.5	0.83	0.79	0.87
19	53,898,229	0.39118	0.997	1.1	0.2	1.00	0.98	1.03
19	57,016,028	0.27115	0.999	0.6	0.2	1.03	1.01	1.06
19	59,489,660	0.21613	0.990	-0.6	0.3	0.99	0.96	1.02
20	12,910,718	0.45731	0.998	0.4	0.2	1.00	0.98	1.03
20	17,793,921	0.15541	0.991	0.8	0.3	0.98	0.95	1.01
20	38,613,850	0.34358	0.997	-1.1	0.2	0.98	0.96	1.00
20	39,157,752	0.45945	0.997	1.1	0.2	0.99	0.97	1.01
20	42,475,778	0.04599	0.993	-1.3	0.5	0.98	0.93	1.03
20	44,018,827	0.21978	0.998	1.3	0.3	0.98	0.96	1.01

構築した36位置(hg18)、マイナーアレル頻度(MAF)、インピュテーション情報、mg/dLにおける非HDL効果および推定値の標準誤差(SE)ならびに冠動脈疾患についてのORおよびマイナーアレルについての95%CIを示す。

【０４３８】

【表１１】

表1.6. アイスランドにおける肝機能の様々な測定値とのdel12の関連性

表現型	n[a]	効果[b]	効果(95% CI)[c]	*P*	平均(±1SD)[d]
			変化%		
アラニントランスアミナーゼ	144,402	0.087	5.8 (-0.4,12.2)	0.065	28.7 (15.0-54.8)単位/L
アルカリホスファターゼ	126,060	0.840	50.1 (42.9,57.2)	3.6×10^{-63}	87.1 (53.5-141.7)単位/L
アスパラギン酸トランスアミナーゼ	144,931	0.072	4.1 (-2.9,11.4)	0.095	28.1 (14.2-55.6)単位/L
ビリルビン	94,805	0.054	3.7 (-2.6,10.4)	0.25	9.1 (4.6-18.0) µm/L
ガンマグルタミルトランスペプチダーゼ	138,844	0.113	10.3 (1.7,19.2)	0.015	30.9 (13.1-72.9)単位/L
			g/L		
アルブミン	78,555	-0.109	-0.72 (-1.37,0.06)	0.033	39.5 (33.0-46.0) g/L

[a]特性の各々についての関連性解析に使用される個体の数。[b]del12の予測される遺伝子型計数に対する調整した特性値の回帰からの、標準偏差の単位における効果推定値。[c]元の単位における効果推定値および95%CI。対数正規分布による特性について、効果を95%CIによる変化パーセンテージとして提示する。[d]アイスランド人集団における平均特性値、±1SD。対数正規分布による特性について、平均およびSDを対数変換特性値について算出し、元の単位に変換して戻す。

【０４３９】

【表１２】

表1.7. アイスランドにおける非HDLコレステロールおよびアルカリホスファターゼに関連するASGR-1遺伝子座における共通のバリアント

	rs314253	rs56093546	del12
染色体位置	17:7032374	17:7004539	17:7020979
MAF (%)	35.06	21.63	0.43
非HDLコレステロールに対する効果[a] (P値)	-0.03 (5.9×10^{-6})	-0.04 (2.0×10^{-6})	-0.30 (2.5×10^{-10})
rs314253について調整した(*P*)	-	0,022	7.9×10^{-11}
rs56093546について調整した(*P*)	0,0068	-	7.2×10^{-11}
del12について調整した(*P*)	6.4×10^{-7}	1.7×10^{-6}	-
ALPに対する効果[a] (P値)	0.050 (3.9×10^{-21})	0.068 (7.4×10^{-28})	0.82 (3.6×10^{-63})
rs314253について調整した(*P*)	-	5.7×10^{-12}	4.1×10^{-66}
rs56093546について調整した(*P*)	0,000042	-	2.0×10^{-66}
del12について調整した(*P*)	4.2×10^{-24}	4.0×10^{-31}	-
r^2、D'(rs314253に対して)	-	0.29, 0.76	0.001, 0.60
r^2、D'(rs56093546に対して)	0.29, 0.76	-	0.001, 1.00

[a]調整値の分布の標準偏差の単位における回帰からの効果推定値。
LDLコレステロールとのrs314253の関連性はWillerら 2013年に報告されており、ALPとの関連性はChambersら、2011年に報告されている。

【０４４０】

【表１３】

表1.8. 拡張されたアイスランド人のデータセットにおけるコレステロール、トリグリセリド、アルカリホスファターゼ、ビタミンB12およびCADとのp.w158Xおよびdel12の関連性

	p.W158X			del12		
特性/(n)[a]	効果[b]	効果(95% CI)[c]	*P*	効果[b]	効果(95% CI)[c]	*P*
非HDLコレステロール	SD	mg/dL		SD	mg/dL	
(136,261)	-0.45	-21.6 (-34.2,-9.6)	0.00057	-0.29	-13.3 (-17.2,-9.3)	4.0×10^{-11}
LDLコレステロール		mg/dL			mg/dL	
(53,932)	-0.38	-15.9 (-32.7,0.9)	0.064	-0.23	-9.7 (-14.1,-5.1)	2.8×10^{-5}
総コレステロール		mg/dL			mg/dL	
(131,879)	-0.30	-13.5 (-29.3,2.2)	0.091	-0.23	-10.4 (-14.2,-6.5)	1.4×10^{-7}
HDLコレステロール		mg/dL			mg/dL	
(124,437)	0.14	2.4 (-3.9,8.7)	0.45	0.15	2.5 (1.0,4.0)	0.0016
トリグリセリド		変化%			変化%	
(82,569)	-0.17	-8.4 (-25.5,7.2)	0.33	-0.12	-6.0 (-10.4,-1.8)	0.0075
ALP		変化%			変化%	
(131,966)	0.77	45.3 (20.4,68.2)	7.9×10^{-6}	0.80	47.7 (2.2,87.1)	5.6×10^{-76}
ビタミンB12		変化%			変化%	
(102,624)	0.26	15.6 (-4.3,34.0)	0.084	0.33	17.5 (3.1,30.9)	5.6×10^{-16}
CAD		OR	*P*		OR	*P*
(35,134/275,567)		0.61 (0.26,1.40)	0.24		0.66 (0.54,0.81)	4.5×10^{-5}

[a]特性値および遺伝子型を有する個体の数。[b]調整値の分布の標準偏差(SD)の単位における回帰からの効果推定値。[c]コレステロールについてはmg/dLにおける、トリグリセリド、ALPおよびビタミンB12については変化パーセンテージとしての効果推定値および95%信頼区間(95%CI)。[d]del12の効果について調整したp値。この解析は、8,453人のWGS個体および150,656人のアイスランド人の個体へのインピュテーションを含む更新したアイスランド人のデータセットに対して行った。非HDLコレステロール関連解析に関して、136,261人のアイスランド人を含んだ更新した試料セットを使用した。

【０４４１】

【表１４】

表1.9A. アイスランドにおける非HDLコレステロールと17p13.1において最も強い関連性を示すdel12および7個の他のSNPについての相関および条件付き解析

						非HDL			
バリアント	Pos	EA	OA	EA頻度(%)	$r^{2\,d}$	効果[c]	*P*	$P_{adjdel12}$[a]	P_{adjSNP}[b]
chr17:6930020:S	6930020	T	C	0.39	0.85	-0.243	$5.2x10^{-7}$	0.10	2.8E-05
rs188743906	6931736	T	C	0.39	0.85	-0.243	$5.2x10^{-7}$	0.18	2.9E-05
rs150983647	6942021	T	C	0.44	0.76	-0.232	$5.3x10^{-7}$	0.39	7.6E-05
chr17:6944653:S	6944653	A	G	0.39	0.85	-0.242	$5.9x10^{-7}$	0.10	2.3E-05
rs146261845	6952978	T	C	0.40	0.75	-0.259	$1.1x10^{-7}$	0.88	0.00053
chr17:6961021:S	6961021	C	T	0.39	0.85	-0.250	$2.2x10^{-7}$	0.18	0.00010
rs186021206	7010136	A	G	0.43	0.86	-0.283	$1.4x10^{-9}$	0.39	0.067
del12	7020979	del12	-	0.41		-0.297	$2.5x10^{-10}$	-	-

[a]del12との特性の関連性について条件付きで試験した、SNPと特性との間の相関についてのP値。[b]SNPと特性の関連性について条件付きで試験した、特性とdel12との間の相関についてのP値。[c]標準化した特性値の単位において推定した効果。[d]2,128人のアイスランド人の個体におけるdel12とSNPの遺伝子型配列決定との間の相関r^2。構築した36位置(hg18)を示す。

【０４４２】

【表１５】

表1.9B. アイスランド、デンマークおよびオランダにおける非HDLコレステロール、HDLコレステロールおよびトリグリセリド測定値とのdel12の関連性

	研究集団(n)	変化[a]±SE	*P*値	非保因者における平均値[b](SD)
	非HDLコレステロール	mg/dl		mg/dl
発見	アイスランド(119,146)	-10.4 ± 1.5	2.5×10^{-10}	156.8 (38.2)
反復	オランダ[c] (5,156)	-15.4 ± 5.4	0.0032	170.7 (41.3)
反復	デンマークA[d] (5,968)	-17.4 ± 8.1	0.0069	158.3 (42.9)
反復	デンマークB[e] (8,822)	-21.6 ± 5.4	3.8×10^{-5}	164.5 (40.5)
	混合	-11.6 ± 1.5	1.0×10^{-16}	
	HDLコレステロール	mg/dl		mg/dl
発見	アイスランド(119,514)	0±0.4	0.0058	55.2 (15.8)
反復	オランダ(5,537)	2.7±1.5	0.20	52.2 (13.1)
反復	デンマークA (6,182)	1.2±2.7	0.096	55.2 (15.4)
反復	デンマークB (9,656)	1.5±1.2	0.26	59.9 (16.2)
	混合	0±0.4	0.00039	
	トリグリセリド-mg/dl	mg/dl		mg/dl
発見	アイスランド(80,011)	-1.2±1.5	0.012	130.9 (75.2)
反復	オランダ(5,537)	-0.4±5.8	0.52	176.9 (121.2)
反復	デンマークA (6,182)	8.1±6.9	0.53	116.8 (84.0)
反復	デンマークB (8,163)	-3.5±2.3	0.15	131.8 (118.5)
	混合	-1.5±1.2	0.0030	

[a]効果量、±標準誤差は、年齢、性別について、アイスランドでは、場所およびスタチン使用についても調整した後のバリアントのヘテロ接合体保因者と非保因者との間の平均値の差を表す。[b]調整していない値に基づいて算出した。[c]The Nijmegen Biomedical Study(Wetzelsら 2007年)。[d]デンマーク人Inter99研究(Jorgensenら 2003年)。[e]デンマーク人Addition研究(Lauritzenら 2000年)。非HDLコレステロールについての値をミリモル/リットルに変換するために、0.02586を掛ける。

【０４４３】

【表１６】

表1.10. アイスランドおよびデンマークにおけるアルカリホスファターゼおよびビタミンB12血清測定値とのdel12の関連性

	研究集団(n)	変化[a]±SE	*P*値	非保因者における平均値[b](SD)
	ALP	U/L		U/L
発見	アイスランド(126,060)	+33.6±2.8	3.6×10^{-63}	92.8 (64.0)
反復	デンマークA(5,829)	+15.8±2.6	1.7×10^{-6}	42.9 (13.5)
	混合	+24.1±1.9	9.9×10^{-69}	
	ビタミンB12	pmol/L		pmol/L
発見	アイスランド(97,910)	+58.4±8.3	3.1×10^{-12}	439.0 (171.0)
反復	デンマークA(5,826)	+75.9±29.2	0.0069	420.0 (146.0)
	混合	+59.7±7.9	9.9×10^{-14}	

[a]効果量、±標準誤差は、年齢、性別について、アイスランドでは、場所およびスタチン使用についても調整した後のバリアントのヘテロ接合体保因者と非保因者との間の平均値の差を表す。[b]調整していない値に基づいて算出した。[c]The Nijmegen Biomedical Study(Wetzelsら 2007年)。[d]デンマーク人Inter99研究(Jorgensenら 2003年)。[e]デンマーク人Addition研究(Lauritzenら 2000年)。非HDLコレステロールについての値をミリモル/リットルに変換するために、0.02586を掛ける。

【０４４４】

実施例２

ＡＳＧＲ－１ノックアウトマウスからのＡＬＰデータ

ＡＳＧＲ－１　ＫＯマウス（系統Ｂ６．１２９Ｓ４－ＡＳＧＲ－１^{tm1Sau}／ＳａｕＪｘｍＪ）をＪａｃｋｓｏｎ　Ｌａｂｓから得、食餌により維持した。血清を４時間の絶食後にオスおよびメスの動物から採取し、Ｏｌｙｍｐｕｓ　ＡＵ６４０　Ｃｌｉｎｉｃａｌ　Ｃｈｅｍｉｓｔｒｙ　Ａｎａｌｙｚｅｒにおいて試験した。野性型マウスと比較して、血清ＡＬＰはＡＳＧＲ－１ノックアウトマウスにおいて上昇する（＊、ｐ＜０．０５；＊＊＊＊、ｐ＜０．０００１、ダネット検定による一元配置分散解析）。アラニントランスアミナーゼ（ＡＬＴ）およびアスパラギン酸トランスアミナーゼ（ＡＳＴ）のレベルは群間で有意に異ならなかった。これらのデータを本明細書において図７にまとめる。ＷＴ＝野性型；ＨＥ＝ヘテロ接合体；ＨＯ＝ホモ接合体。

【０４４５】

実施例３

ＲＮＡｉ

材料および方法

ｓｉＲＮＡ構築物

【０４４６】

【表１７】

表3．1：

供給業者	供給業者カタログ番号	主要遺伝子標的	標的配列	SEQ ID NO:	マッチした対照	SEQ ID NO:
Fisher/Ambion	S1662	hASGR-1	ACUUCACAGCGAGCACGGA	32614	ACUUCACACGCAGCACGGA	32632
GE/Dharmacon	D-011215-01	hASGR-2	GCCAAGGACUUUCAAGAUA	32615	GCCAAGGAGAAUCAAGAUA	32633
GE/Dharmacon	D-011215-03	hASGR-2	UGACGGAGGUCCAGGCAAU	32616	UGACGGAGCAGCAGGCAAU	32634
GE/Dharmacon	D-011215-04	hASGR-2	AGUGAUGGCUCUUGGAAAU	32617	AGUGAUGGGAGUUGGAAAU	32635
Fisher/Ambion	S1665	hASGR-2	GACUAUAGGCACAACUACA	32618	GACUAUAGCGUCAACUACA	32636
Fisher/Ambion	S194296	hASGR-2	CUGUGUGACUGGGUCCCAA	32619	CUGUGUGAGACGGUCCCAA	32637
Fisher/Ambion	S194297	hASGR-2	CACCUCUGGCU	32620	CACCUCUGCGAA	32638

			AACCCAUA		ACCCAUA	
GE/Dharmacon	D-042958-01	mASGR-1	GAGACAGGCUUCCAGAAUU	32621	GAGACAGGGAACCAGAAUU	32639
GE/Dharmacon	D-042958-04	mASGR-1	UGAAGUUAGUGGAGUCGAA	32622	UGAAGUUACACGAGUCGAA	32640
Fisher/Ambion	S62656	mASGR-1	AGAUCACUCCAGUUUGCUA	32623	AGAUCACUGGUGUUUGCUA	32641
Qiagen	S102735796	mASGR-1	CCAUCAUGACAAAGGAUUA	32624	CCAUCAUGUGUAAGGAUUA	32642
GE/Dharmacon	D-061966-01	mASGR-2	GGAUGGAACUGAUUAUAGA	32625	GGAUGGAAGACAUUAUAGA	32643
GE/Dharmacon	D-061966-02	mASGR-2	GGAAUUGGGCCUUCACUCA	32626	GGAAUUGGCGGUUCACUCA	32644
GE/Dharmacon	D-061966-03	mASGR-2	GACGGAACAUCACCCACUA	32627	GACGGAACUAGACCCACUA	32645
GE/Dharmacon	D-061966-04	mASGR-2	GGAUAGGUCUUACCGACAG	32628	GGAUAGGUGAAACCGACAG	32646
GE/Dharmacon	S62659	mASGR-2	GCAGGAUCCUAGGAUAGAA	32629	GCAGGAUCGAUGGAUAGAA	32647
Fisher/Ambion	S62660	mASGR-2	ACAUUGCUCUUUCACCUGA	32630	ACAUUGCUGAAUCACCUGA	32648
Fisher/Ambion	S62661	mASGR-2	GAAGAGUUUCGGACCCUGA	32631	GAAGAGUUAGCGACCCUGA	32649

【０４４７】

発現解析

ＲＮＡを、Ｑｉａｃｕｂｅおよび標準的なＱｉａｇｅｎ　ＲＮＡ単離プロトコールを使用して、スクランブルｓｉＲＮＡ、マッチした対照ｓｉＲＮＡまたはｈＡＳＧＲ－１、ｈＡＳＧＲ－２、ｍＡＳＧＲ－１もしくはＡＳＧＲ－２に対するｓｉＲＮＡにより処理したＨｅｐＧ２、ＣＨＯ安定細胞株または肝組織から単離した。ＲＮＡを、ＲＱ１　ＤＮａｓｅキット（Ｐｒｏｍｅｇａ）を使用してＤＮａｓｅ処理した。定量的ＰＣＲを、Ａｐｐｌｉｅｄ　Ｂｉｏｓｙｓｔｅｍｓ製の示したプライマープローブセット（ｈＡＳＧＲ－１：Ｈｓ０１００５０１９＿ｍ１；ｈＡＳＧＲ－２：Ｈｓ００９１０１０２＿ｍ１；ｍＡＳＧＲ－１：Ｍｍ０１２４５５８１＿ｍ１、ｍＡＳＧＲ－２：Ｍｍ００４３１８６３＿ｍ１）を使用してＱｕａｎｔｓｔｕｄｉｏ　７において製造業者のプロトコールに従って実施した。５０ｎｇのＲＮＡ／ウェルを使用し、１８Ｓ内部対照により正規化した。

【０４４８】

ｓｉＲＮＡトランスフェクション

製造業者のＲＮＡｉリバーストランスフェクションプロトコールに従ってＬｉｐｏｆｅ

ｃｔａｍｉｎｅ ＲＮＡＩＭＡＸ（Ｔｈｅｒｍｏ Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ）を使用して、３－４日間、細胞に、１０ｎＭの示したスクランブルｓｉＲＮＡ、マッチした対照ｓｉＲＮＡ、またはｈＡＳＧＲ－１、ｈＡＳＧＲ－２、ｍＡＳＧＲ－１もしくはｍＡＳＧＲ－２ｓｉＲＮＡに対するｓｉＲＮＡを、トランスフェクトした。トランスフェクションは、内部移行アッセイのために９６ウェルＳｃｒｅｅｎｓｔａｒマイクロプレート（Ｇｒｅｉｎｅｒ ｂｉｏ－ｏｎｅ）ならびにＱＰＣＲおよびウェスタンブロッティングのための９６ウェル透明組織培養プレート（Ｃｏｒｎｉｎｇ）において行った。

【０４４９】

ウェスタンブロッティング

細胞を、ｓｉＲＮＡトランスフェクションの３－４日後、阻害剤を含有するＲＩＰＡ緩衝液中に溶解した。細胞溶解物を２１ゲージシリンジに５回通し、次いで４℃にて１５分間１３０００ｒｐｍにて遠心分離した。上清を回収し、タンパク質濃度を決定した。必要に応じて、３０ｕｇのタンパク質を、脱グリコシル化キット（Ｇｅｎｚｙｍｅ）を使用して脱グリコシル化した。１０ｕｇ－３０ｕｇの総タンパク質を各ウェルに充填した。ゲルをニトロセルロース膜上に移し、膜を、室温にて１時間、５％の遮断緩衝液により遮断した。次いで膜を、４℃にてｏ／ｎ、抗ｍＡＳＧＲ－１（１：１０００、Ｒ＆Ｄ）、ｈＡＳＧＲ－１（１：１０００、ＰｒｏｔｅｉｎＴｅｃｈ）、ｈＡＳＧＲ－２（１：１０００、Ａｂｃａｍ）、抗ｆｌａｇ（１：５０００、Ｓｉｇｍａ）、抗ｈｉｓ（１：１０００、Ｃｅｌｌ ｓｉｇｎａｌｉｎｇ）およびマウス抗β－アクチン（１：５０００、ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒまたはＣｅｌｌ ｓｉｇｎａｌｉｎｇ）によりプローブした。膜を、示したバンドを検出するために抗マウスおよび抗ラット二次抗体によりさらにプローブした。

【０４５０】

リガンド内部移行アッセイ

ＣＨＯ安定細胞株を、３－４日間、スクランブルｓｉＲＮＡ、マッチした対照ｓｉＲＮＡまたはｈＡＳＧＲ－１、ｈＡＳＧＲ－２、ｍＡＳＧＲ－１もしくはｍＡＳＧＲ－２ ｓｉＲＮＡに対するｓｉＲＮＡにより処理し、９６ウェルプレートにプレーティングした。ビオチン－ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡをインキュベートし、ストレプトアビジン－Ａｌｅｘａ４８８を細胞にさらに加えた。Ｄｒａｑ５を使用して、細胞を、（細胞質および核の両方について）対比染色した。細胞をＯｐｅｒｅｔｔａ Ｉｍａｇｅ Ｓｙｓｔｅｍにより走査し、データをＣｏｌｕｍｂｕｓによって解析した。

【０４５１】

動物研究

全ての動物収容条件および研究プロトコールは、Ａｍｇｅｎ Ｉｎｓｔｉｔｕｔｉｏｎａｌ Ａｎｉｍａｌ Ｃａｒｅ ａｎｄ Ｕｓｅ Ｃｏｍｍｉｔｔｅｅ（ＩＡＣＵＣ）によって承認された。マウスを、換気したマイクロアイソレーターにおける、特定病原体を含まない、ＡＡＡＬＡＣ、Ｉｎｔｌにより認可されている施設に収容した。処置および収容室を正に加圧し、１２：１２の暗：明サイクルに調節した。自動散水システムにより全ての動物に逆浸透精製水を自由に取らせた。１０－１２週齢のＣ５７ＢＬ／６Ｊ動物（Ｔｈｅ Ｊａｃｋｓｏｎ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ）を単独で収容し、標準的な食餌（２０２０×Ｔｅｋｌａｄ ｇｌｏｂａｌ ｓｏｙ ｐｒｏｔｅｉｎ－ｆｒｅｅ ｅｘｔｒｕｄｅｄ ｒｏｄｅｎｔ ｄｉｅｔ；Ｈａｒｌａｎ）を供給した。

【０４５２】

インビボ研究のために修飾したｓｉＲＮＡを、製造業者のプロトコールに従ってＩｎｖｉｖｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ３．０（Ｔｈｅｒｍｏ Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ）により製剤化した。簡潔に述べると、ｓｉＲＮＡを複合緩衝液（製造業者によって提供された）およびＩｎｖｉｖｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ３．０と予混合し、次いで３０分間５０℃にてインキュベートし、注射前にＰＢＳによってさらに希釈した。

【０４５３】

マウスに、緩衝液、０．２５ｍｌの緩衝液中の１－２ｍｇ／ｋｇ体重の示したｓｉＲＮＡおよびマッチした対照ｓｉＲＮＡを示した時間においてｉ．ｖ．注射した。採取動物か

らの肝臓総ＲＮＡをｑＰＣＲ解析のために処理した。
これらの研究からのデータを本明細書の図８－１７に提供する。
【０４５４】
実施例４
Ｙ２７２Ｃ突然変異データ
Ｃ末端ＦＬＡＧエピトープタグ化ネズミ野性型またはＹ２７２Ｃ　ＡＳＧＲ－１を発現するチャイニーズハムスター卵巣（ＣＨＯ）細胞の安定なプールを、ピューロマイシン選択を使用した確立された方法によって生成した。ＡＳＧＲ－１の細胞表面発現を、選択プロセスの間および実験の時の両方で抗ＦＬＡＧ抗体を使用してＦＡＣＳによって確認した。リガンド結合を、β－ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡ－ビオチン（Ｇｌｙｃｏｔｅｃｈ　Ｃｏｒｐｏｒａｔｉｏｎ）およびストレプトアビジン－フィコエリスリン（ＰＥ）を使用してＦＡＣＳによって評価した。簡潔に述べると、リガンドを、フェノールレッドと２％のウシ血清アルブミン（ＢＳＡ）を有さないダルベッコ改変イーグル培地（ＤＭＥＭ）中の１００ｕｌの細胞（１×１０^{6}個の細胞）に加え、６０分間氷上でインキュベートした。次いで細胞を、フェノールレッドと２％ＢＳＡを有さないＤＭＥＭにより３回洗浄した。次いでストレプトアビジン－ＰＥを氷上で１μｇ／ｍｌにて２０分間加え、続いてフェノールレッドと２％ＢＳＡを有さないＤＭＥＭ中でさらに３回洗浄し、この時点で細胞を、フェノールレッドと２％ＢＳＡを有さない０．５ｍｌのＤＭＥＭおよび５ｕｌの０．１ｍＭ　ＳｙＴＯｘ　Ｂｌｕｅ生存染色剤中に再懸濁し、ＢＤ　ＬＳＲ　ＩＩ（ＢＤ　Ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ）において解析した。データは、以下の表４．１に示すように中央蛍光強度として提示する。
【０４５５】
【表１８】

表4.1

ASGR-1 Y272Cは野性型ASGR-1と比較してリガンド結合が低減している

	β-GalNAc-PAA-ビオチン、ug/ml				抗FLAG抗体
	0	0.1	0.3		
親	5.23	5.52	5.57		7.3
WT	4.87	763.51	1394.86		3959.65
Y272C	5.28	5.47	6.10		973.38

【０４５６】
実施例５
抗体の生成
ＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２配列の分子クローニング
組換えＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２ベクターの産生のために、ｃＤＮＡ配列を、合成するか、商業的供給源から得るか、またはＲＮＡ配列決定データ（Ａｍｇｅｎ）からコンパイルすることによって得た。ヒト、マウスおよびラットＡＳＧＲ　ｃＤＮＡクローンを、商業的に得た（ＯｒｉＧｅｎｅ　Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ，Ｉｎｃ．）。他の全てのＡＳＧＲ　ｃＤＮＡを、合成した（Ｉｎｔｅｇｒａｔｅｄ　ＤＮＡ　Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ，Ｉｎｃ．）。ＧｅｎＢａｎｋ受託番号は以下の通りである：ヒトＡＳＧＲ－１（ＮＭ＿００１６７１．４）、ヒトＡＳＧＲ－２（ＮＭ＿０８０９１３．３）、マウスＡＳ

ＧＲ－１（ＢＣ０２２１０６．１）、マウスＡＳＧＲ－２（ＢＣ０１１１９７．１）、ラットＡＳＧＲ－１（ＮＭ＿０１２５０３）、ラットＡＳＧＲ－２（ＮＭ＿０１７１８９）、ブタＡＳＧＲ－１（ＮＭ＿００１２４４４５８）、ブタＡＳＧＲ－２（ＸＭ＿００５６６９１９９）、イヌＡＳＧＲ－１（ＸＭ＿５４６５７９）、イヌＡＳＧＲ－２（ＸＭ＿００３４３４５９９）、カニクイザル（ｃｙｎｏｍｏｌｏｇｕｓ ｍｏｎｋｅｙ）ＡＳＧＲ－１（ＸＰ＿００５５８２７５５）。カニクイザルＡＳＧＲ－２についてのＮＣＢＩ登録は部分的なアミノ酸配列（ＮＣＢＩタンパク質受託番号ＥＨＨ５７６５３）であるので、完全なヌクレオチド配列を、カニクイザルゲノム（ゲノムはＭａｃａｃａ＿ｆａｓｃｉｃｕｌａｒｉｓ＿５．０を構築した；ＧｅｎＢａｎｋ受託番号ＧＣＡ＿０００３６４３４５．１；Ｗａｓｈｉｎｇｔｏｎ Ｕｎｉｖｅｒｓｉｔｙ）ならびにカニクイザルの肝臓、心臓および皮膚組織からのＲＮＡ配列決定データ（Ａｍｇｅｎ）の解析によってコンパイルした。一時的または安定な哺乳動物発現のために、ｃＤＮＡを、ｐＴＴ５（Ｎａｔｉｏｎａｌ Ｒｅｓｅａｒｃｈ Ｃｏｕｎｃｉｌ ｏｆ Ｃａｎａｄａ）、ｐＳＬＸ２３５ａ（ＳｕｒｅＴｅｃｈ）またはｐＪｉＦ１（Ｂｏｙｃｅ Ｌａｂ、Ｍａｓｓａｃｈｕｓｅｔｔｓ Ｇｅｎｅｒａｌ Ｈｏｓｐｉｔａｌ、米国特許第７，１９２，９３３号）内にクローニングした。哺乳動物細胞における個々の組換えタンパク質産生のために、ほぼ全ての配列を、６×Ｈｉｓ精製タグによりこれらのＣ末端においてタグ化した。ｈｕＡＳＧＲ－１およびｈｕＡＳＧＲ－２の複合化のために、ｈｕＡＳＧＲ－２を、６×Ｈｉｓタグを用いずに発現させた。Ｅ．コリ（Ｅ．ｃｏｌｉ）における組換え発現のために、配列をｐＥＴ２１ａ（Ｎｏｖａｇｅｎ、ＥＭＤ Ｍｉｌｌｉｐｏｒｅ）内にクローニングした。得られたＡＳＧＲタンパク質のアミノ酸配列を表１に示す。

【０４５７】

組換えタンパク質の発現および精製

組換えタンパク質発現のための安定なＣＨＯ－Ｓ細胞プールの生成

ＣＨＯ－Ｓ（Ｉｎｖｉｔｒｏｇｅｎ、Ｃａｒｌｓｂａｄ、Ｃａｌｉｆｏｒｎｉａ）細胞に、製造業者の推奨（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ）に従ってＬｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ＬＴＸを使用してＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－２をコードするｐＳＬＸ２３５ａベクターをトランスフェクトした。安定なプールを、１０ｕｇ／ｍｌピューロマイシン（単一選択）または１０ｕｇ／ｍｌピューロマイシンおよび４００ｕｇ／ｍｌハイグロマイシン（二重選択）を使用して、２日毎に新鮮な培地中で細胞を培養することによって選択した。次いで安定なプールを組換えタンパク質産生のために使用した。

【０４５８】

組換えタンパク質産生およびＣＨＯ－Ｓ細胞の安定なプールからの精製

選択した安定なプールからの細胞を成長培地中で増殖させた。十分な細胞数が得られたら、培養物を、8×10^{5}個の細胞／ｍｌの生存細胞密度にて１Ｌの体積の成長培地入りの２Ｌの三角フラスコに播種した。次いで細胞を、３７℃、５％CO_2において３日間、懸濁液中で培養し、その後、温度を産生の最後の７日間で３１℃に低下させた。遠心分離を使用して細胞をペレット化し、得られた上清を濾過して馴化培地を生成した。

【０４５９】

個々の組換えタンパク質を、Ｎｉ－Ｅｘｃｅｌ樹脂（ＧＥ Ｈｅａｌｔｈｃａｒｅ）を使用して６×Ｈｉｓタグにより精製した。簡潔に述べると、１．４Ｌの馴化培地を３×５ｍｌのＮｉ－Ｅｘｃｅｌ Ｈｉ－ｔｒａｐカラム上に充填し、次いで１０カラム体積の洗浄緩衝液（２５ｍＭ ＨＥＰＥＳ、ｐＨ７．６、２５０ｍＭ ＮａＣｌ、１ｍＭ $CaCl_2$、５０ｍＭイミダゾール）により洗浄した。タンパク質を、７カラム体積の溶出緩衝液（２５ｍＭ ＨＥＰＥＳ、ｐＨ７．６、２５０ｍＭ ＮａＣｌ、１ｍＭ $CaCl_2$、４００ｍＭイミダゾール）によりカラムから溶出した。溶出フラクションを、２×１０ｍｌの注入液によりＨｉＬｏａｄ Ｓｕｐｅｒｄｅｘ ２００カラム上に充填し、２５ｍＭ ＨＥＰＥＳ、ｐＨ７．６；１５０ｍＭ ＮａＣｌ、１ｍＭ $CaCl_2$により溶出した。最終フラクションをこれらの予測される分子量に基づいて回収した。各溶出ピークにおけるタンパク質の同定を、脱グリコシル化（Ｎ－グリカナーゼ、Ｏ－グリカナーゼおよびシアリダ

ーゼ）および還元後にＬＣ－ＴＯＦ－ＭＳによって確認した。ＡＳＧＲ－１／ＡＳＧＲ－２複合体を、ＡＳＧＲ－１－６×Ｈｉｓタグ馴化培地をＡＳＧＲ－２－ｎｏ　６×Ｈｉｓタグ馴化培地とプレインキュベートすることによって精製した。これらの条件は、標準的な２ステップＮｉ－Ｅｘｃｅｌ／ＳＥＣ法によって精製することができる複合体を生じる両方のタンパク質の会合を可能にした。

【０４６０】

組換えタンパク質産生およびＥ．コリからの精製

Ｅ．コリのコドン最適化配列を、ｐＥＴ２１ａ発現プラスミド内にクローニングした。プラスミドをＥ．コリ株ＢＬ２１（ＤＥ３）Ｓｔａｒ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ　Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ　Ｉｎｃ．）内に形質転換し、個々のクローンを、カルベニシリンを使用して選択した。発現のために、細胞を、３７℃にて撹拌しながら４Ｌのフラスコ内の１ＬのＴＢ成長培地（カルベニシリンを補足した）中で成長させた。２の光学密度に達したら、タンパク質発現を１ｍＭ　ＩＰＴＧ（最終濃度）の添加によって誘導した。３７℃での誘導の４時間後、細胞ペーストを遠心分離によって採取した（７から１４ｇの間の細胞ペースト／Ｌ培養物を回収した）。不溶性フラクション内へのタンパク質局在化をＳＤＳ－ＰＡＧＥによって確認した。

【０４６１】

封入体を細胞ペーストから回収し、１０ｍＭのＤＴＴを含有する６Ｍのグアニジンに可溶化した。首尾良いタンパク質リフォールディングを、様々な緩衝剤、ｐＨ、変性剤、安定化剤および還元剤を含めた３２の条件のマトリクスをスクリーニングすることによって確立した。リフォールディング手順は、適切なリフォールド緩衝液中で１：１５の比にて溶解した封入体を迅速に希釈し、１つの条件につき約１ｍｇのタンパク質を維持することによって開始した。次いで試料を４℃にて６０時間インキュベートした。得られたバッチをＳＤＳ－ＰＡＧＥおよびイオン交換クロマトグラフィーによって解析して、最適なリフォールディング条件を特定した。ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ（１４８－２９１）に関して、最後のリフォールド条件は、ｐＨ９．５、２．５Ｍの尿素、２０％のグリセロール、４ｍＭのシステインおよび４ｍＭのシスタミンであった。

【０４６２】

抗ＡＳＧＲ免疫反応の誘発

マウス株

ヒトＡＳＧＲに対する完全なヒト抗体を、ＸＥＮＯＭＯＵＳＥ（登録商標）トランスジェニックマウスを免疫化することによって生成した（米国特許第６，１１４，５９８号；同第６，１６２，９６３号；同第６，８３３，２６８号；同第７，０４９，４２６号；同第７，０６４，２４４号、これらの全体を参照により本明細書に組み込む；Ｇｒｅｅｎら、１９９４年、Ｎａｔｕｒｅ　Ｇｅｎｅｔｉｃｓ　７：１３－２１頁；Ｍｅｎｄｅｚら、１９９７年、Ｎａｔｕｒｅ　Ｇｅｎｅｔｉｃｓ　１５：１４６－１５６頁；ＧｒｅｅｎおよびＪａｋｏｂｏｖｉｔｉｓ、１９９８年、Ｊ．Ｅｘ．Ｍｅｄ、１８８：４８３－４９５頁；ＫｅｌｌｅｒｍａｎおよびＧｒｅｅｎ、Ｃｕｒｒｅｎｔ　Ｏｐｉｎｉｏｎ　ｉｎ　Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ　１３、５９３－５９７頁、２００２年）。全ての免疫化のために、ＸＭＧ２－Ｋ、ＸＭＧ２－ＫＬ、ＸＭＧ４－ＫおよびＸＭＧ４－ＫＬ　ＸＥＮＯＭＯＵＳＥ（登録商標）系統由来の動物を使用した。

【０４６３】

マウス抗ヒトＡＳＧＲ抗体を、ＢＡＬＢ／ｃ、Ｃ５７ＢＬ／６およびＣＤ－１マウス（Ｃｈａｒｌｅｓ　Ｒｉｖｅｒ　Ｌａｂｏｒａｔｏｒｉｅｓ、Ｓａｎ　Ｄｉｅｇｏ、Ｃａｌｉｆｏｒｎｉａ）ならびにＢ６．１２９Ｓ４－ＡＳＧＲ－１^{tm1Sau}／ＳａｕｂＪｘｍＪ（ＡＳＧＲ－１　ＫＯマウス）およびＣ５７ＢＬ６　ｘ１２９　Ｆ１マウス（Ｊａｃｋｓｏｎ　Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ、Ｓａｃｒａｍｅｎｔｏ、ＣＡ）を免疫化することによって生成した。

【０４６４】

完全なヒト重鎖のみの抗体（ＨＣＡｂ）を、トランスジェニックＨａｒｂｏｕｒマウス

（Ｊａｎｓｓｅｎｓら ２００６、ＰＮＡＳ １０３：１５１３０－１５１３５頁；Ｈａｒｂｏｕｒ Ｂｉｏｌｏｇｉｃｓ、Ｒｏｔｔｅｒｄａｍ、Ｎｅｔｈｅｒｌａｎｄｓ）のＶＨ４および８Ｖ３株を免疫化することによって生成した。ラット抗マウスＡＳＧＲ抗体を、Ｂｒｏｗｎ Ｎｏｒｗａｙラット（Ｃｈａｒｌｅｓ Ｒｉｖｅｒ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｉｅｓ、Ｓａｎ Ｄｉｅｇｏ、Ｃａｌｉｆｏｒｎｉａ）を使用して生成した。

【０４６５】

免疫化（ｉｍｍｕｎｉｚａｔｉｏｎ）

複数の免疫原および免疫化の経路を使用して、抗ヒトＡＳＧＲ免疫反応を生成した。遺伝子免疫化のために、マウスを、製造業者の指示書（ＢｉｏＲａｄ、Ｈｅｒｃｕｌｅｓ、Ｃａｌｉｆｏｒｎｉａ）に従ってＨｅｌｉｏｓ Ｇｅｎｅ Ｇｕｎシステムを使用して６から８週にわたって１２から１４回免疫化した。簡潔に述べると、野性型ヒトまたはマウスＡＳＧＲ－１（またはｈｕＡＳＧＲ－１＋ｈｕＡＳＧＲ－２、ｍｕＡＳＧＲ－１＋ｍｕＡＳＧＲ－２の両方）をコードする発現ベクターを金のビーズ（ＢｉｏＲａｄ、Ｈｅｒｃｕｌｅｓ、Ｃａｌｉｆｏｒｎｉａ）上にコーティングし、剃毛したマウスの表皮またはラット腹部に送達した。細胞ベースの免疫化のために、マウスおよびラットを、ヒトまたはマウスＡＳＧＲ－１（またはｈｕＡＳＧＲ－１＋ｈｕＡＳＧＲ－２、ｍｕＡＳＧＲ－１＋ｍｕＡＳＧＲ－２の両方）をコードする発現ベクターにより一時的にトランスフェクトしたＣＨＯ細胞（Ｉｎｖｉｔｒｏｇｅｎ、Ｃａｒｌｓｂａｄ、Ｃａｌｉｆｏｒｎｉａ）または２９３－６Ｅ細胞（Ｎａｔｉｏｎａｌ Ｒｅｓｏｕｒｃｅ Ｃｏｕｎｃｉｌ ｏｆ Ｃａｎａｄａ）により免疫化した。動物を、皮下と腹腔内注射との間で交互に行ったプロトコールを使用して６週にわたって１０回、硫酸アルミニウムカリウム（ＥＭＤ Ｃｈｅｍｉｃａｌｓ Ｉｎｃ．、Ｇｉｂｂｓｔｏｗｎ、ＮＪ）から調製したミョウバンおよびＣｐＧ－ＯＤＮ（Ｅｕｒｏｆｉｎｓ ＭＷＧ Ｏｐｅｒｏｎ ＬＬＣ、Ｈｕｎｔｓｖｉｌｌｅ、ＡＬ）と混合した細胞により免疫化した。最初の追加免疫は4×10^{6}個の細胞からなっていたのに対して、後の追加免疫は2×10^{6}個の細胞を含んでいた。可溶性タンパク質免疫化のために、マウスを、完全な細胞外ドメイン（ＥＣＤ）、炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）またはＡＳＧＲ－１およびＡＳＧＲ－２ ＥＣＤの複合体を表す様々なヒトＡＳＧＲ組換えタンパク質により免疫化した（表５．１）。動物を、皮下注射を使用して４－６週にわたって１０回、ミョウバンおよびＣｐＧ－ＯＤＮと混合した組換えタンパク質（または標準的な方法を使用してＫＬＨにコンジュゲートした組換えタンパク質）、完全フロイントアジュバント（Ｓｉｇｍａ）またはＭＰＬ＋アジュバント（Ｓｉｇｍａ）により免疫化した。最初の追加免疫は１０μｇからなっていたのに対して、後の追加免疫は５－１０μｇを含んでいた。ヒトＡＳＧＲ－１特異的血清力価を、Ａｃｃｕｒｉフローサイトメーター（ＢＤ Ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ）において生細胞ＦＡＣＳ解析によってモニタリングした。最も高い抗原特異的血清力価を有する動物を　殺し、ハイブリドーマ生成（ＫｏｈｌｅｒおよびＭｉｌｓｔｅｉｎ、１９７５年）のために使用した。

【０４６６】

【表１９】

表5.1. 免疫化のために使用した可溶性、組換えタンパク質抗原

組換えタンパク質免疫原	供給源
huASGR-1(カタログ番号:C428) ECD-KLHコンジュゲート	**Novoprotein**
huASGR-1(64-291)ECD-KLHコンジュゲート	**Amgen**
huASGR-1 (64-291) ECD	**Amgen**
huASGR-1 (154-291) CBD	**Amgen**
huASGR-1(64-291)/huASGR-2(61-287)ECD複合体	**Amgen**
huASGR-1(64-291)/huASGR-2(61-287)ECD複合体**-KLH**コンジュゲート	**Amgen**
muASGR-1 (63-284)	**Amgen**

【０４６７】

モノクローナル抗体の調製

ハイブリドーマ生成

好適な血清力価を示す動物を同定し、リンパ球を脾臓および／または排出リンパ節から得た。プールしたリンパ球（各々の免疫化コホート由来）を、適切な培地（例えば、ダルベッコ改変イーグル培地（ＤＭＥＭ）；Ｉｎｖｉｔｒｏｇｅｎ、Ｃａｒｌｓｂａｄ、ＣＡ）中で粉砕することによってリンパ系組織から解離させた。Ｂ細胞を、標準的な方法を使用して選択しおよび／または増殖させ、当該技術分野において公知の技術を使用して適切な融合パートナーと融合させた。

【０４６８】

ハイブリドーマプールの抗原濃縮

各々の免疫組織採取物からの融合したハイブリドーマプールを、様々なプローブを使用してＦＡＣＳベースの濃縮のための材料源として使用した。ネイティブ（全長、細胞上）ヒト、カニクイザル、マウス、ラット、イヌまたはブタＡＳＧＲ－１（およびネイティブヒトＡＳＧＲ－２）に特異的な抗体を発現するハイブリドーマを濃縮するために、膜を、関連ＡＳＧＲ ｃＤＮＡ構築物を一時的に発現する２９３Ｔ細胞から調製した。２９３－Ｆｅｃｔｉｎ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ Ｉｎｃ．）を使用したトランスフェクションの２４時間後、細胞を、製造業者の推奨（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ Ｉｎｃ．）に従ってＥ－Ｚ ｌｉｎｋ ＮＨＳ－ＬＣ－ＬＣ－ビオチンによりビオチン化した。ビオチン化後、細胞をニードルおよびシリンジにより均質化して膜断片を形成し、「膜調製物（ｍｅｍｂｒａｎｅ ｐｒｅｐ）」と名付けた。次いでビオチン化膜調製物を使用して、標準的なビオチン－ストレプトアビジン化学により目的の標的に特異的な表面抗体を発現するハイブリドーマを検出した。組換えＡＳＧＲ－１ ＥＣＤまたはＣＢＤに結合できるハイブリドーマを濃縮するために、可溶性、６ｘＨｉｓタグ化ＡＳＧＲ－１タンパク質を使用した（Ａｍｇｅｎ）。

【０４６９】

目的の抗原についてのハイブリドーマプールを濃縮するために、これらを最初に適切な膜調製物または可溶性プローブとインキュベートした。可溶型のＡＳＧＲ－１に対して、組換えタンパク質プローブをハイブリドーマに加え、結合させた。次いで過剰なプローブを洗い流し、抗原特異的ハイブリドーマを、表面ＩｇＧ（Ａｌｅｘａ ４８８がコンジュ

ゲートした二次抗体（Ｊａｃｋｓｏｎ ＩｍｍｕｎｏＲｅｓｅａｒｃｈ）（野性型マウスハイブリドーマに対してＧｔ抗マウスＦｃ、およびトランスジェニックマウスハイブリドーマに対してＧｔ抗ヒトＦｃ）を用いた）およびこの６ｘＨｉｓタグ（Ａｌｅｘａ ６４７標識化キット（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ Ｉｎｃ）によりＡｌｅｘａ ６４７にコンジュゲートした、Ａｍｇｅｎにより誘導された抗６ｘＨｉｓモノクローナル抗体を使用した）による可溶性ＡＳＧＲ－１プローブの同時検出によって同定した。表面ＩｇＧおよび結合抗原を発現するハイブリドーマを、ＡｃｃｕｒｉフローサイトメーターにおけるＦＡＣＳ解析によって検出した。二重陽性事象を、ＦＡＣＳ Ａｒｉａセルソーター（ＢＤ Ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ）において３８４ウェルプレート内に単一細胞として分類した。ＡＳＧＲ－１のネイティブ型に関して、ビオチン化膜調製物を、適切な抗原を一時的に発現する２９３Ｔ細胞から記載されているように調製した。未結合プローブを洗い流した後、細胞表面ＩｇＧおよび結合抗原を発現する二重陽性ハイブリドーマを、Ａｌｅｘａ ４８８がコンジュゲートした二次抗体（ＩｇＧを検出するため）および抗原を検出するためにＡｌｅｘａ ６４７（Ｊａｃｋｓｏｎ ＩｍｍｕｎｏＲｅｓｅａｒｃｈ）にコンジュゲートしたストレプトアビジンを使用して検出した。これらの事象を、ＦＡＣＳ Ａｒｉａセルソーターにおいて３８４ウェルプレート内に単一細胞として分類した。培養の数日後、モノクローナル抗体を含有するハイブリドーマ上清を回収し、以下の実施例に記載されているスクリーニングアッセイに使用した。

【０４７０】

実施例６

ＡＳＧＲ－１特異的抗原の同定

以下の表６．１は、アッセイされる抗体のおおよその数をまとめる：

【０４７１】

【表２０】

表6.1. huASGR-1結合、リガンド遮断抗体の同定および選択の要約。

ASGR-1スクリーニング	抗体の数
huASGR-1結合剤	15731
huASGR-1-リガンド遮断剤(>60%)	5306
配列特有huASGR-1-リガンド遮断剤	2603(表3に開示されている)
huASGR-1-リガンド遮断剤(>50%)	172(表3に開示されている)

【０４７２】

［実施例６－Ａ］

ＡＳＧＲ－１特異的結合抗体の最初の選択

ハイブリドーマ上清（モノクローナル抗体）を、Ｃｅｌｌ Ｉｎｓｉｇｈｔ（商標）Ｈｉｇｈ Ｃｏｎｔｅｎｔ Ｉｍａｇｉｎｇ Ｐｌａｔｆｏｒｍ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒ Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ）を使用してヒト胚腎臓（ＨＥＫ）２９３細胞上で一時的に発現したヒトＡＳＧＲ－１との結合についてスクリーニングした。ヒトＡＳＧＲ－１は、製造業者によって設定されたプロトコールに従ってヒトＡＳＧＲ－１ ＤＮＡ、Ｇｉｂｃｏ（商標）Ｏｐｔｉ－ＭＥＭ（登録商標）培地および２９３Ｆｅｃｔｉｎ（商標）試薬を使用したトランスフェクションによって宿主ＨＥＫ２９３細胞上で一時的に発現した。ヒトＡＳＧＲ－１を発現するトランスフェクトしたＨＥＫ２９３細胞、ハイブリドーマ上清または対照試料、Ａｌｅｘａ Ｆｌｕｏｒ（登録商標）４８８ ＩｇＧ断片特異的検出抗体およびＨｏｅｃｈｓｔ ３３３４２株を混合し、室温にて３時間インキュベートした。次いで試料を洗浄し、ＣｅｌｌＩｎｓｉｇｈｔ（商標）システムにより解析した。上清を、空親ベクター（偽（ｍｏｃｋ）と称される）をトランスフェクトしたＨＥＫ２９３細胞に対してカウンタースクリーニングした。解析を、無関係のＩｇＧ抗体上清試料シグナルを使用して行い；無関係のＩｇＧ抗体試料より２倍またはそれより多いシグナルを示すハイブリド

ーマ上清試料を、ＡＳＧＲ－１特異的結合プロファイルを示すとみなし、さらなる特徴付けのために選択した。表６．１を参照。

【０４７３】

実施例６－Ｂ

ＡＳＧＲ－１受容体－リガンド遮断抗体の同定

ＡＳＧＲ－１結合ハイブリドーマ上清を、ＡＳＧＲ－１がリガンドに結合することを阻止するこれらの能力について試験した。競合的結合アッセイを、以下のようにヒトＡＳＧＲ－１を一時的に発現するＨＥＫ２９３細胞またはヒトＡＳＧＲ－１を安定に発現するＣＨＯ－Ｓ細胞のいずれかでＦＡＣＳを使用して抗原特異的ハイブリドーマ上清試料において実施した。ヒトＡＳＧＲ－１を発現するＨＥＫ２９３細胞またはＣＨＯ－Ｓ細胞を抗体試料（ＡＳＧＲ－１に特異的なハイブリドーマ上清）と混合し、４℃にて１時間インキュベートし、次いで２回洗浄した。次いで結合試料を有する細胞を、予め複合体化したβ－ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡ－ビオチン（ＧｌｙｃｏＴｅｃｈ、Ｇａｉｔｈｅｒｓｂｕｒｇ、Ｍａｒｙｌａｎｄ）／Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）６４７－ストレプトアビジンと４℃にて４５分間インキュベートした。β－ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡ－ビオチンの濃度は特異的細胞株において結合ＥＣ５０濃度にて使用した。Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）６４７ストレプトアビジンの濃度はβ－ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡ－ビオチンに対して２：１のモル比にて使用した。次いで７－ＡＡＤ細胞生存株を加え、細胞を４℃にてさらに１５分間インキュベートし、２回洗浄し、ＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。細胞の生存が耐えられる場合、１ｍＭの塩化カルシウムを補足したＦＡＣＳ緩衝液を全てのステップにおいて使用した。試料は、ＢＤ　Ａｃｃｕｒｉ（商標）フローサイトメーターおよびＩｎｔｅｌｌｉｃｙｔ　ＨｙｐｅｒＣｙｔオートサンプラーを使用して解析した。解析は、偽トランスフェクトＨＥＫ２９３細胞およびヒトＡＳＧＲ－１トランスフェクトＨＥＫ　２９３細胞の両方において無関係（非ＡＳＧＲ－１特異的）のＩｇＧ抗体上清対照シグナルを使用して行って、最大および最小β－ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡ－ビオチン結合シグナルを決定した。これらの最大および最小結合シグナルを使用して、β－ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡ－ビオチン結合阻害％を決定した。リガンド結合を６０％以上低減させる能力を有するＡＳＧＲ－１抗体を同定し（表６．１）、当業者に利用可能な方法を使用して配列決定した。特有のＡＳＧＲ－１特異的、リガンド遮断抗体の配列を本明細書の表２－７に示す。

【０４７４】

次いで、特有のＡＳＧＲ－１特異的、リガンド遮断抗体を、単一の既知の抗体濃度（５ｕｇ／ｍｌ）を使用してよりストリンジェントな条件下で、ＧａｌＮＡｃリガンドを遮断するこれらの能力について試験した。受容体－リガンド遮断アッセイを、ＡＳＧＲ－１またはＡＳＧＲ－１を安定にトランスフェクトしたＣＨＯ細胞を一時的に発現する２９３Ｔ細胞を使用して実施した。リガンド結合を５０％以上低減させる能力を有するＡＳＧＲ－１抗体を、同定した。表６．１を参照。

【０４７５】

実施例７

抗体特徴付け（ａｎｔｉｂｏｄｙ　ｃｈａｒａｃｔｅｒｉｚａｔｉｏｎ）アッセイ

Ａ．ＡＳＧＲ－１種交差反応、ＡＳＧＲ－２選択アッセイおよび肝がん（ＨＥＰＧ２）結合アッセイ

ヒトＡＳＧＲ－１特異的なリガンド競合抗体試料を、正規化した抗体濃度でのＦＡＣＳ結合アッセイにおいて他の種（カニクイザルＡＳＧＲ－１、マウスＡＳＧＲ－１、ラットＡＳＧＲ－１、イヌＡＳＧＲ－１およびブタＡＳＧＲ－１）由来のＡＳＧＲ－１およびヒトＡＳＧＲ－２との結合について試験した。細胞ベースのアッセイに関して、目的の適切な抗原を発現するＨＥＫ２９３細胞を抗体試料または対照と混合し、４℃にて１時間インキュベートし、次いで２回洗浄した。次いで結合した抗体を有する細胞を、４℃にて１５分間、Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）６４７　ＩｇＧ　Ｆｃ断片特異的検出抗体および７－ＡＡＤ生存染色剤とインキュベートし、１回洗浄し、ＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。試料は、ＢＤ　Ａｃｃｕｒｉ（商標）フローサイトメーターおよびＩｎｔｅｌｌｉｃ

ｙｔ　ＨｙｐｅｒＣｙｔオートサンプラーを使用して解析した。陰性対照として、上清および対照もまた、空親ベクターをトランスフェクトしたＨＥＫ　２９３細胞に対してスクリーニングした。解析は、無関係（非ＡＳＧＲ－１特異的）のＩｇＧ抗体上清試料シグナルを使用して行い；無関係のＩｇＧ抗体試料に対して少なくとも２倍のシグナルを示すハイブリドーマ上清試料を、ＡＳＧＲ－１種特異的結合プロファイルを示すとみなした。膜調製物結合アッセイに関して、ＡＳＧＲ－１種特異的膜調製物を使用してＬｕｍＡｖｉｄｉｎ（登録商標）ミクロスフェア（ビーズ）をコーティングし、選択したハイブリドーマ上清または対照との結合について試験した。簡潔に述べると、ＡＳＧＲ－１種特異的膜調製物を、室温にて暗所で４５分間、ストレプトアビジンをコーティングしたＬｕｍＡｖｉｄｉｎ（登録商標）ビーズと共にインキュベートし、２回洗浄した。ビーズを、ＳｔａｂｉｌＧｕａｒｄ（登録商標）を含有するＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。次いで抗原結合ビーズを、室温にて暗所で１時間、正規化した抗体試料と共にインキュベートし、２回洗浄し、室温にて暗所で１５分間、Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）４８８　ＩｇＧ　Ｆｃ断片特異的検出抗体と共にインキュベートし、１回洗浄し、最後にＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。試料を、Ｉｎｔｅｌｌｉｃｙｔ　ｉＱｕｅ（商標）Ｓｃｒｅｅｎｅｒ　Ｐｌａｔｆｏｒｍを使用して解析した。１ｍＭの塩化カルシウムを補足したＦＡＣＳ緩衝液を全てのステップにおいて使用した。陰性対照として、上清および対照もまた、ＬｕｍＡｖｉｄｉｎ（登録商標）ビーズ上にコーティングした非ＡＳＧＲ－１抗原膜調製物に対してスクリーニングした。解析を、無関係（非ＡＳＧＲ－１特異的）のＩｇＧ抗体上清試料シグナルを使用して行い；無関係のＩｇＧ抗体試料に対して少なくとも２倍のシグナルを示すハイブリドーマ上清試料を、特異的結合プロファイルを示すとみなした。表７．１を参照。

【０４７６】

ヒトＡＳＧＲ－１特異的、リガンド競合ハイブリドーマ上清試料を、正規化した抗体濃度にてヒト肝細胞癌細胞株ＨｅｐＧ２（ＡＴＣＣ　ＨＢ－８０６５）との結合についてスクリーニングした。ＦＡＣＳ結合アッセイに関して、ＨｅｐＧ２細胞を、正規化した抗体試料または対照と混合し、４℃にて１時間インキュベートし、２回洗浄した。次いで結合抗体を有する細胞を、４℃にて１５分間、Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）６４７　ＩｇＧ　Ｆｃ断片特異的検出抗体および７－ＡＡＤ生存染色剤と共にインキュベートし、１回洗浄し、ＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。試料を、ＢＤ　Ａｃｃｕｒｉ（商標）フローサイトメーターおよびＩｎｔｅｌｌｉｃｙｔ　ＨｙｐｅｒＣｙｔオートサンプラーを使用して解析した。ハイコンテントイメージング結合アッセイに関して、ＨｅｐＧ２細胞を、正規化した抗体試料または対照と混合し、室温にて１時間インキュベートし、２回洗浄した。次いで結合抗体を有する細胞を、室温にて３０分間、Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）４８８　ＩｇＧ　Ｆｃ断片特異的検出抗体およびＨｏｅｃｈｓｔ　３３３４２染色剤と共にインキュベートし、２回洗浄し、ＣｅｌｌＩｎｓｉｇｈｔ（商標）システムにおいて解析した。細胞の生存による耐用性がある場合、１ｍＭの塩化カルシウムを補足したＦＡＣＳ緩衝液を全てのステップにおいて使用した。解析を、無関係（非ＡＳＧＲ－１特異的）のＩｇＧ抗体上清試料シグナルを使用して行い；無関係のＩｇＧ抗体試料に対して２倍またはそれより大きいシグナルを示すハイブリドーマ上清試料を、ＨｅｐＧ２　ＡＳＧＲ－１特異的結合プロファイルを示すとみなした。表７．１を参照。

【０４７７】

【表２１】

表7.1. 選択されたヒトASGR-1結合抗体の結合特異性の要約。

	結合データの要約							
mAb	ヒト ASGR-1	カニクイザル ASGR-1	マウス ASGR-1	ラット ASGR-1	イヌ ASGR-1	ブタ ASGR-1	HEPG2 細胞	ヒト ASGR-2
25A4	Y	Y	N	Y	N	Y	Y	N
26C4	Y	Y	N	Y	N	Y	Y	N
29H8	Y	Y	N	Y	N	Y	Y	N
4A2	Y	Y	N	Y	N	Y	Y	N
4H6	Y	Y	Y	Y	N	Y	Y	N
56E5	Y	Y	N	N	N	Y	Y	N
7F4	Y	Y	N	データなし	Y	Y	Y	Y
7G4	Y	Y	N	N	N	Y	Y	N
48B12	Y	Y	N	N	N	Y	Y	N
184E7	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	N
194A4	Y	Y	N	Y	Y	Y	Y	N
4B1	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	N
72G9	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	N
190F8	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
191G1	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
191G10	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
194C1	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
197G3	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
198G3	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
75G3	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
218G4	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
193E7	Y	Y	N	N	Y	N	Y	N
198D2	Y	Y	N	Y	N	Y	Y	N
202A3	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
7E11	Y	Y	N	N	N	Y	Y	N
22G5	Y	Y	N	N	N	N	Y	N
5E5	Y	Y	N	Y	N	N	Y	N
54E9	Y	Y	N	N	Y	N	Y	N
6G7	Y	Y	N	Y	N	N	Y	Y
176H4	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
194C10	Y	Y	N	N	Y	Y	Y	N
12D2	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	N

【０４７８】

Ｂ．ＡＳＧＲ特異的ｍＡｂに対する相対的結合親和性

抗体および抗原相互作用強度（相対的結合親和性）を評価するために、ＡＳＧＲ－１特異的、リガンド競合抗体ハイブリドーマ上清を、制限的な抗原結合アッセイにおいて試験した。組換え、可溶性ＡＳＧＲ－１ビオチン化タンパク質の滴定量を、室温にて暗所で４５分間、ストレプトアビジンでコーティングしたＬｕｍＡｖｉｄｉｎ　Ｂｅａｄｓ（登録商標）と共にインキュベートし、２回洗浄した。ビーズを、ＳｔａｂｉｌＧｕａｒｄ（登録商標）および０．０５％のアジ化ナトリウムを含有するＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。次いで抗原結合ビーズを、室温にて暗所で１８時間、正規化したハイブリドーマ上清試料または対照と共にインキュベートし、２回洗浄し、室温にて暗所で１５分間、Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）４８８　ＩｇＧ断片特異的検出抗体と共にインキュベートし、１回洗浄し、最後にＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。試料を、Ｉｎｔｅｌｌｉｃｙｔ　ｉＱｕｅ（商標）Ｓｃｒｅｅｎｅｒ　Ｐｌａｔｆｏｒｍを使用して解析した。１ｍＭの塩化カルシウムを補足したＦＡＣＳ緩衝液を全てのステップにおいて使用した。解析は、無関係（非ＡＳＧＲ－１特異的）のＩｇＧ抗体上清試料シグナルを使用して行い；無関係のＩｇＧ抗体試料に対して少なくとも２倍またはそれより多いシグナルを示すハイブリドーマ

上清試料を、ＡＳＧＲ－１特異的結合プロファイルを示すとみなした。このアッセイ法において、抗体結合シグナルは抗体親和性と相関する。機器シグナル検出の線形範囲内に入る代表的な抗原コーティング濃度についての抗体結合データを表７．２に示す。標的（ＡＳＧＲ－１）との抗体結合の程度は測定した蛍光強度と相関し、それによりパネルにわたる親和性の相対比較が可能となる。

【０４７９】

【表２２】

表7.2 選択されたmAbの相対的親和性を評価するための制限された抗原結合アッセイ

mAb	可溶性 ASGR-1 2.5ng/mL (FACS Geomean)	mAb	可溶性 ASGR-1 2.5ng/mL (FACS Geomean)	mAb	可溶性 ASGR-1 2.5ng/mL (FACS Geomean)	mAb	可溶性 ASGR-1 2.5ng/mL (FACS Geomean)
25A4	17952	48B12	26989	194C1	16937	7E11	4662
26C4	12007	184E7	40198	197G3	17708	22G5	1078
29H8	12179	194A4	38934	198G3	25969	5E5	3278
4A2	16604	4B1	10060	75G3	35840	54E9	6487
4H6	2990	72G9	34014	218G4	15105	6G7	2290
56E5	22648	190F8	13899	193E7	18315	176H4	29444
7F4	4910	191G1	9546	198D2	1872	194C10	21854
7G4	6795	191G10	24154	202A3	2152	12D2	105

【０４８０】

Ｃ．ｐＨおよびカルシウム感受性

この実施例は、標的に結合するこれらの能力に対するｐＨおよび／またはカルシウムの効果に基づいてＡＳＧＲ－１抗体を特徴付ける。この実施例に関して、無標識の動的な抗体－ＡＳＧＲ－１結合アッセイを利用して、ｐＨおよびカルシウムの変化に対する抗体の感受性を評価した。簡潔に述べると、ＡＳＧＲ－１特異的、リガンド競合抗体を最初に固定し、次いで生理的条件下（すなわちｐＨ７．４、１ｍＭのＣａＣｌ２）で組換え、可溶性ｈｕＡＳＧＲ－１に結合させた。結合の量を決定し、１００％に設定した。抗体－ＡＳＧＲ－１相互作用がｐＨまたはＣａの変化に対して感受性であるか否かを決定するために、次いでアッセイ緩衝液を、カルシウム欠失、低減させたｐＨ（ｐＨ５．６）またはカルシウム欠失および低減させたｐＨ（ｐＨ５．６）の両方の条件に変化させ、ｍＡｂからのＡＳＧＲ－１の解離をモニタリングした。各条件下で結合したままのＡＳＧＲ－１の量を評価し、開始シグナルのパーセントとして表した。ＡＳＧＲ－１結合シグナルの１０％超の差を（生理的条件下で測定したものと比較して）算出した場合、特定の抗体を、この条件に対して感受性があると分類した。この方法を使用して、選択した抗体を５つのカテゴリーに分類した：

１．カルシウムの除去によって影響を受ける

２．カルシウムの除去またはｐＨの低下によって影響を受けない

３．カルシウムが除去され、ｐＨが低下する両方の場合、影響を受ける

４．カルシウム除去、ｐＨ低下および両方の組合せによって影響を受ける

５．ｐＨの低下によって影響を受ける

【０４８１】

抗体からのＡＳＧＲ－１の相対的解離を、ＯｃｔｅｔＨＴＸ機器（ＦｏｒｔｅＢｉｏ）において無標識アッセイを使用して測定した。抗体試料を、３分間、アッセイ緩衝液（１０ｍＭ Ｔｒｉｓ、０．１％ Ｔｒｉｔｏｎ、１５０ｍＭ ＮａＣｌ、１ｍｇ／ｍＬ ＢＳＡ、１ｍＭ ＣａＣｌ２、ｐＨ７．４）中で５ｕｇ／ｍＬにて抗ＨＦｃ動的バイオセンサー（ＦｏｒｔｅＢｉｏカタログ番号１８－５０６４）において捕捉した。１分のベース

ライン安定化ステップをアッセイ緩衝液中で実施した。アッセイ緩衝液中の６ｕｇ／ｍｌの可溶性ＡＳＧＲ－１（Ａｍｇｅｎ）を加え、抗体との会合を２分間モニタリングした。その後の抗体からのＡＳＧＲ－１の解離を、以下の条件の各々の下で１０分間、ＡＳＧＲ－１－ｍＡｂ複合体をインキュベートすることによって実施した：

【０４８２】

【表２３】

pH7.4+カルシウム	10mM Tris, 0.1%Triton, 150mM NaCl, 1mg/mL BSA, pH7.4, 1mM CaCl2
pH7.4-カルシウム	10mM Tris, 0.1%Triton, 150mM NaCl, 1mg/mL BSA, pH7.4
pH5.6+カルシウム	10mM Tris, 0.1%Triton, 150mM NaCl, 1mg/mL BSA, pH5.6, 1mM CaCl2
pH5.6-カルシウム	10mM Tris, 0.1%Triton, 150mM NaCl, 1mg/mL BSA, pH5.6

【０４８３】

各解離実験について２分の会合段階の終わりに結合シグナルを１００％に設定し、ＡＳＧＲ－１結合の最大レベルを表すために使用した。解離の１分後、結合したままのＡＳＧＲ－１のパーセンテージを算出した。所与の時点で残っているパーセントの低下は、試験条件に応答して上昇したレベルの解離を示す（すなわち異なるｐＨおよび／またはカルシウム濃度）。対照条件（すなわちｐＨ７．４＋カルシウム）に残っているパーセントと比較した各試験条件に応答して結合したままのＡＳＧＲ－１のパーセンテージの変化を決定した。特定の条件に対して感受性があると分類される抗体についてのカットオフを１０％超に設定した（すなわちＡＳＧＲ－１の１０％超が対照条件と比較して特定の試験条件下で抗体から解離する場合、これはこの条件に感受性があるとみなした）。解析は、１分の解離時点（４分の解離時点に基づいてビニングしたｍＡｂ　１４９Ａ１を除いて）を使用して行った。この解析を使用して、ＡＳＧＲ－１結合、受容体－リガンド遮断抗体を、ｐＨおよびカルシウムに応答するこれらの解離プロファイルに従って群に分離した（表７．３）。各カテゴリーに属する抗体を観察した。

【０４８４】

【表２４】

表7.3. ASGR-1-mAb相互作用のpHおよびカルシウム感受性

pHおよびカルシウム感受性の決定 (pH7.4+カルシウムと比較した変化%)							
mAb	pH7.4- カルシウム	pH5.6+ カルシウム	pH5.6- カルシウム	カルシウム感受性	pH感受性	pHおよびカルシウム感受性	pHビン
10G6	7%	4%	15%	N	N	Y	3
148E10	7%	19%	33%	N	Y	Y	5
154F4	10%	41%	67%	N	Y	Y	5
159H8	6%	10%	26%	N	Y	Y	5
160B12	6%	8%	22%	N	N	Y	3
175D10	4%	-3%	2%	N	N	N	2
177D2	3%	2%	10%	N	N	Y	3
25A4	2%	-3%	-1%	N	N	N	2
26C4	3%	2%	2%	N	N	N	2
27E7	20%	35%	46%	Y	Y	Y	4
29E2	5%	25%	38%	N	Y	Y	5
29H8	2%	-2%	2%	N	N	N	2
31D12	10%	27%	34%	Y	Y	Y	4
32D6	26%	33%	55%	Y	Y	Y	4
45B4	4%	10%	23%	N	Y	Y	5
49F10	4%	-2%	8%	N	N	N	2
4A2	1%	-3%	1%	N	N	N	2
4B3	12%	33%	45%	Y	Y	Y	4
4H6	5%	-1%	2%	N	N	N	2
50D4	6%	0%	9%	N	N	N	2
50G9	37%	62%	44%	Y	Y	Y	4
51E9	3%	-5%	2%	N	N	N	2
52G11	15%	1%	13%	Y	N	Y	1
52H1	5%	-1%	10%	N	N	N	2
53F2	15%	1%	13%	Y	N	Y	1
53F7	9%	3%	13%	N	N	Y	3
55B1	5%	-2%	4%	N	N	N	2
56E5	1%	-6%	-1%	N	N	N	2
57A7	13%	13%	29%	Y	Y	Y	4
58G11	38%	12%	51%	Y	Y	Y	4
59F2	48%	52%	74%	Y	Y	Y	4
5E5	7%	18%	42%	N	Y	Y	5
60D2	20%	42%	49%	Y	Y	Y	4

60E8	3%	11%	18%	N	Y	Y	5
63A10	8%	3%	47%	N	N	Y	3
63G7	20%	15%	59%	Y	Y	Y	4
64B12	6%	6%	7%	N	N	N	2
65F10	25%	18%	37%	Y	Y	Y	4
68G6	22%	39%	47%	Y	Y	Y	4
6D9	14%	25%	42%	Y	Y	Y	4
6G6	1%	-3%	0%	N	N	N	2
70D1	17%	12%	29%	Y	Y	Y	4
7E11	9%	5%	14%	N	N	Y	3
7F4	4%	6%	9%	N	N	N	2
7G4	2%	1%	7%	N	N	N	2
9G9	25%	38%	55%	Y	Y	Y	4
65E9	22%	30%	35%	Y	Y	Y	4
72B4	32%	26%	43%	Y	Y	Y	4
147D10	13%	4%	11%	Y	N	Y	1
149D11	11%	3%	11%	Y	N	Y	1
149F8	1%	-8%	-1%	N	N	N	2
22G5	40%	35%	データなし	Y	Y	データなし	4*
48B12	4%	-6%	0%	N	N	N	2
52H2	26%	11%	32%	Y	Y	Y	4
6G7	8%	4%	16%	N	N	Y	3
64G12	24%	10%	24%	Y	N	Y	1
72F5	64%	20%	30%	Y	Y	Y	4
147E9	5%	-4%	20%	N	N	Y	3
184E7	1%	-9%	-3%	N	N	N	2
194A4	-1%	-7%	-3%	N	N	N	2
208A2	-4%	-10%	-5%	N	N	N	2
210G10	-3%	-10%	-5%	N	N	N	2
4B1	6%	-5%	-2%	N	N	N	2
62H10	13%	-2%	14%	Y	N	Y	1
72G9	1%	-7%	-1%	N	N	N	2
148H10	45%	10%	47%	Y	N	Y	1
173C11	17%	0%	29%	Y	N	Y	1
179C2	25%	0%	45%	Y	N	Y	1
47C1	13%	-1%	10%	Y	N	Y	1
49C1	72%	23%	64%	Y	Y	Y	4
60C12	14%	-3%	12%	Y	N	Y	1
60G2	36%	7%	31%	Y	N	Y	1
65D5	34%	7%	61%	Y	N	Y	1
66H11	81%	36%	52%	Y	Y	Y	4
73G1	100%	33%	62%	Y	Y	Y	4
51E3	65%	16%	42%	Y	Y	Y	4

53E8	68%	20%	64%	Y	Y	Y	4
54E9	79%	24%	75%	Y	Y	Y	4
56F3	75%	21%	16%	Y	Y	Y	4
190C11	-1%	-6%	-6%	N	N	N	2
190E6	-1%	-12%	-6%	N	N	N	2
190F12	-1%	-6%	-6%	N	N	N	2
190F8	-1%	-5%	-5%	N	N	N	2
190G11	-2%	-8%	-5%	N	N	N	2
190H9	-1%	-6%	-7%	N	N	N	2
191A10	0%	-5%	-5%	N	N	N	2
191G1	-10%	-15%	-11%	N	N	N	2
191G10	0%	-5%	-5%	N	N	N	2
191G12	-2%	-5%	-6%	N	N	N	2
192C10	-1%	-6%	-6%	N	N	N	2
192C8	-9%	-14%	-14%	N	N	N	2
192E4	-2%	-9%	-8%	N	N	N	2
192G6	-1%	-6%	-6%	N	N	N	2
192G8	-1%	-5%	-6%	N	N	N	2
192H10	0%	-5%	-4%	N	N	N	2
193C7	-1%	-8%	-8%	N	N	N	2
194B7	1%	-4%	-4%	N	N	N	2
194C1	-7%	-12%	-8%	N	N	N	2
196C7	-8%	-12%	-12%	N	N	N	2
197B6	-1%	-8%	-7%	N	N	N	2
197E11	-1%	-5%	-4%	N	N	N	2
197F2	0%	-6%	-6%	N	N	N	2
197G3	2%	-3%	-3%	N	N	N	2
198G3	-1%	-4%	-4%	N	N	N	2
213B3	-1%	-7%	-3%	N	N	N	2
219H1	2%	-3%	1%	N	N	N	2
74C8	1%	-7%	-3%	N	N	N	2
74G6	1%	-9%	-4%	N	N	N	2
75G3	-1%	-1%	2%	N	N	N	2
74B2	8%	-9%	-5%	N	N	N	2
74H7	1%	-2%	1%	N	N	N	2
85F7	2%	-2%	2%	N	N	N	2
198B9	3%	2%	11%	N	N	Y	3
199A7	1%	1%	10%	N	N	Y	3
218G4	1%	-4%	0%	N	N	N	2
146A8	2%	-9%	25%	N	N	Y	3
146B6	2%	-5%	13%	N	N	Y	3
149A1	2%	-7%	9%	N	N	Y	3*
172B12	-14%	-27%	-13%	N	N	N	2
172C3	-9%	-26%	0%	N	N	N	2

193E7	-9%	-9%	-4%	N	N	N	2
199E3	-5%	-4%	-4%	N	N	N	2
226F9	100%	51%	77%	Y	Y	Y	4
227C1	100%	54%	73%	Y	Y	Y	4
227F2	80%	50%	100%	Y	Y	Y	4
65C12	13%	0%	23%	Y	N	Y	1
176H4	2%	-4%	26%	N	N	Y	3
194C10	2%	10%	16%	N	Y	Y	5
191E10	-1%	-9%	-9%	N	N	N	2
196F4	-8%	-5%	-6%	N	N	N	2
198D2	-8%	-30%	-28%	N	N	N	2
202A3	-21%	-22%	-23%	N	N	N	2
204G6	-5%	-11%	-10%	N	N	N	2
224G1	77%	41%	65%	Y	Y	Y	4
52D10	21%	3%	45%	Y	N	Y	1
64E2	48%	29%	49%	Y	Y	Y	4

*実際のデータなし;ビンは抗体に関する情報の完全性に対して予測した。

【０４８５】

Ｄ．相対的エピトープビニング／プロファイリング

エピトープを特徴付ける一般的な手段は競合実験による。互いに競合する抗体は標的上の同じまたは重複する部位との結合と考えられ得る。この実施例は、ｈＡＳＧＲ－１との結合に対する競合を決定する方法および本明細書に記載されている複数の抗体に適用した場合のこの方法の結果を記載する。

【０４８６】

ビニング実験は複数の手段において行うことができ、利用される方法はアッセイ結果に影響を及ぼし得る。これらの方法に共通しているものは、ＡＳＧＲ－１が典型的に１つの参照抗体により結合され、別のものによりプローブされることである。参照抗体がプローブ抗体の結合を阻止する場合、抗体は同じビンにあると言われる。抗体が利用される順序は重要である。抗体Ａが参照抗体として利用され、抗体Ｂの結合を遮断する場合、反対のことが当てはまるとは限らない：抗体Ｂが参照抗体として使用される場合、必ずしも抗体Ａを遮断するとは限らない。ここで作用する複数の要因が存在する：抗体の結合が、二次抗体の結合を阻止する標的における立体構造変化を引き起こす場合があり、または、重複するが互いに完全に塞ぎ合うことはないエピトープが、依然として標的との十分な高親和性相互作用を有する二次抗体を結合することを可能にし得る。一般に、競合が、抗体が一緒にビニングすると言われる任意の順序で観察される場合、および両方の抗体が互いに遮断できる場合、エピトープはより完全に重複するようである。

【０４８７】

この実施例に関して、修飾された抗体－抗体競合アッセイを使用して、ハイスループット様式においてＡＳＧＲ－１特異的、リガンド遮断抗体の相対的エピトープビニングプロファイルを決定した。簡潔に述べると、個々の抗体を、これらの異なる結合特性（例えば、種交差反応、ＨＥＰＧ２結合など）および一次配列に基づいて選択した参照抗体のパネルとの結合を競合するこれらの能力について試験した。次いで参照抗体パネルとの各試験抗体の競合／結合のパターンを決定し、他の試験抗体から産生したものと比較した。次いで個々の試験抗体競合／結合プロファイル間の相関度を比較した。類似の競合／結合プロファイルを示した抗体は一緒にビニングした（グループ分けした）（例えばビニングプロファイルＡ、Ｂなど）。

【０４８８】

ビオチン化組換え可溶性ヒトＡＳＧＲ－１タンパク質を、ストレプトアビジンでコーティングした、一意的にバーコード化したＬｕｍＡｖｉｄｉｎ　Ｂｅａｄｓ（登録商標）（ＬｕｍＡｖｉｄｉｎ　Ｍｉｃｒｏｓｐｈｅｒｅｓ、カタログ番号：Ｌ１０１－ＬＸＸＸ－０１；Ｌｕｍｉｎｅｘ　Ｃｏｒｐ．、Ａｕｓｔｉｎ、Ｔｅｘａｓ、Ｕ．Ｓ．Ａ．）と共に

室温にて暗所で４５分間カップリングし、２回洗浄した。参照抗体ハイブリドーマ上清試料を、抗原でコーティングしたビーズと共に室温にて暗所で１時間インキュベートし、３回洗浄した。ビーズを、ＳｔａｂｉｌＧｕａｒｄ（登録商標）を含有するＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。抗原でコーティングした、参照抗体結合ビーズをプールし、次いで正規化した（２．５ｕｇ／ｍｌ）試験抗体（ハイブリドーマ上清）試料（または陰性対照）を含有する個々の試料ウェルに分け、室温にて暗所で１時間インキュベートし、２回洗浄した。次いで試料を、室温にて暗所で１５分間、Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）４８８ＩｇＧ断片特異的検出抗体と共にインキュベートし、１回洗浄し、ＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。１ｍＭの塩化カルシウムを補足したＦＡＣＳ緩衝液を全てのステップにおいて使用した。試料は、Ｉｎｔｅｌｌｉｃｙｔ　ｉＱｕｅ（商標）Ｓｃｒｅｅｎｅｒ　Ｐｌａｔｆｏｒｍを使用して解析した。

【０４８９】

個々の試験抗体の抗体競合／結合プロファイルを決定するために、参照のみの抗体結合シグナルを、各競合／結合反応について（すなわち全参照抗体セットにわたって）参照＋試験抗体シグナルから差し引いた。個々の抗体結合プロファイルを、各競合／結合反応についての正味の結合値の収集と定義した。次いで個々のプロファイル間の類似度を、試験抗体プロファイルの各々の間の決定係数を算出することによって評価した。次いで互いに対して高い類似度（$R^2 \geqq 0.8$）を示す試験抗体を共通のビニングプロファイルにグループ分けした。別のビニングプロファイルは、高い相関度を有する２つ以上の試料が存在した場合にのみ定義した。個々の特有の抗体ビニングプロファイルが観察された（すなわちこれらが他の試験抗体ビニングプロファイルに対して低い類似度を示した）場合、ビンを未知と分類した。この方法を使用して、ＡＳＧＲ－１結合、受容体－リガンド遮断抗体を１４の特有のビニングプロファイル（Ａ、Ｂ、Ｃ、Ｄ、Ｅ、Ｌ、Ｍ、Ｎ、Ｏ、Ｐ、Ｑ、Ｒ、Ｔおよび未知）に細分した（表７．４）。特有の（上記に定義した）ビニングプロファイルを示したが別のプロファイルと比較的高い類似度（$R^2 = 0.6 - 0.8$）を共有した抗体は、このプロファイルのサブビンすなわちＡ．１、Ａ．２など）と分類した。

【０４９０】

【表２５】

表7.4 ASGR-1特異的受容体-リガンド遮断mAbの相対的エピトープビニング/プロファイリング

mAb	エピトープビン	mAb	エピトープビン	mAb	エピトープビン	mAb	エピトープビン
10G6	A	52H1	A	9C11	A.3	60G2	E
11E2	A	53F2	A	12B12	B	65D5	E
11F5	A	53F7	A	147D10	B	66H11	E
12E9	A	55B1	A	149D11	B	71A6	E
12F11	A	56E5	A	149F8	B	73G1	E
12F12	A	57A7	A	151B9	B	49C5	E.1
13F6	A	58G11	A	175F4	B	49D10	E.1
148E10	A	59F2	A	22G5	B	51E3	E.1
154F4	A	5E5	A	48B12	B	51F4	E.1
159H8	A	60D2	A	52H2	B	53E8	E.1
160B12	A	60E8	A	6G7	B	54E9	E.1
175D10	A	63A10	A	7G2	B	56E3	E.1
177D2	A	63G7	A	64G12	B.1	56G1	E.1
25A4	A	64B12	A	72F5	B.1	190C11	L
25D12	A	65F10	A	147E9	C	190E6	L
26C4	A	68G6	A	184E7	C	190F12	L
27E7	A	6A6	A	194A4	C	190F8	L
28H2	A	6D4	A	208A2	C	190G11	L
29E2	A	6D9	A	210G10	C	190H9	L
29E6	A	6G6	A	4B1	C	191A10	L
29H8	A	70D1	A	60E12	C	191G1	L
31D12	A	7A10	A	61A1	C	191G10	L
32D6	A	7C3	A	62H10	C	191G12	L
3G7	A	7E11	A	63H8	C	192C10	L
45B4	A	7F4	A	72G9	C	192C8	L
49F10	A	7F8	A	8D8	D.1	192E4	L
4A2	A	7G4	A	12D2	E	192G6	L
4B3	A	8D12	A	148H10	E	192G8	L
4H6	A	9F12	A	173C11	E	192H10	L
50D4	A	9G9	A	179C2	E	193C7	L
50G9	A	65E9	A.1	47C1	E	194B7	L
51E9	A	72B4	A.1	49C1	E	194C1	L
52G11	A	7H7	A.2	60C12	E	196C7	L
197B6	L	197F2	L	198G3	L	219H1	L
197E11	L	197G3	L	213B3	L	74C8	L
74G6	L	74H7	M.1	218G4	O	172B12	Q

75G3	M	85F7	M.1	146A8	P	172C3	Q
89A11	M	198B9	N	146B6	P	193E7	Q
74B2	M.1	199A7	N	149A1	P	199E3	Q
226F9	Q	227F2	Q	176H4	R		
227C1	Q	65C12	Q	194C10	T		

【０４９１】

Ｅ．エピトープマッピング－アルギニン／グルタミン酸突然変異プロファイリング

この実施例は、標的に結合するこれらの能力に対するＡＳＧＲ－１の突然変異誘発の効果に基づいてＡＳＧＲ－１抗体を特徴付ける。以前のデータにより、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤが抗体のパネルに対する抗体結合に主に関与していることが示された。このように、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤのみが突然変異部位の設計における全長ＡＳＧＲ－１の前後関係において構造的に考慮された。

【０４９２】

アルギニン／グルタミン酸突然変異マッピングを使用して、ヒトＡＳＧＲ－１特異的、リガンド遮断抗体が結合したエピトープを特徴付けた。簡潔に述べると、１４４の個々の点突然変異は、１４８位にて開始するヒトＡＳＧＲ－１タンパク質（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のＣＢＤドメインにわたってなされた。表面残基（ＰｙＭＯＬ　Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｇｒａｐｈｉｃｓ　Ｓｙｓｔｅｍ（Ｖｅｒｓｉｏｎ　１．８；Ｓｃｈｒｏｄｉｎｇｅｒ、ＬＬＣ．）におけるＡＳＧＲ－１結晶構造を使用してモデル化した）を表し、したがって潜在的に抗体結合に利用可能である９１個の構築物をこれらのアッセイのために選択した。突然変異ｈＡＳＧＲ－１バリアントを、非アルギニン残基がアルギニンに変化し、そこで野性型アルギニン残基がグルタミン酸に突然変異するように構築した。次いで各々の突然変異ｈＡＳＧＲ－１配列を哺乳動物発現ベクター内にクローニングし、ＣＨＯ細胞を一時的にトランスフェクトするために使用した。突然変異ｈＡＳＧＲ－１タンパク質に結合するヒトＡＳＧＲ－１特異的、リガンド競合抗体の能力を、上記のようにＦＡＣＳによって評価した。

【０４９３】

抗体を、正規化した抗体濃度（５ｕｇ／ｍｌ）を使用して個々の突然変異体および野生型ＡＳＧＲ－１構築物との結合について試験した。目的の適切な突然変異または非突然変異抗原を一時的に発現するＣＨＯ－Ｓ細胞を抗体試料または対照と混合し、４℃にて１時間インキュベートし、次いで２回洗浄した。次いで、結合した抗体を有する細胞を、４℃にて１５分間、Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ（登録商標）６４７　ＩｇＧ　Ｆｃ断片特異的検出抗体および７－ＡＡＤ生存染色剤と共にインキュベートし、１回洗浄し、ＦＡＣＳ緩衝液中に再懸濁した。試料を、ＢＤ　Ａｃｃｕｒｉ（商標）フローサイトメーターおよびＩｎｔｅｌｌｉｃｙｔ　ＨｙｐｅｒＣｙｔオートサンプラーを使用して解析した。陰性対照として、上清および対照もまた、空親ベクター（偽と称される）をトランスフェクトしたＣＨＯ－Ｓ細胞に対してスクリーニングした。不十分に発現したかまたは産生したミスフォールド抗原である突然変異体を排除するために、野性型ｈＡＳＧＲ－１において観察された平均結合と比較して少なくとも２５％またはそれ以上の結合データ平均を生じた構築物のみをさらなる解析のために使用した。突然変異体ｈＡＳＧＲ－１発現レベルが互いに対して変化したので、突然変異（例えば６５Ｃ１２）による影響を受けない抗体からの結合データを所与の突然変異体構築物における各試験抗体の結合値で割ることによって、各構築物についての試料結合データを、発現について正規化した。また、抗体結合親和性が試料の間で変化したので、各突然変異体構築物における試験抗体結合を野性型ｈＡＳＧＲ－１と比較することによって、発現補正データ（上記）をさらに正規化した。試験抗体結合に影響を及ぼす特定の突然変異体の同定を、四分位範囲（ＩＱＲ）解析によって実施して、統計的異常値を決定した。算出した値が所与の突然変異体構築物について３倍以上のＩＱＲ（第三四分位数／上位フェンスを超える）であった場合、突然変異を「ヒット」と同定した。ＩＱＲ解析をここで使用して、有意性（ｓｉｇｎｉｆａｎｃｅ）を決定し、ヒットを同定したが、当業者は、（例えば、エピトープタグ化構築物または非ＣＢＤエピトープに対する他のＡＳＧＲ－１結合抗体を使用して）データを正規化するために多くの方法を利用することができることを理解するであろう。これらの方法によって決定した突然変異体構築物に対する抗体結合シグナルの（野性型ＡＳＧＲ－１との結合について決定したものと比較して）統計的に有意ななんらかの低減を、ヒット同定のために使用することができた。

【０４９４】

例示目的のために、表７．５は、単一の突然変異構築物（すなわちＨ２０３）によるＩ

ＱＲ解析を示す。

【０４９５】

【表２６】

表7.5. IQR解析(構築物H203についての代表的なデータ)

	FACS結合Geomean		mAb 65C12に対する発現正規化		wt ASGR1結合に対する抗体結合正規化		>Q3+3xIQRゲーティング	
mAb	wt ASGR1	H203	wt ASGR1	H203	wt ASGR1	H203	wt ASGR1	H203
4A2	41104	18946	1.3644	1.3597	1.0000	0.9966	1.0000	0.9966
7E11	45453	14714	1.2338	1.7509	1.0000	1.4191	1.0000	1.4191
56E5	42617	20345	1.3159	1.2662	1.0000	0.9622	1.0000	0.9622
7G4	48526	18542	1.1557	1.3893	1.0000	1.2022	1.0000	1.2022
53F7	43474	18081	1.2900	1.4248	1.0000	1.1045	1.0000	1.1045
10G6	43059	18213	1.3024	1.4145	1.0000	1.0860	1.0000	1.0860
26C4	45991	13484	1.2194	1.9105	1.0000	1.5668	1.0000	1.5668
6G6	47628	20505	1.1775	1.2564	1.0000	1.0670	1.0000	1.0670
29H8	40927	13217	1.3702	1.9491	1.0000	1.4225	1.0000	1.4225
25A4	55579	20036	1.0090	1.2858	1.0000	1.2743	1.0000	1.2743
32D6	36128	13465	1.5522	1.9132	1.0000	1.2325	1.0000	1.2325
198D2	16882	7138	3.3219	3.6090	1.0000	1.0864	1.0000	1.0864
4B3	35561	1696	1.5770	15.1900	1.0000	9.6323	1.0000	9.6323
50G9	37326	1506	1.5024	17.1095	1.0000	11.3879	1.0000	11.3879
60D2	29631	1368	1.8926	18.8256	1.0000	9.9467	1.0000	9.9467
59F2	27915	1346	2.0089	19.1372	1.0000	9.5260	1.0000	9.5260
60E8	38653	1518	1.4509	16.9692	1.0000	11.6960	1.0000	11.6960
65E9	29613	1471	1.8938	17.5097	1.0000	9.2460	1.0000	9.2460
5E5	40651	12616	1.3796	2.0420	1.0000	1.4802	1.0000	1.4802
29E2	25781	15058	2.1752	1.7108	1.0000	0.7865	1.0000	0.7865
45B4	30350	14012	1.8478	1.8385	1.0000	0.9950	1.0000	0.9950
6G7	38643	15089	1.4512	1.7073	1.0000	1.1764	1.0000	1.1764
72F5	27993	10499	2.0034	2.4537	1.0000	1.2248	1.0000	1.2248
22G5	45048	15060	1.2449	1.7105	1.0000	1.3740	1.0000	1.3740
48B12	52493	20467	1.0683	1.2587	1.0000	1.1782	1.0000	1.1782
151B9	23527	9738	2.3837	2.6454	1.0000	1.1098	1.0000	1.1098
52H2	47957	18609	1.1694	1.3843	1.0000	1.1838	1.0000	1.1838
149D11	23601	8866	2.3761	2.9055	1.0000	1.2228	1.0000	1.2228
175F4	33619	14804	1.6681	1.7401	1.0000	1.0432	1.0000	1.0432
147E9	40166	21513	1.3962	1.1975	1.0000	0.8577	1.0000	0.8577
61A1	39965	20142	1.4032	1.2790	1.0000	0.9115	1.0000	0.9115
184E7	42704	18354	1.3132	1.4036	1.0000	1.0688	1.0000	1.0688
72G9	36507	18778	1.5361	1.3719	1.0000	0.8931	1.0000	0.8931
194A4	16291	12149	3.4424	2.1204	1.0000	0.6160	1.0000	0.6160
60C12	31286	19812	1.7925	1.3003	1.0000	0.7254	1.0000	0.7254

173C11	28526	13861	1.9659	1.8586	1.0000	0.9454	1.0000	0.9454
56E3	33876	20425	1.6555	1.2613	1.0000	0.7619	1.0000	0.7619
54E9	38589	15344	1.4533	1.6789	1.0000	1.1552	1.0000	1.1552
65D5	41007	20291	1.3676	1.2696	1.0000	0.9283	1.0000	0.9283
190F8	36503	15073	1.5363	1.7091	1.0000	1.1125	1.0000	1.1125
198G3	21467	13143	2.6124	1.9600	1.0000	0.7503	1.0000	0.7503
191G10	33829	17045	1.6578	1.5114	1.0000	0.9117	1.0000	0.9117
202A3	24848	12497	2.2570	2.0614	1.0000	0.9134	1.0000	0.9134
194C1	20860	11044	2.6884	2.3325	1.0000	0.8676	1.0000	0.8676
176H4	33506	10237	1.6737	2.5166	1.0000	1.5036	1.0000	1.5036
197G3	13308	3503	4.2141	7.3547	1.0000	1.7453	1.0000	1.7453
191G1	25298	10876	2.2168	2.3687	1.0000	1.0685	1.0000	1.0685
213B3	15070	12846	3.7212	2.0054	1.0000	0.5389	1.0000	0.5389
218G4	12212	7933	4.5923	3.2472	1.0000	0.7071	1.0000	0.7071
75G3	37223	14472	1.5066	1.7801	1.0000	1.1815	1.0000	1.1815
194C10	28138	13217	1.9930	1.9491	1.0000	0.9780	1.0000	0.9780
85F7	32968	16509	1.7010	1.5605	1.0000	0.9174	1.0000	0.9174
199A7	17005	9455	3.2978	2.7247	1.0000	0.8262	1.0000	0.8262
146B6	24138	14412	2.3233	1.7875	1.0000	0.7694	1.0000	0.7694
193E7	35508	13783	1.5794	1.8691	1.0000	1.1835	1.0000	1.1835
65C12	56080	25761	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000

【０４９６】

抗体４Ｂ３、５０Ｇ９、６０Ｄ２、５９Ｆ２、６０Ｅ８および６５Ｅ９についての灰色にした値は、結合が突然変異Ｈ２０３による影響を受けた統計的に有意なヒット（すなわち、３×ＩＱＲ以上）を表す。

【０４９７】

代表的な抗体の結合に重要なｈＡＳＧＲ－１残基の概要を表７．６に示す。さらに、この解析により、いくつかのＡＳＧＲ－１残基の突然変異が、所与の抗体結合に対して、他のものより劇的に影響を与えることが、明らかになった。これは、これらの残基が特定の試験抗体との相互作用を媒介する際に有する相対的な寄与または重要性を反映している可能性がある。各突然変異が結合する試験抗体の能力に影響を与える程度を、各ＩＱＲ解析によって決定した上部ゲートを超える個々の結合データ点の大きさを算出することによって決定した。次いで所与の試験抗体の結合に対する各突然変異の相対的影響を、この方法を使用してランク付けし、表７．６においてヒートマップとして表示した。濃い灰色の着色は、データ点が上部ゲートから劇的に逸脱している（すなわち抗体結合に大きな影響を与える）ことを示すのに対して、薄い灰色／白色は、データ点がカットオフと非常に近接していることを示す（すなわち３×ＩＱＲ）（表７．６）。相対的エピトーププロファイリングビン割り当てと整列させた場合（上記の実施例７Ｄ）、この解析により、突然変異した場合、試験抗体結合を破壊するコアＡＳＧＲ－１アミノ酸位置のセットが明らかになる。このように、これらの位置は、選択された抗体が結合したＡＳＧＲ－１エピトープの一部となる可能性がある。これらのアミノ酸残基は、抗体と直接接触するもしくは抗体との相互作用に関与するかまたは突然変異した場合、抗体結合を妨げるのに十分に近接する。統計的に有意なヒットと同定したが、カットオフをほとんど生じず、主なエピトープビンと異なる表面ＡＳＧＲ－１位置にマッピングするアミノ酸位置（図４７）は、突然変異した場合、異なるエピトープに結合する抗体が影響を受ける（すなわち間接的な効果）ようにＡＳＧＲ－１の立体構造を破壊する残基を表し得る。ｍＡｂ　１９７Ｇ３は、このアッセイにおける様々な結合感受性の範囲を示す抗体の例であるが、最も重要な残基（Ｒ２７４およびＲ２７１）は、記載されているようにこれらを順位付けすることによって同定

することができる。

【０４９８】

【表２７】

表7．6．Arg／Gluスキャニング突然変異導入法によりヒットと同定したASGR－１残基

++++ -

mAb	相対的エピトーププロファイリングビン	抗体結合シグナルを低減させたASGR1　CBD突然変異（3xIQRカットオフ）																			
4A2	A	W195																			
7E11	A	W195																			
56E5	A	W195																			
7G4	A	W195	R263																		
53F7	A	W195	K199	E196																	
10G6	A	W195	E196																		
26C4	A	W195	P207																		
6G6	A																				
29H8	A	W195	P207																		
25A4	A																				
32D6	A	W195	K199																		
198D2	未知	W195	E196	H204																	
4B3	A	H203	H204																		
50G9	A	H203	H204																		
60D2	A	H203	H204																		
59F2	A	H203	H204																		
60E8	A	H203	H204	P220	G251																
65E9	A.1	H203	H204																		
5E5	A	K199	W195	R263																	
29E2	A	K199	R263																		
45B4	A	K199	R263																		
6G7	B	L184																			
72F5	B.1	L184																			
22G5	B	L184	N265	P220	H215	G251	G248	R183	G246												
48B12	B	L184																			
151B9	B	L184																			
52H2	B	L184	P238	H247	G251	P220															
149D11	B	R170	L184	S171																	
175F4	B	R183																			
147E9	C	D243	P241	D242	G251	E253	Y245														
61A1	C	D243	P241	Y245	D242	E253	G251														
184E7	C	D243	E253	P241																	
72G9	C	D243	Y245	P241	D242	E253	G251														
194A4	C	D260																			
60C12	E	R237	D260	R263																	
173C11	E	R237	D260	T259	R263																
56E3	E.1	R237	T259	R263	N265	D260	P241	R170													
54E9	E.1	R237	T259	N265	R263	D260	P241	E239													
65D5	E	D260	R237	R263	T259																
190F8	L	R271	R274	G172	P272	V208															
198G3	L	R271	R274	G172																	
191G10	L	R271	G172	R274																	
202A3	未知	R271	G172	N209																	
194C1	L	R274	R271	P272	G172	V208	R170														
176H4	R	R271	P272	N265	G172	P241	L249	H247	D242												
197G3	L	R274	R271	R170	G172	D243	G248	D216	P272	S171	Q270	L249	E196	D260	H215	D225	D228	G251	E280	P207	H204
191G1	L	R274	P238	R271	P272	G172	V208														
213B3	L	P238	R271	R274	P272	G172															
218G4	O	R274	P238	G172	R271																
75G3	M	R274	R170	G172	V208																
194C10	T	R274	R170	G172	V208																
85F7	M.1	R274	R170	V208	G172																
199A7	N	H215	R170	R183	Q270																
146B6	P	T259	N265	P241																	
193E7	Q	R263	P207																		
65C12	Q																				

【０４９９】

個々の試験抗体の突然変異ヒットパターンを互いに比較するために、試験抗体間の決定係数を決定した。発現および抗体結合正規化データセットを使用して、突然変異体パネルにわたって各試験抗体についての結合プロファイルを作成した。次いで各個々の試験抗体について得られたプロファイルを、他の試験抗体の全てとこれらの類似度について比較した。各組合せについての決定係数（R^2）を決定し、得られたパターンを可視化するためにヒートマップに変換した（図４６）。簡略化のために、各特有の突然変異プロファイル

（参照抗体）からの代表的な抗体を図４６に示す。この解析により、７つの主要なヒットパターンまたは突然変異クラスターが明らかになった。この７つの主要な突然変異クラスターによって影響を受ける試験抗体は、競合／結合ビニングプロファイルＡ、Ｂ、Ｃ、ＥおよびＬ（ビンＡ抗体の３つの異なるヒット／突然変異クラスターならびにビンＢ、ビンＣ、ビンＥおよびビンＬ抗体の１つの異なるヒット／突然変異クラスター）由来のものに対応している。別のビニングプロファイルを示すものであるとして分類された残りの抗体（ビンＡ、Ｂ、Ｃ、ＥおよびＬと比較して）は、ＡＳＧＲ－１における異なる突然変異による影響を受けるが、主要なビンに属する試験抗体と部分的に重複する残基も含む。

【０５００】

このデータは、選択された抗体が、７つの主要なエピトープ領域と部分的に重複するエピトープに結合することを示す。次いで７つの主要なエピトープ領域に属する抗体の結合に重要な残基を、ＰｙＭＯＬ　Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｇｒａｐｈｉｃｓ　Ｓｙｓｔｅｍ（Ｖｅｒｓｉｏｎ　１．８；Ｓｃｈｒｏｄｉｎｇｅｒ、ＬＬＣ．）を使用してＡＳＧＲ－１構造の表面のコンピュータ表現上にマッピングした（図４７）。異なるビニングプロファイル（すなわちＡ、Ｂ、Ｃ、ＥおよびＬ）由来の少なくとも１つの抗体を、突然変異に対して感受性があると同定した場合、ＡＳＧＲ－１の表面上の残基を、同じエピトープ領域の部分とみなした。例えば、ビニングプロファイルＣに属する抗体についての主要なエピトープ領域には、ｈＡＳＧＲ－１残基Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２５１およびＥ２５３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。抗体１４７Ｅ９の結合はこれらの残基の全ての突然変異による影響を受けるが、抗体１８４Ｅ７はＰ２４１、Ｄ２４３およびＥ２５３の突然変異によってのみ破壊される。したがって、ビニングプロファイルＣに属する抗体が結合したＡＳＧＲ－１の主要なエピトープ領域は、（限定されないが）Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２５１およびＥ２５３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のうちの１つ以上を含むと定義される。また、抗体１９４Ａ４は、実施例７Ｄにおいて決定したようにビンＣに属すると分類したが、このアルギニン／グルタミン酸突然変異プロファイリングの結果（および実施例１０Ｈに記載されているＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／１９４Ａ４複合体の結晶構造解析からの結果）により、相対的エピトーププロファイリングが不正確であり得ることを示唆していることに留意されたい。

【０５０１】

ビニングプロファイルＡに属する抗体を、さらに３つの異なる突然変異クラスターに細分した。これらのクラスターを、共通のビニングプロファイルと重複しているまたは共通のビニングプロファイルと一致している互いに非常に物理的に近接しているＡＳＧＲ－１表面位置にマッピングした。５つの主要なビン（すなわち、Ａ、Ｂ、Ｃ、ＥおよびＬ）と異なるビニングプロファイルを示した抗体もまた、これらの結合に影響を与える突然変異の異なるパターンを示した（図４６）。いくつかのビニングプロファイル（Ｒ、Ｏ、Ｍ、Ｍ．１およびＴ）はビニングプロファイルＬ由来の抗体との有意な重複を共有し、このプロファイルのサブビンとみなすことができる。まとめると、このデータにより、ＡＳＧＲ－１－リガンド相互作用を遮断することができる抗体は５つの主要なエピトープ領域に結合することが示される。さらに、これらの主要な領域の部分的に重複するエピトープに結合する遮断抗体を同定した。

【０５０２】

［実施例８］

ＡＳＧＲ内部移行アッセイ

抗体が結合し、ＡＳＧＲ－１を発現する細胞内へのＡＳＧＲ－１の内部移行も阻止するか否かを決定するために、インビトロ内部移行アッセイを様々な抗体試料について実施する。

【０５０３】

ヒトＡＳＧＲ－１内部移行細胞イメージングアッセイプロトコール

試薬：

Ｕ２ＯＳ（ヒト骨肉腫）細胞株

ＭｃＣｏｙ’ｓ　５Ａ培地：Ｇｉｂｃｏ、＃１６６００－０８２
ＭＥＭ　ＮＥＡＡ（１００Ｘ）：Ｇｉｂｃｏ、＃１１１４０－０５０
ペニシリン－ストレプトマイシン（１０，０００Ｕ／ｍｌ、１００Ｘ）Ｇｉｂｃｏ、＃１５１４０－１２２
Ｌ－グルタミン（１００Ｘ）：Ｇｉｂｃｏ、＃２５０３０－０８１
ウシ胎仔血清：Ｇｉｂｃｏ、＃１６０００－０４４
ＤＰＢＳ（ＣａおよびＭｇを有さない）：Ｇｉｂｃｏ、＃１４１９０－１３６
ＤＰＢＳ（ＣａおよびＭｇを有する）：Ｇｉｂｃｏ、＃１４０４０－１３３
細胞解離緩衝液：Ｇｉｂｃｏ、＃１３１５１－０１４
１リットルフィルター：Ｃｏｒｎｉｎｇ、＃４３０５１７
Ｈｅｐｅｓ緩衝液（１Ｍ）：Ｇｉｂｃｏ、＃１５６３０－０８０
ＢａｃＭａｍウイルス－ｈｕＡＳＧＲ－１：ＧＳ：ＳＮＡＰ２６ｆ
β－ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡ－ビオチン：ＧｌｙｃｏＴｅｃｈ、＃０１－０１１
ＳＮＡＰ－Ｓｕｒｆａｃｅ　Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ　５４６：Ｎｅｗ　Ｅｎｇｌａｎｄ　Ｂｉｏｌａｂｓ、＃Ｓ９１３２Ｓ
ストレプトアビジン－Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ　６３３：Ｌｉｆｅ　Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ、＃Ｓ２１３７５
Ｈｏｅｃｈｓｔ　３３３４２：Ｉｎｖｉｔｒｏｇｅｎ、＃Ｈ３５７０
Ｐｉｔｓｔｏｐ２：ａｂｃａｍ　Ｂｉｏｃｈｅｍｉｃａｌ、＃ａｂ１２０６８７
Ｐｉｔｓｔｏｐ２－陰性対照：ａｂｃａｍ　Ｂｉｏｃｈｅｍｉｃａｌ、＃ａｂ１２０６８８
パラホルムアルデヒド（８％水溶液）：Ｅｌｅｃｔｒｏｎ　Ｍｉｃｒｏｓｃｏｐｙ　Ｓｃｉｅｎｃｅｓ、＃１５７－８－１００
イメージングプレート－９６ウェルＯｐｔｉｃａｌ　Ｂｏｔｔｏｍ：Ｔｈｅｒｍｏ　Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃ　Ｎｕｎｃ、＃１６５３０５
Ｏｐｅｒｅｔｔａ　Ｈｉｇｈ　Ｃｏｎｔｅｎｔ　Ｉｍａｇｅｒ：Ｐｅｒｋｉｎ　Ｅｌｍｅｒ

【０５０４】

Ｕ２ＯＳ完全成長培地：
１０％ＦＢＳ、１ＸＭＥＭ　ＮＥＡＡ、１ＸＬ－グルタミンおよび１Ｘペニシリン－ストレプトマイシンを有するＭｃＣｏｙ’ｓ　５Ａ
培地は細胞に使用する前に濾過した。
Ｕ２ＯＳ細胞プレーティングおよび培養：
Ｕ２ＯＳ細胞を、９６ウェルプレートにプレーティングする前にＴ１７５において７５－８５％コンフルエンスまで成長させた。
１．　Ｔ１７５フラスコにおいてＵ２ＯＳ培養培地を吸引して、細胞から除去した
２．　細胞を１０ｍｌのＤＰＢＳにより洗浄し、洗浄液を吸引して除去した
３．　３ｍｌの細胞解離緩衝液を細胞に加え、細胞インキュベーター（３７℃、５％ＣＯ２）内で５分間インキュベートして、Ｔ１７５フラスコから細胞を分離した。
４．　分離した細胞を７ｍｌの成長培地により希釈した
５．　１ｍｌの細胞を使用してプレートに利用可能な細胞の数を数えた
６．　細胞を成長培地中で希釈して２８，０００個の細胞／ウェルの最終濃度を得、ＢａｃＭａｍウイルス（ｈｕＡＳＧＲ－１：ＧＳ：ＳＮＡＰ２６ｆ）もこの時に所望の濃度（ＭＯＩ）にて細胞に加えた。
７．　細胞をＢａｃＭａｍウイルスと一緒に１－２分間混合し、次いで１００ｕｌ／ウェルの体積にて９６ウェルイメージングプレートにプレーティングした。
８．　プレートを処理前に１６－２０時間インキュベーター（３７℃、５％ＣＯ２）内に置いた。
細胞の処理（１６－２０時間インキュベーション）
１．　翌日、９６ウェルプレート上の培地を捨て去り、ＤＰＢＳにより１回洗浄した。
２．　ＭｃＣｏｙ’ｓ　５Ａ培地＋１０ｍＭのＨｅｐｅｓ緩衝液（アッセイ緩衝液）をインキュベーター内で１時間細胞（１００ｕｌ）に加えた。

３．　１時間のインキュベーション後、培地を捨て去り、ＣａおよびＭｇを含有するＤＰＢＳにより１回洗浄した。
４．　Ｐｉｔｓｔｏｐ２およびＰｉｔｓｔｏｐ２陰性対照を２０ｕＭにてアッセイ緩衝液中で調製した。
５．　１００ｕｌ／ウェルの体積の阻害剤をインキュベーター内で１５分間Ｕ２ＯＳ細胞に加えた。
６．　ＧａｌＮＡｃ－ビオチン（１００ｎＭ）およびストレプトアビジン－Ａｌｅｘａ　６３３（１００ｎＭ）をアッセイ緩衝液中に予混合し、室温にて１０分間インキュベートした。
７．　ＳＮＡＰ－Ｓｕｒｆａｃｅ　Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ　５４６（２．５ｕＭ）をアッセイ緩衝液中で調製した。
８．　１５分のインキュベーション後、ＧａｌＮＡｃ－ビオチン－ストレプトアビジン－Ａｌｅｘａ　６３３およびＳＮＡＰ－Ｓｕｒｆａｃｅ　Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ　５４６の両方を、インキュベーター内で３０分間、Ｐｉｔｓｔｏｐ２阻害剤を含有する培地に直接加えた（１０ｕｌ）。
９．　３０分のインキュベーション後、培地を捨て去り、細胞をＤＰＢＳにより１回洗浄した。
１０．　細胞を、室温にて１０分間、Ｈｏｅｃｈｓｔ染料（１：５０００希釈）を含有する５０ｕｌの４％パラホルムアルデヒド（８％パラホルムアルデヒドをＤＰＢＳにより希釈した）を細胞に加えることによって固定した。
１１．　１０分のインキュベーション後、細胞をＤＰＢＳにより２回洗浄し、１００ｕｌのＤＰＢＳを各細胞に加えた。
１２．　プレートを、異なる蛍光染料を測定する３つのチャネルを備えるＯｐｅｒｅｔｔａ機器により撮像した。
１）　Ｈｏｅｃｈｓｔを、励起：３６０－４００ｎｍおよび発光：４１０－４８０ｎｍの範囲においてフィルターを使用して測定した
２）　ＧａｌＮＡｃ－ビオチン－ストレプトアビジン－Ａｌｅｘａ　６３３を、励起：６００－６３０ｎｍおよび発光：６４０－６８０ｎｍの範囲においてフィルターを使用して測定した
３）　ＳＮＡＰ－Ｓｕｒｆａｃｅ　Ａｌｅｘａ　Ｆｌｕｏｒ　５４６を、励起：５２０－５５０ｎｍおよび発光：５６０－６３０の範囲においてフィルターを使用して測定した
１３．　Ｈａｒｍｏｎｙ　３．５ソフトウェア（Ｐｅｒｋｉｎ　Ｅｌｍｅｒ）を使用して、アッセイにおいて加えた蛍光染料について内部移行したスポットを同定し、定量した。
この内部移行アッセイは、本発明の抗原結合性タンパク質をアッセイすることにより、それがＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の内部移行をどのくらい低減させるかまたは阻害するかを決定するために、実施することができる。
【０５０５】
［実施例９］
さらなるリガンド遮断アッセイ
脱シアリル化タンパク質リガンド（アシアロフェツインおよびオロソムコイド）の調製
【０５０６】
Ａ．アシアロフェツイン
【０５０７】
ウシフェツイン（ＡＨＳＧ）を商業的（Ｓｉｇｍａ）に得、ＣａｐｔｏＱ　Ｉｍｐｒｅｓ（ＧＥ　Ｈｅａｌｔｈｃａｒｅ　Ｌｉｆｅ　Ｓｃｉｅｎｃｅｓ）マトリクスを使用して精製した。簡潔に述べると、材料を、最大で１７ｍｇ／ｍｌの樹脂にて２５ｍＭ　ＴＲＩＳ　ｐＨ７．９に充填し、塩化ナトリウムの勾配により２０ｍＭ　ＢｉｓＴＲＩＳ（ｐＨ６．５）に溶解した。主なピークはプールした勾配であり（約０．１５Ｍ　ＮａＣｌ最終）、Ｈｅｐｅｓ緩衝生理食塩水（ｐＨ７．９）中のＳｕｐｅｒＤｅｘ２００　ＳＥＣ（ＧＥ　Ｈｅａｌｔｈｃａｒｅ　Ｌｉｆｅ　Ｓｃｉｅｎｃｅｓ）上で溶解した。次いで精製したＡＨＳ

Ｇを濃縮し、製造業者の指示書に従ってＩｎｎｏｌｉｎｋビオチン　３５４Ｓ（ＥＭＤ　Ｍｉｌｌｉｐｏｒｅ）とインキュベートした。次いでビオチン化タンパク質をゲル濾過によって脱塩し、再度濃縮した。

【０５０８】

その後、精製したビオチン化タンパク質を、Ｃ．パーフリンゲンス（Ｃ．ｐｅｒｆｒｉｎｇｅｎｓ）ノイラミニダーゼ（Ｓｉｇｍａ；５０ｍＭリン酸ナトリウム、９ｍＭ　ＨＥＰＥＳ、０．１２Ｍ　ＮａＣｌ、ｐＨ６中で３７℃にて１２時間１単位／１０ｍｇタンパク質）とのインキュベーションによって脱シアリル化した。得られた物質を採取し、Ａ．ウレアファシエンス（Ａ．ｕｒｅａｆａｃｉｅｎｓ）ノイラミニダーゼ（ＱＡｂｉｏ；３７℃にて０．５単位／１０ｍｇタンパク質）によりさらに３時間消化した。消化した試料を、中性ｐＨまで０．１５Ｍ　ＮａＣｌ（ｐＨ７．５）（ＨＢＳ）を含有する２０ｍＭ　ＨＥＰＥＳにより３倍希釈し、単量体アビジンアガロース（Ｐｉｅｒｃｅ）ＨＲ１６／１０カラムに適用し、６０ｃｍ／時にて流した。充填したカラムを１５分間保持し、次いで４カラム体積のＨＢＳにより洗浄した。ビオチン化、脱シアリル化タンパク質を最後に、２ｍＭビオチン＋さらなる２カラム体積の０．１Ｍグリシン－ＨＣｌ（ｐＨ２．８）を含有する３カラム体積のＨＢＳにより溶出し、これを５０ｍＭ　ＴＲＩＳ　Ｂａｓｅによる回収の間に即座に中和した。両方の種類の溶出からのタンパク質含有画分を同定し、プールし、濃縮し、１０ｍＭ　ＨＥＰＥＳ、０．１４Ｍ　ＮａＣｌ（ｐＨ７．５）に対して広範囲に透析し、再濃縮し、最後に濾過滅菌した。次いで精製したロットを、記載されたアッセイに使用する前にＳＤＳ－ＰＡＧＥおよび質量解析により解析した。

【０５０９】

Ｂ．オロソムコイド

ウシオロソムコイド（ＡＧＰ）を商業的（Ｓｉｇｍａ）に得、サイズ排除クロマトグラフィーによってＨＢＳ（ｐＨ７．９）中で平衡化したＳｕｐｅｒＤｅｘ２００樹脂上で精製した。個別の３回の試行からの主なＡＧＰピークの前部を合わせて高グリコシル化ＡＧＰを生成し、主なピークの残り（３回の合わせた試行から）により低グリコシル化（ｈｙｐｏｇｌｙｃｏｓｙｌａｔｅｄ）ＡＧＰを生成した。ビオチン化のために、精製したＡＧＰを５ｍｇ／ｍｌに濃縮し、記載されているようにＩｎｎｏｌｉｎｋビオチン　３５４Ｓとインキュベートした。次いでビオチン化タンパク質をゲル濾過によって脱塩し、濃縮した。

【０５１０】

ビオチン化後、３７℃にて１８時間、５０ｍＭリン酸ナトリウム、９ｍＭ　ＨＥＰＥＳ、０．１２Ｍ　ＮａＣｌ（ｐＨ６）中の１０ｍｇのタンパク質当たり１単位のＣ．パーフリンゲンスノイラミニダーゼ（Ｓｉｇｍａ）と共に、タンパク質をインキュベートすることによって、これを脱シアリル化した。得られた物質を採取し、１０ｍｇのタンパク質当たり０．５単位のＡ．ウレアファシエンスノイラミニダーゼ（ＱＡｂｉｏ）により３７℃にてさらに６時間消化した。試料をＨＢＳにより３倍希釈して中性ｐＨを達成し、単量体アビジンアガロース（Ｐｉｅｒｃｅ）ＨＲ１６／１０カラムに適用し、６０ｃｍ／時にて流した。充填したカラムを１５分間保持し、次いで４カラム体積のＨＢＳにより洗浄した。その後、ビオチン化、脱シアリル化タンパク質を、２ｍＭビオチン＋２カラム体積の０．１Ｍグリシン－ＨＣｌ（ｐＨ２．８）を含有する３カラム体積のＨＢＳにより溶出し、これを５０ｍＭ　ＴＲＩＳ　Ｂａｓｅによる回収の間に即座に中和した。両方の種類の溶出からのタンパク質含有画分を同定し、プールし、濃縮し、１０ｍＭ　ＨＥＰＥＳ、０．１４Ｍ　ＮａＣｌ（ｐＨ７．５）に対して広範囲に透析し、再濃縮し、最後に濾過滅菌した。次いで精製したロットを、記載されたアッセイに使用する前にＳＤＳ－ＰＡＧＥおよび質量解析により解析した。

【０５１１】

これらのリガンドは、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２とのリガンド結合の抗原結合性タンパク質阻害を決定するためにさらなるリガンド結合アッセイにおいて使用することができる。

【０５１２】
実施例１０
ＡＳＧＲ－１との間および抗体とＡＳＧＲ－１との間の相互作用の結晶構造解析
Ａ．リガンドが結合したＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメインの結晶構造
【０５１３】
導入
リガンドを含まないＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ（炭水化物結合ドメイン）の結晶構造は、既に公表されている（１）。ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）のタンパク質発現、精製および結晶化を、公表された方法と同様に実施したが、本明細書に記載されている構造は公表された結晶構造とは異なる。これらの構造の解析は、公表された構造と比較して余分なＮ末端およびＣ末端のアミノ酸、様々なリガンドがＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメインと相互作用する様式、ならびに様々な糖についてのＡＳＧＲ－１／ＡＳＧＲ－２間の可能な選択性決定因子を、示す。
【０５１４】
結果
ラクトースはＡＳＧＲ－１の炭水化物結合ポケットにおいて結合する
ＡＳＧＲ－１／ラクトース複合体のタンパク質結晶を成長させ、結晶構造を２．０５Åにおいて決定した。公開された構造の方法と同様の方法に従ったが、炭水化物結合ポケットにおけるラクトース二糖について、明確な電子密度が存在する。図１８Ａおよび１８Ｂを参照。この構造において、ラクトース二糖のガラクトース環は炭水化物結合ドメインにおけるカルシウムイオンの上部に位置し、ＡＳＧＲ－１タンパク質との多数の接点を形成する。水素結合が、ラクトースと、ＡＳＧＲ－１アミノ酸Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｅ２５３およびＮ２６５との間に形成される。さらに、フェンデルワールス相互作用が少なくともＷ２４４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）により形成される。図１８Ｃを参照。
【０５１５】
結晶構造の解析により、ＡＳＧＲ－１とラクトースとの間の相互作用に関与する特定のアミノ酸が同定される。代替の分子による少なくともこれらのアミノ酸との相互作用は、ＡＳＧＲ－１とラクトースとの間の相互作用に完全または部分的に影響を与え得る。
【０５１６】
ＡＳＧＲ－１／ラクトース解析（以下の距離はＰｙＭＯＬを用いて算出した）：
結合したラクトース分子まで４．５Å以下の少なくとも１つの非水素原子を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。
【０５１７】
結合したラクトース分子まで５Å以下の少なくとも１つの非水素結合を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。
【０５１８】
結合したラクトース分子から５－８Åの少なくとも１つの非水素原子を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。
【０５１９】
ガラクトースはラクトースと類似したＡＳＧＲ－１の炭水化物結合ポケットにおいて結合する
ＡＳＧＲ－１／ガラクトース複合体のタンパク質結晶を成長させ、結晶構造を２．４Åにおいて決定した。公開された構造の方法と同様の方法に従ったが、炭水化物結合ドメインにおけるガラクトース単糖について、明確な電子密度が存在する。図１９Ａおよび１９Ｂを参照。

【０５２０】
この構造において、ガラクトースは炭水化物結合部位におけるカルシウムイオンの上部に位置し、ＡＳＧＲ－１タンパク質との接点を形成する。水素結合が、ガラクトースと、ＡＳＧＲ－１アミノ酸Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｅ２５３およびＮ２６５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）との間に形成される。さらに、ファン・デル・ワールス相互作用が少なくともＷ２４４により形成される。図１９Ｃを参照。
【０５２１】
結晶構造の解析により、ＡＳＧＲ－１とガラクトースとの間の相互作用に関与する特定のアミノ酸が同定される。代替の分子による少なくともこれらのアミノ酸との相互作用はＡＳＧＲ－１とガラクトースとの間の相互作用に完全または部分的に影響を与え得る。以下の距離はＰｙＭＯＬを用いて算出した。
【０５２２】
ＡＳＧＲ－１／ガラクトース解析（以下の距離はＰｙＭＯＬを用いて算出した）：
結合したガラクトース分子まで４．５Å以下の少なくとも１つの非水素原子を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。結合したラクトース分子まで５Å以下の少なくとも１つの非水素原子を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。
【０５２３】
結合したラクトース分子から５－８Åの少なくとも１つの非水素原子を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｎ２０９、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｖ２６８、Ｒ２７１、Ｙ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。
【０５２４】
ＡＳＧＲ－１／ラクトースおよびＡＳＧＲ－１／ガラクトース構造を比較すると、各糖のガラクトース環は非常に良く重畳（ｓｕｐｅｒｉｍｐｏｓｅ）する。２つの構造におけるタンパク質の１つの相違は、Ｒ２３７の立体構造、炭水化物結合部位に近接するアミノ酸である。図２０に示した重畳において、ＡＳＧＲ－１／ラクトース構造が白色で示され、ＡＳＧＲ－１／ガラクトース構造が黒色で示される。
【０５２５】
Ｎ－アセチル－Ｄ－ガラクトサミン（ＧａｌＮＡｃ）はガラクトースと類似したＡＳＧＲ－１の炭水化物結合ポケットにおいて結合するが、さらなる相互作用を形成する
ＡＳＧＲ－１／ＧａｌＮＡｃ複合体のタンパク質結晶を成長させ、結晶構造を２．２Åにおいて決定した。公開された構造の方法と類似した方法に従ったが、明確な電子密度が炭水化物結合ポケットにおいてＧａｌＮＡｃ糖について存在する。図２１Ａおよび図２１Ｂを参照。
【０５２６】
この構造において、ＧａｌＮＡｃは炭水化物結合部位におけるカルシウムイオンの上部に位置し、ＡＳＧＲ－１タンパク質との接点を形成する。水素結合が、ＧａｌＮＡｃと、ＡＳＧＲ－１アミノ酸Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｅ２５３およびＮ２６５との間に形成される。さらに、ファン・デル・ワールス相互作用が、少なくともＷ２４４により形成される。この構造において、Ｒ２３７はガラクトース複合体において観察されたものと類似の立体構造である。しかしながら、この場合、水素結合はＲ２３７とＧａｌＮＡｃのアセチルとの間に形成される。Ｒ２３７とのこれらのさらなる相互作用は、観察されたＧａｌＮＡｃのＡＳＧＲ－１との（ガラクトースより）強い結合およびＧａｌＮＡｃのＡＳＧＲ－１との（ＡＳＧＲ－２（ここでこのアミノ酸はＡｒｇよりむしろＡｌａである）より）強い結合の両方を説明するのに役立つ。図２１Ｃを参照。
【０５２７】
ＡＳＧＲ－１／ＧａｌＮＡｃ解析（距離はＰｙＭＯＬを用いて算出した）：

結晶構造の解析により、ＡＳＧＲ－１とＧａｌＮＡｃとの間の相互作用に関与する特定のアミノ酸を同定する。代替の分子によるこれらのアミノ酸の少なくとも１つとの相互作用は、ＡＳＧＲ－１とＧａｌＮＡｃとの間の相互作用を、完全または部分的に阻害し得る。

【０５２８】

結合したＧａｌＮＡｃ分子まで４．５Å以下の少なくとも１つの原子を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。結合したラクトース分子まで５Å以下の少なくとも１つの非水素原子を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｗ２４４、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｎ２６５、Ｄ２６６、Ｄ２６７、Ｙ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。

【０５２９】

結合したラクトース分子から５－８Åの少なくとも１つの非水素原子を有するアミノ酸を同定した。これらには、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｐ２４１、Ｄ２４３、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２５２、Ｃ２５５、Ｆ２５８、Ｄ２６０、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｖ２６８、Ｒ２７１（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）が含まれる。

【０５３０】

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／ＧａｌＮＡｃ結晶構造複合体についての座標を表１０．１に提示する。

【０５３１】

方法

ＡＳＧＲ－１発現および精製

実施例１２における全ての結晶学（ｃｈｒｙｓｔａｌｌｏｇｒａｐｈｙ）実験に関して、ヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤタンパク質（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）を、Ｅ．コリにおいて発現させ、リフォールディングし、精製した。

【０５３２】

ＡＳＧＲ－１結晶化

精製したヒトＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ（１４８－２９１）タンパク質を、８－１２ｍｇ／ｍｌに濃縮した。ＡＳＧＲ－１／炭水化物複合体結晶を、２０ｍＭリガンド（ラクトース、ガラクトースまたはＧａｌＮＡｃ）の存在下で０．１Ｍカコジル酸ナトリウム　ｐＨ６．８、０．０８Ｍ硫酸アンモニウム、２１－２３％ＰＥＧ　８０００中で成長させる。

【０５３３】

データ収集および構造決定

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体についてのデータセットを、Ｒｉｇａｋｕ　ＦＲ－Ｅ　Ｘ線源（ＡＳＧＲ－１／ラクトースおよびＡＳＧＲ－１／ガラクトース）またはＢｅｒｋｅｌｅｙ　Ａｄｖａｎｃｅｄ　Ｌｉｇｈｔ　Ｓｏｕｒｃｅビームライン５．０．２（ＡＳＧＲ－１／ＧａｌＮＡｃ）において収集した。全てのデータセットをｉＭｏｓｆｌｍ（２）により処理し、ＣＣＰ４プログラムスイート（４）からＡＩＭＬＥＳＳ（３）によりスケーリングした。

【０５３４】

ＡＳＧＲ－１／ラクトース結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数（ｕｎｉｔ　ｃｅｌｌ　ｄｉｍｅｎｓｉｏｎ）ａ＝１１３．５、ｂ＝３２．３、ｃ＝４０．４Å、β＝９２．３°を有するＣ２空間群において成長させ、２．０５Å分解能に回折する。ＡＳＧＲ－１構造を、開始探索モデルとして公開されたＡＳＧＲ－１構造（１）を使用してプログラムＰＨＡＳＥＲ（５）による分子置換によって解明した。構造を、Ｃｏｏｔ（６）を用いたモデル構築およびＰＨＥＮＩＸ（７）を用いた改良の複数ラウンドにより改善した。改良された構造はＲ＝１８．９およびＲ$_{free}$＝２４．４を有する。

【０５３５】

ＡＳＧＲ－１／ガラクトース結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝１１３．１、ｂ＝３２．７、ｃ＝４０：７Å、β＝９１．６°を有するＣ２空間

群において成長させ、２．４Å分解能に回折する。ＡＳＧＲ－１／ラクトース構造を分子置換についての開始分子として使用し、モデル構築および改良をＲ＝１５．８およびＲｆｒｅｅ＝２２．９までＡＳＧＲ－１／ラクトース複合体について記載されているように実施した。

【０５３６】

ＡＳＧＲ－１／ＧａｌＮＡｃ結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝１１２．７、ｂ＝３２．３、ｃ＝４０．５Å、β＝９１．７°を有するＣ２空間群において成長させ、２．２Å分解能に回折する。ＡＳＧＲ１／ラクトース構造を分子置換についての開始分子として使用し、モデル構築および改良を、Ｒ＝１６．５およびＲｆｒｅｅ＝２３．０までＡＳＧＲ－１／ラクトース複合体について記載されているように実施した。

【０５３７】

構造解析および距離計算をプログラムＰｙＭＯＬ（８）により実施した。

【０５３８】

【表２８】

参考文献

1. Meier, M., Bider, M. D., Malashkevich, V. N., Spiess, M., and Burkhard, P. (2000) Crystal structure of the carbohydrate recognition domain of the H1 subunit of the asialoglycoprotein receptor. Journal of molecular biology 300, 857-865
2. Battye, T. G., Kontogiannis, L., Johnson, O., Powell, H. R., and Leslie, A. G. (2011) iMOSFLM: a new graphical interface for diffraction-image processing with MOSFLM. Acta crystallographica 67, 271-281
3. Evans, P. (2006) Scaling and assessment of data quality. Acta crystallographica 62, 72-82
4. CCP4. (1994) The CCP4 suite: programs for protein crystallography. Acta crystallographica 50, 760-763
5. McCoy, A. J., Grosse-Kunstleve, R. W., Adams, P. D., Winn, M. D., Storoni, L. C., and Read, R. J. (2007) Phaser crystallographic software. Journal of applied crystallography 40, 658-674
6. Emsley, P., Lohkamp, B., Scott, W. G., and Cowtan, K. (2010) Features and development of Coot. Acta crystallographica 66, 486-501
7. Adams, P. D., Afonine, P. V., Bunkoczi, G., Chen, V. B., Davis, I. W., Echols, N., Headd, J. J., Hung, L. W., Kapral, G. J., Grosse-Kunstleve, R. W., McCoy, A. J., Moriarty, N. W., Oeffner, R., Read, R. J., Richardson, D. C., Richardson, J. S., Terwilliger, T. C., and Zwart, P. H. (2010) PHENIX: a comprehensive Python-based system for macromolecular structure solution. Acta crystallographica 66, 213-221
8. DeLano, W. L. (2002) The PyMOL Molecular Graphics System. Palo Alto

【０５３９】

Ｂ．５Ｅ５を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造

本実施例は、５Ｅ５のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示し、１．９５Å分解能まで決定した（これらについての条件は以下に記載している）。図２２ＡおよびＢに示したこの構造は、５Ｅ５がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、炭水化物結合ループの立体構造再編成が起こり、炭水化物結合ループのリガンド（すなわち炭水化物）との結合／相互作用を損なうことを示す。これは、５Ｅ５　ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を間接的に阻害することを実証する。

【０５４０】

また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との５Ｅ５の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを５Ｅ５タンパク質から５Å内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｗ１９５、Ｅ

１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０５４１】

この構造をまた、５Ｅ５との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は５Ｅ５タンパク質から５－８ÅであるＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｖ１５９、Ｅ１６０、Ｒ１６３、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｅ２３９、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｗ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０５４２】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア５Ｅ５アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å内である５Ｅ５残基として定義した。コア５Ｅ５重鎖残基には、Ｓ３０、Ｎ３１、Ｗ５２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｓ５６、Ｎ５７、Ｙ５９、Ｙ１０１、Ｓ１０２、Ｓ１０３、Ｇ１０４、Ｗ１０５、Ｙ１０６、Ｄ１０７が含まれ、コア５Ｅ５軽鎖残基には、５Ｅ５軽鎖：Ｑ２７、Ｒ３０、Ｄ３２、Ｈ９１、Ｙ９２、Ｓ９３、Ｙ９４が含まれる。

【０５４３】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界５Ｅ５アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである５Ｅ５残基として定義した。境界５Ｅ５重鎖残基には、Ｙ３２、Ｖ３３、Ｖ５０、Ｇ５５、Ｋ５８、Ｎ７４、Ｅ９９、Ｖ１００、Ｙ１０８が含まれ、境界５Ｅ５軽鎖残基には、Ｉ２、Ｇ２８、Ｉ２９、Ｌ３３、Ｑ９０、Ｐ９５、Ｒ９６が含まれる。

【０５４４】

方法

タンパク質試料の発現および精製

５Ｅ５　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により５Ｅ５　ｍＡｂを切断することによって生成した。カスパーゼ切断後、ＦａｂをＭｏｎｏＳイオン交換カラム上での精製によって単離した。次いでＮｉ　Ｓｅｐｈａｒｏｓｅ　Ｅｘｃｅｌ減算を実施して、Ｆｃドメインが試料から除去されることを確実にした。

【０５４５】

【化１】

5E5 mAb 重鎖 (SEQ ID NO: 32695):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYVMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKY
YADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCTREVYSSGWYDYGMDVWGQGTT
VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVL
QSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVDGGDKTHTCPP
CPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT
KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYT
LPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTV
DKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGHHHHHH

【０５４６】

【化２】

5E5 mAb 軽鎖 (SEQ ID NO:32696):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRF
SGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYSYPRTFGQGTKVEVKRTVAAPSVFIFPPSDEQL
KSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADY
EKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

【０５４７】

【化３】

5E5 Fab　重鎖（切断後）(SEQ ID NO:32697):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYVMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKY
YADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCTREVYSSGWYDYGMDVWGQGTT
VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVL
QSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVD

【０５４８】

【化４】

5E5 Fab　軽鎖（切断後）(SEQ ID NO:32698):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRF
SGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYSYPRTFGQGTKVEVKRTVAAPSVFIFPPSDEQL
KSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADY
EKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

【０５４９】

複合体形成および結晶化

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／５Ｅ５　Ｆａｂ複合体を、モル過剰のＡＳＧＲ－１　ＣＢＤを５Ｅ５　Ｆａｂと混合することによって作製した。複合体を、サイズ排除クロマトグラフィーカラム上での精製によって過剰のＡＳＧＲ－１から分離した。ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／５Ｅ５　Ｆａｂ複合体を１０ｍｇ／ｍｌに濃縮し、０．１Ｍ　Ｔｒｉｓ　ｐＨ８．５、１２％ＰＥＧ　４０００中で結晶化する。

【０５５０】

データ収集および構造決定

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／５Ｅ５　Ｆａｂ複合体結晶についてのデータセットを、Ｂｅｒｋｅｌｅｙシンクロトロンのビームライン５．０．２において収集し、Ｍｏｓｆｌｍ[1]／Ａｉｍｌｅｓｓ[2]により処理した。

【０５５１】

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／５Ｅ５　Ｆａｂ複合体結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝６２．９３、ｂ＝４１．７５、ｃ＝１１８．８９Åおよびβ＝９７．１６を有するＰ２$_1$空間群において成長させ、１．９５Å分解能に回折する。ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／５Ｅ５　Ｆａｂ複合体構造を、プログラムＭｏｌｒｅｐ[2]を用いて分子置換によって解明した。構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒ＝２５．９／Ｒｆｒｅｅ＝３０．５に改善した。ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤおよび５Ｅ５　Ｆａｂ可変ドメイン（対応する界面と共に）についての電子密度はかなり良好であるが、５Ｅ５定常ドメインについての電子密度は不十分である（結晶格子内の不十分な充填に起因する可能性が高い）。このことはおそらく、この構造改良から観察されたより高いＲ／Ｒｆｒｅｅを説明する。

【０５５２】

コア相互作用界面アミノ酸は、パートナータンパク質から５Å以下である少なくとも１つの非水素原子を有する全てのアミノ酸残基であると決定した。５Åは、ファン・デル・ワールス半径と可能な水媒介水素結合内の原子を可能にするコア領域カットオフ距離として選択した。境界相互作用界面アミノ酸を、パートナータンパク質から８Å以下の少なくとも１つの非水素原子を有する全てのアミノ酸残基と決定したが、コア相互作用リストには含まれなかった。８Å以下は、伸長したアルギニンアミノ酸の長さを可能にする境界領域カットオフ距離として選択した。これらの距離基準を満たしたアミノ酸をプログラムＰｙＭＯＬ[5]により算出した。

【０５５３】

【表２９】
参考文献

1. Battye, T.G., Kontogiannis, L., Johnson, O., Powell, H.R. & Leslie, A.G. iMOSFLM: a new graphical interface for diffraction-image processing with MOSFLM. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr* **67**, 271-81 (2011).
2. CCP4. The CCP4 suite: programs for protein crystallography. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr* **50**, 760-3 (1994).
3. Emsley, P., Lohkamp, B., Scott, W.G. & Cowtan, K. Features and development of Coot. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr* **66**, 486-501 (2010).
4. Adams, P.D. et al. PHENIX: a comprehensive Python-based system for macromolecular structure solution. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr* **66**, 213-21 (2010).
5. DeLano, W.L. The PyMOL Molecular Graphics System. (Palo Alto, 2002).

【０５５４】
Ｃ．２２Ｇ５を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造
本実施例は、２２Ｇ５のＦａｂ断片に結合し、２．１Å分解能（これらの条件は上記のＢに記載している）まで決定した、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示する。図２３ＡおよびＢに示したこの構造は、２２Ｇ５がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、炭水化物結合ループの立体構造再編成が起こり、炭水化物結合ループのリガンド（すなわち炭水化物）との結合／相互作用を損なうことを示す。これは、２２Ｇ５　ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を間接的に阻害することを実証する。
【０５５５】
また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との２２Ｇ５の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを２２Ｇ５タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｗ１６７、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ａ１７６、Ｄ１７７、Ｎ１８０、Ｙ１８１、Ｒ１８３、Ｌ１８４、Ｅ１８５、Ｄ１８６、Ｑ２７０、Ｐ２７２、Ｗ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０５５６】
また、この構造を、２２Ｇ５との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は２２Ｇ５タンパク質から５－８ÅのＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｐ１５５、Ｎ１５７、Ｗ１５８、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｒ１７０、Ｗ１７５、Ａ１７８、Ｄ１７９、Ｃ１８２、Ａ１８７、Ｗ２１１、Ｃ２６９、Ｒ２７１、Ｙ２７３、Ｒ２７４、Ｃ２７７、Ｔ２７９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０５５７】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア２２Ｇ５アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である２２Ｇ５残基と定義した。コア２２Ｇ５重鎖残基には、Ａ３３、Ｖ５０、Ｉ５１、Ｓ５２、Ｒ５３、Ｓ５４、Ｇ５５、Ｇ５６、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｒ９９、Ａ１０１、Ａ１０３、Ｇ１０４、Ｅ１０６が含まれ、コア２２Ｇ５軽鎖残基には、２２Ｇ５軽鎖：Ｙ３２、Ｓ９１、Ｙ９２、Ｒ９３、Ｔｈｒ９４、Ｐｒｏ９５、Ｆ９７が含まれる。
【０５５８】
ＡＳＧＲ－１との相互作用インターフェースの境界２２Ｇ５アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである２２Ｇ５残基と定義した。境界２２Ｇ５重鎖残基には、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｍ３４、Ｎ３５、Ｗ４７、Ｓ４９、Ｔ５８、Ｒ７２、Ｎ７４

、Ｌ１００、Ｖ１０２、Ｓ１０５が含まれ、境界２２Ｇ５軽鎖残基には、Ｉ２、Ｑ２７、Ｎ２８、ＮＡＧ１００、Ｉ２９、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｑ９０、Ｌ９６が含まれる。

【０５５９】

方法：

以下の変更を除いて、上記の実施例１０Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：

【０５６０】

２２Ｇ５　Ｆａｂ断片を、パパインにより２２Ｇ５－ＩｇＧ４　ｍＡｂを切断することによって生成した；

【０５６１】

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／２２Ｇ５　Ｆａｂ複合体を８ｍｇ／ｍｌに濃縮し、０．１　Ｂｉｓ－Ｔｒｉｓ　ｐＨ６．５、０．２マロン酸ナトリウム、２０％ＰＥＧ　３３５０中で結晶化した；

【０５６２】

データセットをＸＤＳ／Ａｉｍｌｅｓｓにより処理した；

【０５６３】

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／２２Ｇ５　Ｆａｂ複合体結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝４６．０４、ｂ＝８０．３４、ｃ＝１６９．１４Åを有するＰ２１２１２１空間群において成長させ、２．１Å分解能に回折する；および

【０５６４】

構造を、Ｃｏｏｔ３によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ４による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒ＝１７．８／R_{free}＝２２．５に改善した。

【０５６５】

Ｄ．４Ａ２を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造

本実施例は、４Ａ２のＦａｂ断片に結合し、２．１５Å分解能（これらの条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載している）まで決定したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示する。図２４、２５および２６に示したこの構造は、４Ａ２がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、炭水化物結合ループの立体構造再編成が起こり、炭水化物結合ループのリガンド（すなわち炭水化物）との結合／相互作用を損なうことを示す。これは、４Ａ２ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を間接的に阻害することを実証する。

【０５６６】

また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との４Ａ２の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを４Ａ２タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｒ１７０、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｒ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０５６７】

また、この構造を、４Ａ２との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は４Ａ２タンパク質から５－８ÅのＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｎ１５７、Ｖ１５９、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｓ１７１、Ｓ１９４、Ｑ１９８、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｔ２１０、Ｒ２３７、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｗ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０５６８】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア４Ａ２アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である４Ａ２残基と定義した。コア４Ａ２重鎖残基には、Ｔ２８、Ｆ２９、Ｔ３０、Ｎ３１、Ｙ３２、Ｄ３３、Ｗ５０、Ｈ５２、Ｓ５５、Ｎ５７、Ｓ９９、Ｓ１００、Ｇ１０１、Ｗ１０２、Ｙ１０３が含まれ、コア４Ａ２軽鎖残基には、４Ａ２軽鎖：Ｈ３１、Ｓ３３、Ｎ３４、Ｎ３６、Ｙ３８、Ｗ５６、Ｙ９７、Ｙ９８が含まれる。

【０５６９】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界４Ａ２アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質

から５－８Åである４Ａ２残基と定義した。境界４Ａ２重鎖残基には、Ｙ２７、Ｉ３４、Ｎ３５、Ｗ４７、Ｍ５１、Ｐ５３、Ｎ５４、Ｇ５６、Ｔ５８、Ｇ５９、Ｙ１０４、Ｄ１０６が含まれ、境界４Ａ２軽鎖残基には、Ｉ２９、Ｓ３２、Ｎ３５、Ｎ３７、Ｙ５５、Ｔ５９、Ｑ９６、Ｎ９９、Ｔ１００が含まれる。

【０５７０】

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／４Ａ２結晶構造複合体についての座標を表１０．２に提示する。

【０５７１】

方法：

以下の変更を除いて、この実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：

【０５７２】

１．　この抗体のみに関して、二重終止コドンを、４Ａ２　Ｆａｂの発現を可能にするＣＨ１ドメインの末端に挿入した。Ｆａｂ精製を親和性および陽イオン交換カラムにより実施した。４Ａ２　Ｆａｂの最終配列は

【０５７３】

【化５】

重鎖 (SEQ ID NO:32650):

QVQLVQSGTEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDINWVRQATGQGLEWMGWMHPN
SGNTGYAQKFQGRVTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWYYFDYWGQ
GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSD
EVDGGD

軽鎖 (SEQ ID NO:32651):

DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILHSSNNNNYLAWFQQKPGQPPKLL
LYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYCQQYYNTPVTFGP
GTKVGIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDN
ALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSP
VTKSFNRGEC

である。

【０５７４】

１．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／４Ａ２　Ｆａｂ複合体を２０ｍｇ／ｍｌに濃縮し、０．２Ｍクエン酸三リチウムおよび２０％ＰＥＧ３３５０中で結晶化した；

【０５７５】

２．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／４Ａ２　Ｆａｂ複合体結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝６３．４２、ｂ＝７６．３７、ｃ＝１５６．６７Åを有する$P2_12_12_1$空間群中で成長させ、２．１５Å分解能に回折する；および

【０５７６】

３．　構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒ＝１７．９／R_{free}＝２１．８に改善した。

【０５７７】

７Ｅ１１とのＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造

【０５７８】

本実施例は、７Ｅ１１のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示し、２．０Å分解能まで決定した（これらについての条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載されている）。図２７および２８に示したこの構造は、７Ｅ１１がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、炭水化物結合ループの立体構造再編成が起こり、炭水化物結合ル

ープのリガンド（すなわち炭水化物）との結合／相互作用を損なうことを示す。これは、７Ｅ１１　ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を間接的に阻害することを実証する。

【０５７９】

また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との７Ｅ１１の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを７Ｅ１１タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｈ１６１、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｑ１９８、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｒ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０５８０】

また、この構造を、７Ｅ１１との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は７Ｅ１１タンパク質から５－８ÅのＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｅ１６０、Ｅ１６２、Ｖ１９２、Ｔ１９３、Ｅ１９７、Ｖ２０１、Ｈ２０４、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｗ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０５８１】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア７Ｅ１１アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である７Ｅ１１残基と定義した。コア７Ｅ１１重鎖残基には、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｉ５０、Ｗ５２、Ｈ５３、Ｓ５６、Ｎ５７、Ｙ５９、Ｓ０１、Ｍ１０２、Ｇ１０３が含まれ、コア７Ｅ１１軽鎖残基には、Ｉ３０、Ｙ３２、Ｔ９１、Ｙ９２、Ｓ９３、Ｔ９４、Ｉ９６が含まれる。

【０５８２】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界７Ｅ１１アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである７Ｅ１１残基と定義した。境界７Ｅ１１重鎖残基には、Ｔ２８、Ｆ２９、Ｆ３２、Ｇ３３、Ｈ３５、Ｗ４７、Ｉ５１、Ｄ５４、Ｋ５８、Ｄ９９、Ｌ１００、Ｇ１０４が含まれ、境界７Ｅ１１軽鎖残基には、Ｉ２、Ｑ２７、Ｎ２８、Ｉ２９、Ｓ３１、Ｌ３３、Ｎ３４、Ｔ５０、Ｓ６７、Ｑ８９、Ｑ９０、Ｐ９５が含まれる。

【０５８３】

方法：

以下の変更を除いて、この実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：

７Ｅ１１　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により７Ｅ１１　ｍＡｂを切断することによって生成した：

【０５８４】

【化６】

7E11 mAb 重鎖 (SEQ ID NO:32652):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMHWVRQAPGKGLEWVAII
WHDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSNNTLYLQMSSLRAEDTAVYYCARDLS
MGGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFP
EPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
KPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVDGGDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD
TLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTY
RVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF
FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGHHHHHH

7E11 mAb 軽鎖 (SEQ ID NO:32653):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTIACRASQNIISYLNWYQQKPGKAPKFLIYTASSL
QSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAIYYCQQTYSTPLTFGGGTKVEIKRT
VAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQE
SVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGE
C

7E11 Fab 重鎖（切断後）(SEQ ID NO:32654):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMHWVRQAPGKGLEWVAII
WHDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSNNTLYLQMSSLRAEDTAVYYCARDLS
MGGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFP
EPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
KPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVD

7E11 Fab 軽鎖（切断後）(SEQ ID NO:32655):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTIACRASQNIISYLNWYQQKPGKAPKFLIYTASSL
QSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAIYYCQQTYSTPLTFGGGTKVEIKRT
VAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQE
SVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGE
C

【０５８５】

１．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／７Ｅ１１　Ｆａｂ複合体を２０ｍｇ／ｍｌに濃縮し、０．２Ｍリン酸二水素カリウムおよび２０％ＰＥＧ３３５０中で結晶化した；

【０５８６】

２．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／７Ｅ１１　Ｆａｂ複合体結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝１０５．７５、ｂ＝１０５．７５、ｃ＝１９３．７５Åおよびγ＝１２０．０°を有するＰ６２２２空間群中で成長させ、２．０Å分解能に回折する；

【０５８７】

３．　データセットをＸＤＳ／ＣＣＰ４により処理した；
【０５８８】
４．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／７Ｅ１１　Ｆａｂ複合体構造を、プログラムＰｈａｓｅｒにより分子置換によって解明した；および
【０５８９】
５．　構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒ＝２１．４／Ｒｆｒｅｅ＝２６．９に改善した。
【０５９０】
Ｅ．４Ｈ６を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造
本実施例は、４Ｈ６のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示し、２．６Å分解能まで決定した（これらの条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載されている）。図２９および３０に示したこの構造は、４Ｈ６がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、炭水化物結合ループの立体構造再編成が起こり、炭水化物結合ループのリガンド（すなわち炭水化物）との結合／相互作用を損なうことを示す。これは、４Ｈ６　ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を間接的に阻害することを実証する。
【０５９１】
また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との４Ｈ６の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを４Ｈ６タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｋ１９９、Ｑ２０２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｐ２３８、Ｄ２６１、Ｒ２６３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０５９２】
また、この構造を、４Ｈ６との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は４Ｈ６タンパク質から５－８ÅであるＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｒ１６３、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｈ２０３、Ｐ２０７、Ｄ２２８、Ｅ２３０、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｄ２６０、Ｇ２６２、Ｗ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０５９３】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア４Ｈ６アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である４Ｈ６残基と定義した。コア４Ｈ６重鎖残基には、Ｙ３３、Ｈ３５、Ｗ５０、Ｈ５２、Ｓ５５、Ｇ５７、Ｔ５８、Ｎ５９、Ｄ９９、Ｇ１００、Ｔ１０１、Ｓ１０２が含まれ、コア４Ｈ６軽鎖残基には、Ｑ２７、Ｗ３２、Ａ９１、Ｎ９２、Ｓ９３、Ｆ９４、Ｆ９６が含まれる。
【０５９４】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界４Ｈ６アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである４Ｈ６残基と定義した。境界４Ｈ６重鎖残基には、Ｄ３１、Ｙ３２、Ｌ３４、Ｗ４７、Ｉ５１、Ｎ５４、Ｇ５６、Ｙ６０、Ｑ６５、Ｓ１０３、Ｆ１０４が含まれ、境界４Ｈ６軽鎖残基には、Ｄ１、Ｉ２、Ｇ２８、Ｉ２９、Ｓ３０、Ｒ３１、Ｙ４９、Ｇ５０、Ｑ８９、Ｑ９０、Ｐ９５が含まれる。
【０５９５】
方法：
以下の変更を除いて、この実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：
１．　４Ｈ６　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により４Ｈ６　ｍＡｂを切断することによって生成した。
【０５９６】

【化７】

4H6 mAb 重鎖 (SEQ ID NO:32656):

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYYLHWVRQAPGQGLEWMGWIHPN
SGGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMGLSSLRSDDTAVYYCARDGTSSFDYWGQ
GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSD
EVDGGDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
KFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKA
LPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNG
QPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL
SLSPGHHHHHH

4H6 mAb 軽鎖 (SEQ ID NO:32657):

DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISRWLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSG
VPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAIYYCQQANSFPFTFGPGTKVDIKGTVAAPSVFI
FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTY
SLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

4H6 Fab 重鎖（切断後）(SEQ ID NO:32658):

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYYLHWVRQAPGQGLEWMGWIHPN
SGGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMGLSSLRSDDTAVYYCARDGTSSFDYWGQ
GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSD
EVD

4H6 Fab 軽鎖（切断後）(SEQ ID NO:32659):

DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISRWLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSG
VPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAIYYCQQANSFPFTFGPGTKVDIKGTVAAPSVFI
FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTY
SLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

【０５９７】

２．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／４Ｈ６　Ｆａｂ複合体を２０ｍｇ／ｍｌに濃縮し、０．２Ｍフッ化ナトリウム、０．１Ｍ　Ｂｉｓ　Ｔｒｉｓプロパンｐ８．５、２０％ＰＥＧ３３５０中で結晶化した；

【０５９８】

３．　データセットをＡＰＳシンクトロンのビームラインＩＤ２２において収集し、ＨＫＬ２０００／ＣＣＰ４により処理した；

【０５９９】

４．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／４Ｈ６　Ｆａｂ複合体結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝５７．２０、ｂ＝４３．５８、ｃ＝１３１．６５Åおよびβ＝９０．７°を有する$P12_11$空間群中で成長させ、２．６Å分解能に回折する；

【０６００】

５．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／４Ｈ６　Ｆａｂ複合体構造を、プログラムＰｈａｓｅｒを用いた分子置換によって解明した；および

【０６０１】

６．　構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒ＝１７．９／R_{free}＝２２．５に改善した。

【０６０２】

Ｆ．７２Ｇ９を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造

本実施例は、７２Ｇ９のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示し、２．５５Å分解能まで決定した（これらの条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載されている）。図３１ならびに３２Ａおよび３２Ｂに示したこの構造は、７２Ｇ９がＡＳＧ

Ｒ－１と結合／相互作用する場合、Ｆａｂ断片のＣＤＲ　Ｈ２ループが、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤとのリガンド（すなわち炭水化物）結合／相互作用を直接遮断するように見える。これは、７２Ｇ９　ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を直接的に阻害することを実証する。

【０６０３】

また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との７２Ｇ９の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを７２Ｇ９タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｄ２１６、Ｑ２１７、Ｎ２１８、Ｇ２１９、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｋ２３４、Ｗ２３６、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｐ２４１、Ｄ２４２、Ｄ２４３、Ｗ２４４、Ｙ２４５、Ｇ２４６、Ｌ２４９、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｇ２５２、Ｄ２５４、Ｑ２７０（（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０６０４】

また、この構造を、７２Ｇ９との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は７２Ｇ９タンパク質から５－８ÅのＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｈ２１５、Ｋ２２２、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｅ２５３、Ｃ２５５、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０６０５】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア７２Ｇ９アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である７２Ｇ９残基と定義した。コア７２Ｇ９重鎖残基には、Ｇ２６、Ｆ２７、Ｔ２８、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｓ３３、Ｓ５２、Ｇ５３、Ｓ５４、Ｓ５６、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｒ９８、Ｇ１００、Ｓ１０１、Ｒ１０２が含まれ、コア７２Ｇ９軽鎖残基には、Ｙ３２、Ｙ４９、Ｔ５０、Ｑ５５、Ｓ９１、Ｈ９２、Ｓ９３、Ｆ９４、Ｆ９６が含まれる。

【０６０６】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界７２Ｇ９アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである７２Ｇ９残基と定義した。境界７２Ｇ９重鎖残基には、Ｖ２、Ｆ２９、Ｎ３５、Ｓ５０、Ｔ５１、Ｓ５５、Ｉ５８、Ｒ７２、Ｇ９９、Ｇ１０３、Ｆ１０４、Ｄ１０５が含まれ、境界７２Ｇ９軽鎖残基には、Ｓ２８、Ｉ２９、Ｔ３０、Ｎ３３、Ｌ４６、Ｓ５３、Ｌ５４、Ｓ５６、Ｑ８９、Ｑ９０、Ｐ９５が含まれる。

【０６０７】

方法：

以下の変更を除いて、この実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：

【０６０８】

１．　７２Ｇ９　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により７２Ｇ９　ｍＡｂを切断することによって生成した。

【０６０９】

【化８】

72G9 mAb 重鎖 (SEQ ID NO:32660):

EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMNWVRQAPGKGLEWVSSISGSSSY
IYYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYFCARGGSRGFDPWGQGTLV
TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVDGG
DKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNW
YVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI
EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSP
GHHHHHH

72G9 mAb 軽鎖 (SEQ ID NO:32661):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSITSYLNWYQQKPGKAPKLLIYTASSLQSGV
PSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSHSFPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIF

PPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYS
LSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

72G9 Fab 重鎖（切断後）(SEQ ID NO:32662):

EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMNWVRQAPGKGLEWVSSISGSSSY
IYYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYFCARGGSRGFDPWGQGTLV
TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVD

72G9 Fab 軽鎖（切断後）(SEQ ID NO:32663):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSITSYLNWYQQKPGKAPKLLIYTASSLQSGV
PSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSHSFPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIF
PPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYS
LSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

【０６１０】

２．７２Ｇ９ Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ複合体を０．２Ｍ硫酸マグネシウム七水和物、２０％ＰＥＧ３３５０に濃縮した；

【０６１１】

３．ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ／７２Ｇ９ Ｆａｂ複合体結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝１００．９８、ｂ＝６４．９５、ｃ＝１００．６８Åおよびβ＝９６．４３°を有する$P2_1$空間群中で成長させ、２．５５Å分解能に回折する；

【０６１２】

４．データセットをＸＤＳ／ＣＣＰ４により処理した；

【０６１３】

５．ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ／７２Ｇ９ Ｆａｂ複合体構造を、プログラムＰｈａｓｅｒを用いた分子置換によって解明した；および

【０６１４】

６．構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒ＝２０．４／R_{free}＝２３．４に改善した。

【０６１５】

Ｇ．１９４Ａ４を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造

本実施例は、１９４Ａ４のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１ ＣＢＤの結晶構造を提示し、２．６Å分解能まで決定した（これらの条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載されている）。図３３および３４に示したこの構造は、１９４Ａ４がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、炭水化物結合ループの立体構造再編成が起こり、炭水化物結合ループのリガンド（すなわち炭水化物）との結合／相互作用を損なうことを示す。これは、１９４Ａ４ ＦａｂがＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ／リガンド結合を間接的に阻害することを実証する。

【０６１６】
また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との１９４Ａ４の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを１９４Ａ４タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｔ１９３、Ｓ１９４、Ｗ１９５、Ｅ１９６、Ｐ２２０、Ｗ２２１、Ｇ２２６、Ｔ２２７、Ｄ２２８、Ｙ２２９、Ｅ２３０、Ｔ２３１、Ｇ２３２、Ｆ２３３、Ｋ２３４、Ｎ２３５、Ｗ２３６、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｇ２５２（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０６１７】
また、この構造を、１９４Ａ４との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は１９４Ａ４タンパク質から５－８ÅであるＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｈ１６１、Ｅ１６２、Ｖ１９１、Ｖ１９２、Ｅ１９７、Ｑ１９８、Ｄ２１６、Ｇ２１９、Ｋ２２２、Ｗ２２３、Ｄ２２５、Ｒ２６３、Ｗ２６４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０６１８】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア１９４Ａ４アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である１９４Ａ４残基と定義した。コア１９４Ａ４重鎖残基には、Ｖ３１、Ｙ３２、Ｙ３３、Ｗ５０、Ｎ５２、Ｓ５５、Ｇ５７、Ｒ９８、Ｇ９９、Ｙ１００、Ｄ１０１、Ｉ１０２、Ｔ２０４が含まれ、コア１９４Ａ４軽鎖残基には、Ｖ２９、Ｓ３０、Ｉ３２、Ｙ３３、Ｌ４７、Ｙ５０、Ｒ５５、Ａ５６、Ｔ５７、Ｙ９４が含まれる。
【０６１９】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界１９４Ａ４アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである１９４Ａ４残基と定義した。境界１９４Ａ４重鎖残基には、Ｖ２、Ｙ２７、Ｔ３０、Ｌ３４、Ｎ３５、Ｐ５３、Ｎ５４、Ｇ５６、Ｔ５８、Ｎ５９、Ａ９７、Ｌ１０３、Ｇ１０５が含まれ、境界１９４Ａ４軽鎖残基には、Ｇ２８、Ｎ３１、Ｌ４８、Ｉ４９、Ｇ５１、Ｎ５４、Ｇ５８、Ｉ５９、Ｓ６８、Ｇ６９、Ｄ９３、Ｓ９５が含まれる。
【０６２０】
方法：
以下の変更を除いて、この実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：
【０６２１】
１．　１９４Ａ４　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により１９４Ａ４　ｍＡｂを切断することによって生成した。
【０６２２】
【化９】

194A4 mAb 重鎖 (SEQ ID NO:32664):
QVQLVQSGTEVKKPGASLKVSCKASGYTFTVYYLNWVRQAPGQGLEWMGWINPN
SGGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGYDILTGWGQG
TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDE
VDGGDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
KFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKA
LPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNG
QPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG
HHHHHH

194A4 mAb 軽鎖 (SEQ ID NO:32665):
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASRGVSNIYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASNRATG
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQHNDYSMFTFGPGTKVDIKRTVAAPSV
FIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDST
YSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

194A4 Fab 重鎖（切断後）(SEQ ID NO:32666):

QVQLVQSGTEVKKPGASLKVSCKASGYTFTVYYLNWVRQAPGQGLEWMGWINPN
SGGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGYDILTGWGQG
TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDE
VD

194A4 Fab 軽鎖（切断後）(SEQ ID NO:32667):

EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASRGVSNIYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASNRATG
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQHNDYSMFTFGPGTKVDIKRTVAAPSV
FIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDST
YSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

【０６２３】

２．　１９４Ａ４　Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体を１３．１ｍｇ／ｍＬに濃縮し、０．２Ｍ塩化ナトリウム、０．１Ｍ　ＭＥＳ　ｐＨ６．０、２０％ＰＥＧ２０００　ＭＭＥにより結晶化した；

【０６２４】

３．　データセットをＸＤＳ／ＣＣＰ４により処理した；

【０６２５】

４．　１９４Ａ４　Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝５２．２３、ｂ＝６６．４０、ｃ＝１７７．７５Åを有する$P2_12_12_1$空間群において成長させ、２．６Å分解能に回折する；

【０６２６】

５．　ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／１９４Ａ４　Ｆａｂ複合体構造を、プログラムＰｈａｓｅｒを用いた分子置換によって解明した；および

【０６２７】

６．構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒ＝２０．１／R_{free}＝２４．６に改善した。

【０６２８】

Ｈ．５４Ｅ９を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造

本実施例は、５４Ｅ９のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示し、２．６Å分解能まで決定した（これらの条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載されている）。図３５ならびに図３６Ａおよび図３６Ｂに示したこの構造は、５４Ｅ９がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、Ｆａｂ断片のＣＤＲ　Ｈ３ループが、ＡＳＧＲ－１ＣＢＤとの結合／相互作用からリガンド（すなわち炭水化物）を直接的に遮断するように見える。これは、５４Ｅ９　ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を直接的に阻害することを実証する。

【０６２９】

また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との５４Ｅ９の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを５４Ｅ９タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｗ１９５、Ｎ２０９、Ｎ２３５、Ｒ２３７、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｑ２４０、Ｄ２４２、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｄ２６１、Ｒ２６３、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｒ２７１、Ｙ２７３（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０６３０】

また、この構造を、５４Ｅ９との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は５４Ｅ９タンパク質から５－８ÅであるＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｑ１９８、Ｑ２０２、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｆ２３３、Ｗ２３６、Ｄ２４３、Ｅ２５３、Ｆ２５８、Ｇ２６２、Ｗ２６４、Ｄ２６６（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０６３１】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア５４Ｅ９アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である５４Ｅ９残基と定義した。コア５４Ｅ９重鎖残基には、Ｎ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｓ５２、Ｙ５４、Ｎ５５、Ｋ５９、Ｒ９８、Ｄ１００、Ｆ１０１、Ｗ１０２、Ｓ１０３、Ｇ１０４、Ｙ１０５、Ｋ１０７、Ｄ１１０が含まれ、コア５４Ｅ９軽鎖残基には含まれるものがない。
【０６３２】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界５４Ｅ９アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである５４Ｅ９残基と定義した。境界５４Ｅ９重鎖残基には、Ｖ２、Ｙ２７、Ｔ２８、Ｆ２９、Ｇ３３、Ｗ５０、Ａ５３、Ｇ５６、Ｎ５７、Ｈ９９、Ｙ１０６、Ｇ１０８が含まれ、境界５４Ｅ９軽鎖残基には、Ｎ３１、Ｙ５０、Ｖ５１、Ｑ５４が含まれる。
【０６３３】
方法：
以下の変更を除いて、この実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：
【０６３４】
１．　５４Ｅ９　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により５４Ｅ９　ｍＡｂを切断することによって生成した。
【０６３５】
【化１０】

54E9 mAb 重鎖 **(SEQ ID NO:32668):**
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGISWVRLAPGQGLEWMGWISAYN
GNTKNAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARHDFWSGYYKGM
DVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNS
GALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEP
KSCGSDEVDGGDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVS
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKC
KVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAV
EWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN
HYTQKSLSLSPGHHHHHH

54E9 mAb 軽鎖 **(SEQ ID NO: 32669):**
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSNSNIGNNIVTWYQQLPGTAPKLLIYVNDQRPSG
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGWVFGGGTTLTVLGQPK
AAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQ
SNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

54E9 Fab 重鎖（切断後）**(SEQ ID NO:32670):**
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGISWVRLAPGQGLEWMGWISAYN
GNTKNAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARHDFWSGYYKGM
DVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNS
GALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEP
KSCGSDEVD

54E9 Fab 軽鎖（切断後）**(SEQ ID NO:32671):**
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSNSNIGNNIVTWYQQLPGTAPKLLIYVNDQRPSG
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGWVFGGGTTLTVLGQPK
AAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQ
SNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

【０６３６】
１．　５４Ｅ９　Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体を１４．８ｍｇ／ｍＬに濃縮し、０．２Ｍ塩化マグネシウム六水和物、２０％ＰＥＧ３３５０により結晶化した；

【０６３７】
２．　データセットをＸＤＳ／ＣＣＰ４により処理した；
【０６３８】
３．　５４Ｅ９　Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体結晶を、非対称単位当たり１つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝６４．６６、ｂ＝４１．６５、ｃ＝２２４．５９Åおよびβ＝９７．６０°を有するＩ２空間群において成長させ、２．６Å分解能に回折する；
【０６３９】
４．　５４Ｅ９　Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体構造を、プログラムＰｈａｓｅｒを用いた分子置換によって解明した；および
【０６４０】
５．構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒ＝１９．１／Ｒｆｒｅｅ＝２５．９に改善した。
【０６４１】
Ｉ．２１８Ｇ４を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造
本実施例は、２１８Ｇ４のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示し、２．４Å分解能まで決定した（これらの条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載されている）。図３７および３８に示したこの構造は、２１８Ｇ４がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、これがリガンド（例えば炭水化物）と結合するその能力を損なうことを示す。これは、２１８Ｇ４　ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を直接的に阻害することを実証する。
【０６４２】
また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との２１８Ｇ４の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを２１８Ｇ４タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ａ１７４、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｈ２５７、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０６４３】
また、この構造を、２１８Ｇ４との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は２１８Ｇ４タンパク質から５－８ÅであるＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｗ１７５、Ｄ１７７、Ｙ１８１、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０６４４】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア２１８Ｇ４アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である２１８Ｇ４残基と定義した。コア２１８Ｇ４重鎖残基には、Ｑ１、Ｖ２、Ｆ２７、Ｓ３０、Ｓ３１、Ｙ３２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｗ９９、Ｙ１００、Ｙ１０１、Ｙ１０２が含まれ、コア２１８Ｇ４軽鎖残基には、Ｙ３３、Ｙ５０、Ｄ５１、Ｎ５３、Ｋ５４、Ｓ５７が含まれる。
【０６４５】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界２１８Ｇ４アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである２１８Ｇ４残基と定義した。境界２１８Ｇ４重鎖残基には、Ｇ２６、Ｔ２８、Ｆ２９、Ｇ３３、Ｗ５２、Ｇ５５、Ｒ７２、Ｎ７４、Ｎ９８、Ｙ１０３、Ｙ１０４、Ｄ１０７、Ｖ１０８が含まれ、境界２１８Ｇ４軽鎖残基には、Ｖ３４、Ｓ５２、Ｒ５５、Ｐ５６、Ｇ５８、Ｇ６５が含まれる。
【０６４６】
ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／ＧａｌＮＡｃ結晶構造複合体についての座標を表１０．３に提示する。
【０６４７】

方法：
以下の変更を除いて、この実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：
【０６４８】
１．　２１８Ｇ４　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により２１８Ｇ４　ｍＡｂを切断することによって生成した。
【０６４９】
【化１１】
218G4 mAb 重鎖 (SEQ ID NO:32672):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGLHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKY
YADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRVEDTAVYYCANWYYYYYGMDVWGQGTTVTV
SSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVDGGDKTHTCPPCPA
PELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPR
EEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPP
SREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDK
SRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGHHHHHH

218G4 mAb 軽鎖 (SEQ ID NO: 32673):

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLLYDSNKRPSGIPARF
SGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSSLNTVVFGGGTKLTVLSQPKAAPSVTLFPPS
SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTP
EQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

218G4 Fab 重鎖（切断後）(SEQ ID NO: 32674):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGLHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKY
YADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRVEDTAVYYCANWYYYYYGMDVWGQGTTVTV
SSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVD

218G4 Fab 軽鎖（切断後）:

２１８Ｇ４　ｍＡｂ軽鎖と同じ配列
【０６５０】
１．　２１８Ｇ４　Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体を１６．４ｍｇ／ｍＬに濃縮し、０．１Ｍ　Ｔｒｉｓ　ｐＨ８および１．６Ｍ硫酸リチウムにより結晶化した；
【０６５１】
２．　データセットを、Ａｒｇｏｎｎｅ　Ｎａｔｉｏｎａｌ　ＬａｂｏｒａｔｏｒｙにてビームラインＩＤ２２における単結晶から収集し、ＸＤＳ／ＣＣＰ４により処理した；
【０６５２】
３．　２１８Ｇ４　Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体結晶を、非対称単位当たり２つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝１３７．２４、ｂ＝２４５．２６、ｃ＝１１８．９１Åを有するＣ２２２空間群において成長させ、２．６Å分解能に回折する；
【０６５３】
４．　２１８Ｇ４　Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ複合体構造を、プログラムＰｈａｓｅｒを用いた分子置換によって解明した；および

【０６５４】
５．　構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒｆａｃｔｏｒ＝１８．４／Ｒｆｒｅｅ＝２１．６に改善した。
【０６５５】
Ｊ．１７６Ｈ４を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造
本実施例は、１７６Ｈ５のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１　ＣＢＤの結晶構造を提示し、２．３Å分解能まで決定した（これらの条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載されている）。図３９および図４０に示したこの構造は、１７６Ｈ４がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、これがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤによってリガンド（例えば炭水化物）結合を遮断するように見え、１７６Ｈ４抗体のパラトープは炭水化物結合ポケットの上部に直接位置する。これは、１７４Ｈ４　ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を直接的に阻害することを実証する。
【０６５６】
また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との１７６Ｈ４の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを１７６Ｈ４タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｋ１７３、Ａ１７４、Ｄ１７７、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｒ２３７、Ｑ２４０、Ｗ２４４、Ｇ２４６、Ｈ２４７、Ｇ２４８、Ｌ２４９、Ｅ２５３、Ｈ２５７、Ｔ２５９、Ｄ２６０、Ｎ２６５、Ｄ２６７、Ｑ２７０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０６５７】
また、この構造を、１７６Ｈ４との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は１７６Ｈ４タンパク質から５－８ÅであるＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｓ１６９、Ｗ１７５、Ａ１７６、Ａ１７８、Ｔ２１０、Ｗ２１１、Ｗ２３６、Ｐ２３８、Ｅ２３９、Ｄ２４２、Ｙ２４５、Ｇ２５０、Ｇ２５１、Ｆ２５８、Ｄ２６１、Ｇ２６２、Ｒ２６３、Ｗ２６４、Ｄ２６６、Ｖ２６８、Ｃ２６９、Ｗ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。
【０６５８】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア１７６Ｈ４アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である１７６Ｈ４残基と定義した。コア１７６Ｈ４重鎖残基には、Ｓ３１、Ｗ５２、Ｙ５３、Ｄ５４、Ｙ５７、Ｙ５９、Ｄ１０２、Ｆ１０３、Ｗ１０４が含まれ、コア１７６Ｈ４軽鎖残基には、Ｈ３１、Ｇ３２、Ｄ３３、Ｇ３４、Ｋ３５、Ｙ３７、Ｉ９７、Ｑ９８、Ｉ９９が含まれる。
【０６５９】
ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界１７６Ｈ４アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである１７６Ｈ４残基と定義した。境界１７６Ｈ４重鎖残基には、Ｔ２８、Ｓ３０、Ｙ３２、Ｇ３３、Ｗ４７、Ｉ５０、Ｉ５１、Ｓ５６、Ｋ５８、Ｙ６０、Ｋ６５、Ｄ９９、Ｈ１０１、Ｓ１０５、Ｇ１０６が含まれ、境界１７６Ｈ４軽鎖残基には、Ｉ２、Ｑ２７、Ｓ２８、Ｌ２９、Ｌ３０、Ｔ３６、Ｅ５５、Ｑ９５、Ｓ９６、Ｐ１００、Ｗ１０１が含まれる。
【０６６０】
方法：
以下の変更を除いてこの実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：
【０６６１】
１．　１７６Ｈ４　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により１７６Ｈ４　ｍＡｂを切断することによって生成した。
【０６６２】

【化１２】

176H4 mAb 重鎖 (SEQ ID NO:32675):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWYDG
SYKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMSSLRAEDTAVYYCARDAHDFWSGYFAY
WGQGALVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSC
GSDEVDGGDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHE
DPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKV
SNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW
ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYT
QKSLSLSPGHHHHHH

176H4 mAb 軽鎖 (SEQ ID NO: 32676):

DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHGDGKTYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSN
RFSGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQSIQIPWTFGQGTRVEIKRTVA

APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDS
KDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

176H4 Fab 重鎖(切断後) (SEQ ID NO:32677):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWYDG
SYKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMSSLRAEDTAVYYCARDAHDFWSGYFAY
WGQGALVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSC
GSDEVD

176H4 Fab 軽鎖(切断後):

１７６Ｈ４ ｍＡｂ軽鎖と同じ配列

【０６６３】

１． １７６Ｈ４ Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ複合体を１４．９ｍｇ／ｍＬに濃縮し、０．２Ｍ硝酸ナトリウム、２０％ＰＥＧ３３５０により結晶化した；

【０６６４】

２． データセットを、Ａｒｇｏｎｎｅ Ｎａｔｉｏｎａｌ ＬａｂｏｒａｔｏｒｙにてビームラインＩＤ２２における単結晶から収集し、ＸＤＳ／ＣＣＰ４により処理した；

【０６６５】

３． １７６Ｈ４ Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ複合体結晶を、非対称単位当たり２つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝６８．３１、ｂ＝１２６．３１、ｃ＝１３４．１３Åおよびβ＝１０１．６°を有するＩ１２１空間群において成長させ、２．３Å分解能に回折する；

【０６６６】

４． １７６Ｈ４ Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ複合体構造を、プログラムＰｈａｓｅｒを用いた分子置換によって解明した；および

【０６６７】

５． 構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒｆａｃｔｏｒ＝１７．９／Ｒｆｒｅｅ＝２３．３に改善した。

【０６６８】

Ｋ．１９４Ｃ１０を有するＡＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ）の結晶構造

本実施例は、１９４Ｃ１０のＦａｂ断片に結合したＡＳＧＲ－１ ＣＢＤの結晶構造を提示し、２．６Å分解能まで決定した（これらの条件はこの実施例の上記の段落Ｂに記載されている）。図４１および図４２に示したこの構造は、１９４Ｃ１０がＡＳＧＲ－１と結合／相互作用する場合、これが炭水化物結合ループの立体構造再編成を誘導する可能性があり、それによりＡＳＧＲ－１ ＣＢＤのリガンド（例えば炭水化物）との結合を損ない、そして、１９４Ｃ１０ Ｆａｂのパラトープを有するＡＳＧＲ－１ ＣＢＤによるリガ

ンド（例えば炭水化物）結合を遮断する可能性が高い。これらのデータは、１７４Ｈ４ＦａｂがＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／リガンド結合を直接的および／または間接的に阻害し得ることを示す。

【０６６９】

また、示した構造により、ＡＳＧＲ－１との１９４Ｃ１０の相互作用界面についての特定のコアＡＳＧＲアミノ酸残基を同定することができる。これを１９４Ｃ１０タンパク質から５Å以内である残基と定義した。コア残基は以下の通りである：Ｎ１５７、Ｒ１７０、Ｓ１７１、Ｇ１７２、Ｑ２０２、Ｈ２０３、Ｈ２０４、Ｉ２０５、Ｇ２０６、Ｐ２０７、Ｖ２０８、Ｎ２０９、Ｔ２１０、Ｄ２６０、Ｒ２７１、Ｐ２７２、Ｙ２７３、Ｒ２７４（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０６７０】

また、この構造を、１９４Ｃ１０との相互作用界面についての境界ＡＳＧＲ－１アミノ酸残基を同定するために使用した。これらの残基は１９４Ｃ１０タンパク質から５－８ÅであるＡＳＧＲ－１残基であった。境界残基は以下の通りである：Ｖ１５６、Ｗ１５８、Ｖ１５９、Ｈ１６１、Ｗ１６７、Ｆ１６８、Ｓ１６９、Ｋ１７３、Ｋ１９９、Ｆ２００、Ｖ２０１、Ｗ２１１、Ｒ２３７、Ｈ２５７、Ｆ２５８、Ｔ２５９、Ｄ２６１、Ｄ２６７、Ｖ２６８、Ｑ２７０、Ｗ２７５（ＳＥＱ　ＩＤ　ＮＯ：５）。

【０６７１】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の特定のコア１９４Ｃ１０アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５Å以内である１９４Ｃ１０残基と定義した。コア１９４Ｃ１０重鎖残基には、Ｒ３０、Ｙ３１、Ｙ３３、Ｅ５０、Ｓ５４、Ｓ５６、Ｎ５８、Ｄ９８、Ｙ９９、Ｇ１００が含まれ、コア１９４Ｃ１０軽鎖残基には、Ｎ３０、Ｓ３１、Ｙ３３、Ｆ５０、Ｓ５４、Ｓ６８、Ｙ９２、Ｅ９３、Ｗ９７が含まれる。

【０６７２】

ＡＳＧＲ－１との相互作用界面の境界１９４Ｃ１０アミノ酸残基を、ＡＳＧＲ－１タンパク質から５－８Åである１９４Ｃ１０残基と定義した。境界１９４Ｃ１０重鎖残基には、Ｓ２８、Ｙ３２、Ｗ３４、Ｓ３５、Ｗ４７、Ｇ４９、Ｉ５１、Ｓ５２、Ｈ５３、Ｇ５５、Ｔ５７、Ｒ９７、Ａ１０１、Ｆ１０２、Ｄ１０３が含まれ、境界１９４Ｃ１０軽鎖残基には、Ｓ２８、Ｖ２９、Ｇ３２、Ｌ４７、Ｇ５１、Ａ５２、Ｓ５３、Ｒ５５、Ａ５６、Ｇ６９、Ｑ９０、Ｑ９１、Ｓ９４、Ｓ９５が含まれる。

【０６７３】

ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ／ＧａｌＮＡｃ結晶構造複合体についての座標を表１０．４に提示する。

【０６７４】

方法：

以下の変更を除いて、この実施例の上記の部分Ｂに記載されているものと同じ方法に従った：

【０６７５】

１．　１９４Ｃ１０　Ｆａｂ断片を、カスパーゼ３により１９４Ｃ１０　ｍＡｂを切断することによって生成した。

【０６７６】

【化１３】

194C10 mAb 重鎖 (SEQ ID NO:32678):
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVSGGSFRYYYWSWIRQPPGKGLEWFGEI
NHAGSTNYNPSLKSRVTISIDTSKNQFSLKLRSVTAADTAVYYCARDYGAFDIWGQG
TMVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCG
194C10 mAb 軽鎖 (SEQ ID NO:32679):
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASPSVNSGYLAWYQQKPGQTPRLLIFGASSRATGI
PDRFSASGSGADFTLTISRLEPEDFAVYFCQQYESSPWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFI
FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTY
SLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC*
194C10 Fab 重鎖(切断後) (SEQ ID NO:32680):

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVSGGSFRYYYWSWIRQPPGKGLEWFGEINHAGS
TNYNPSLKSRVTISIDTSKNQFSLKLRSVTAADTAVYYCARDYGAFDIWGQGTMVT
VSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGSDEVD
194C10 Fab 軽鎖(切断後):

１９４Ｃ１０ ｍＡｂ軽鎖と同じ配列

【０６７７】

１． １９４Ｃ１０ Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ複合体を１３．６ｍｇ／ｍＬに濃縮し、０．２Ｍ硫酸アンモニウム、０．１Ｍ Ｔｒｉｓ ｐＨ７．５、２０％ＰＥＧ５０００ＭＭＥにより結晶化した；

【０６７８】

２． データセットを、Ａｒｇｏｎｎｅ Ｎａｔｉｏｎａｌ ＬａｂｏｒａｔｏｒｙにてビームラインＩＤ２２における単結晶から収集し、ＸＤＳ／ＣＣＰ４により処理した；

【０６７９】

３． １９４Ｃ１０ Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ複合体結晶を、非対称単位当たり２つの複合体分子を用いて格子乗数ａ＝６５．６２、ｂ＝１３０．４４、ｃ＝８５．９３Åおよびβ＝１１１．６°を有する$P12_11$空間群において成長させ、２．６Å分解能に回折する；

【０６８０】

４． １９４Ｃ１０ Ｆａｂ／ＡＳＧＲ－１ ＣＢＤ複合体構造を、プログラムＰｈａｓｅｒを用いた分子置換によって解明した；および

【０６８１】

５． 構造を、Ｃｏｏｔ[3]によるモデル構築およびＰｈｅｎｉｘ[4]による改良の複数ラウンドにより、最終Ｒｆａｃｔｏｒ＝１７．１／Ｒｆｒｅｅ＝２２．８に改善した。

【０６８２】

Ｌ．ＧａｌＮＡｃ、ＡＳＧＲ－１および特定の抗体の間の相互作用

７２Ｇ９／ＡＳＧＲ－１複合体の構造（上記の項目Ｇ）を、ＡＳＧＲ－１／リガンド（ＧａｌＮａｃ）構造（上記の項目Ａ）上に重ねた。この組合せの結果を図３１Ｂに示す。また、５４Ｅ９／ＡＳＧＲ－１複合体の構造（上記の項目Ｉ）をも、ＡＳＧＲ－１／リガンド（ＧａｌＮａｃ）構造（上記の項目Ａ）上に重ねた。この組合せの結果を図３５Ｂに示す。２１８Ｇ４／ＡＳＧＲ－１複合体の構造（上記の項目Ｊ）を、ＡＳＧＲ－１／リガンド（ＧａｌＮａｃ）構造（上記の項目Ａ）上に重ねた。この組合せの結果を図３８に示す。１７６Ｈ４／ＡＳＧＲ－１複合体の構造（上記の項目Ｋ）を、ＡＳＧＲ－１／リガンド（ＧａｌＮａｃ）構造（上記の項目Ａ）上に重ねた。この組合せの結果を図４０に示す。これらの図は、リガンド、例えばＧａｌＮａｃとの ＡＳＧＲ－１相互作用を阻害するように有益に標的化され得るＡＳＧＲ－１上の領域を実証する。これらの図は、７２Ｇ９、５４Ｅ９、２１８Ｇ４および１７６Ｈ４が、リガンド（例えばＧａｌＮＡｃ）との結合に

特異的に関与するアミノ酸残基のサブセットと直接相互作用することを示す。

【０６８３】

上記に示したように、結晶構造の解析により、ＡＳＧＲ－１とパートナータンパク質（ＡＳＧＲ－１表面上のコアおよび界面の境界領域）との間の相互作用に関与する特定のアミノ酸およびＡＳＧＲ－１と相互作用するこれらのパートナータンパク質の空間要件を同定した。この構造により、ＡＳＧＲ－１とリガンド、ＧａｌＮＡｃとの間の相互作用を阻害する手段が示唆される。第１に、上記に示したように、薬剤がＧａｌＮＡｃのようなリガンドの結合部位と共通する残基を共有する場合、この薬剤をＡＳＧＲ－１と結合することにより、ＡＳＧＲ－１とリガンドとの間の相互作用を阻害する。第２に、共通する残基の外側で結合する薬剤は、ＡＳＧＲ－１とリガンドとの間の相互作用を阻止するためにリガンドに対してＮ末端またはＣ末端のいずれかであるリガンドを立体的に妨げることができる。

【０６８４】

一部の実施形態では、両方のリガンド結合に関与し、上記に示した抗原結合性タンパク質が結合する領域に近接している残基は、リガンドとのＡＳＧＲ－１結合を遺伝子操作するのに特に有用である。例えば、異なる結合パートナーについてのコア領域および境界領域の両方に共通する界面からのアミノ酸残基を以下の表１０．５に列挙する。

【０６８５】

【表３０】

表10.5

パラメーター	アミノ酸位置
両方 5Å未満の 72G9/GalNAc	Q240, D242, W244
5Å未満の 72G9/GalNAc 5-8Å	E239, P241, D243, Y245, G246, G252
5-8Åにおける 72G9/5Å未満の GalNAc	R237, E253
両方 5-8Åにおける 72G9/GalNAc	P238, H247, C255, V268
両方 5Å未満の 54E9/GalNAc	N209, R237, Q240, D242, H257, T259, N265, D267, Y273
5Å未満の 54E9/GalNAc 5-8Å	P238, E239, D260, R263, R271
5-8Åにおける 54E9/5Å未満の GalNAc	E253, D266
両方 5-8Åにおける 54E9/GalNAc	D243, F258, W264
両方 5Å未満の 218G4/GalNAc	N209, H257, N265, D267, Y273
5Å未満の 218G4/GalNAc 5-8Å	D260, R271
5-8Åにおける 218G4/5Å未満の GalNAc	R237, T259, D266
両方 5-8Åにおける 218G4/GalNAc	F258, V268
両方 5Å未満の 176H4/GalNAc	N209, R237, Q240, W244, E253, H257, T259, N265, D267, Y273
5Å未満の 176H4/GalNAc 5-8Å	G246, H247, D260, R271
5-8Åにおける 176H4/5Å未満の GalNAc	D266
両方 5-8Åにおける 176H4/GalNAc	P238, E239, Y245, F258, R263, W264, V268

【０６８６】

当業者によって理解されるように、一部の実施形態では、抗原結合性タンパク質は、上記に示した残基の少なくとも１つと結合し、そして／またはこれを遮断する。

【０６８７】

図（例えば図１９－４２）および／または座標から構造上のこれらの対応する位置に示したＡＳＧＲ－１の構造の関連領域または残基（ＧａｌＮＡｃのようなリガンドまたは抗体がＡＳＧＲ－１と相互作用する場所から１５、１５－８、８、８－５、５またはこれ未満のオングストローム内のこれらの領域または残基を含む）と相互作用する抗原結合性タンパク質および分子もまた、意図される。

【０６８８】

実施例１１

ＡＳＧＲ－１特異的抗体の結合親和性の決定

ＡＳＧＲ－１に対する特異的抗体（ハイブリドーマ上清から精製したまたは組換えにより作製した）の結合親和性を定量するために、会合および解離速度を、ＦｏｒｔｅＢｉｏ Ｏｃｔｅｔ機器を使用して測定することができる。抗体は、２ｎｍに近接するレベルを負荷するためにＡＲ２Ｇチップに共有結合しており、次いで典型的には、３点または６点希釈系列のいずれかにより３０ｎＭにて開始する３倍段階希釈系列において、可溶性ヒトＡ

ＳＧＲ－１炭水化物結合ドメイン（ＣＢＤ；アミノ酸残基１５４－２８１；Ｎ末端６ｘＨｉｓタグ）に結合した。実験的速度論の結果を、会合および解離速度定数ならびに平衡解離定数を決定するために、１：１結合モデルに全体的に適合した。会合および解離時間を、曲率が会合曲線の間に存在することを確実にするように選択し、開始レベルから少なくとも５％低下した解離レベルを測定した。全てのＯｃｔｅｔ緩衝液は、１０ｍＭ　Ｔｒｉｓ（ｐＨ７．５）、１５０ｍＭ　ＮａＣｌ、１ｍＭ　$CaCl_2$、０．１０ｍｇ／ｍｌ　ＢＳＡおよび０．１３％Ｔｒｉｔｏｎ　Ｘ－１００を含有した。Ｏｃｔｅｔアッセイを、２７℃にて実施した。このアッセイは、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤとの結合を測定するだけであるので、ＣＢＤの外側で部分的もしくは完全にエピトープを認識するおよび／またはネイティブＡＳＧＲ複合体の構造においてＡＳＧＲ－１を認識する抗体は、例えば細胞膜上に生じ得るので、このアッセイにおいて陽性と記録することはできない。表１１．１において、代表的な抗体について提供されたデータ。

【０６８９】

【表３１】

表 **11.1:**

Ab名称	Octet結合 K_D (nM)	Ab名称	Octet結合 K_D (nM)
4H6	4.8	194A4	0.7
4B1	>30	194C1	1.3
4A2	0.06	194C10	4
5E5	7.6	197G3	0.8
6G7	2.0	198D2	>30
7G4	0.9	198G3	0.04
7F4	1.2	202A3	>30
7E11	1.6	218G4	2.6
12D2	>30	4A2.001	0.06
22G5	1.4	4A2.001.003	0.04
25A4	0.03	4A2.001.004	0.03
26C4	0.4	4A2.001.005	0.02
29H8	1.0	4A2.001.010	0.04
48B12	0.3	4A2.001.012	0.04
54E9	>30	25A4.001	0.06
56E5	0.5	25A4.001.021	0.04
72G9	0.5	4H6.009	0.28
75G3	1.0	7E11.001	0.71
176H4	0.8	7E11.001.005	0.42
184E7	0.3	7E11.001.007	0.62
190F8	0.6	5E5.016	1.46
191G1	2.4	5E5.019	1.80
191G10	0.5	5E5.005	2.00
193E7	3.5		

【０６９０】

実施例１２

ＣＨＯ－Ｓ：ｈｕＡＳＧＲ－１細胞結合アッセイ

ＣＨＯ－Ｓ安定高発現細胞株を、ヒトＡＳＧＲ－１およびマウスＡＳＧＲ－１の両方について開発した。典型的な３８４ウェルプレートマルチプレックスフローサイトメトリーベースの細胞結合法を、以下のように記載する：親ＣＨＯ－Ｓ細胞およびＣＨＯ－Ｓ：ｈｕＡＳＧＲ－１細胞のそれぞれを、ＣｅｌｌＴｒａｃｅ　ＣＦＳＥ　Ｃｅｌｌ　Ｐｒｏｌｉ

ｆｅｒａｔｉｏｎ Ｋｉｔ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒカタログ番号Ｃ３４５５４）およびＣｅｌｌＴｒａｃｅ Ｖｉｏｌｅｔ Ｃｅｌｌ Ｐｒｏｌｉｆｅｒａｔｉｏｎ Ｋｉｔ（ＴｈｅｒｍｏＦｉｓｈｅｒカタログ番号Ｃ３４５５７）を使用して標識化した。ＣＨＯ－Ｓ：ｍｕＡＳＧＲ－１については、標識化しなかった。４℃にて２０ｕｌの細胞を３８４ウェルプレートの２連のウェルに加えた。３つ全ての細胞株（３０Ｋ細胞／ウェル）由来の細胞を、等しく混合した。次いで２０ｕｌのＡＳＧＲ－１抗体（ハイブリドーマ上清から精製したまたは組換えにより作製した）を、１００ｎＭにて開始する１：２倍段階希釈を使用して１１点用量反応において加えた。細胞および抗体を４℃にて３０分間インキュベートし、次いで沈降させ、１ｍＭ ＣａＣｌ２を含有するＦＡＣＳ緩衝液により２回洗浄した。次いで３０ｕｌの抗ｈｕＩｇＧ－ＡＰＣ二次抗体を、４℃にて３０分間、１：１０００希釈）にて加え、次いで同じ緩衝液により１回洗浄した。６０ｕｌのＰＩ（１：１０００）を加え、次いで細胞をコアフローサイトメトリー機器により読み取った。細胞をまず生細胞についてゲートし、次いで単一細胞についてゲートし、最後に細胞染料についてゲートして、混合細胞を３つの異なる細胞集団に分けた。各抗体濃度にて各抗体の結合プロファイルを表すシグナル対計数のヒストグラムを、結合シグナルの中央値について自動的に解析し、次いで結合グラフを、Ｙ軸上の２連のウェルからの中央値シグナルの標準偏差と共にＸ軸上のｎＭにおけるｌｏｇ１０抗体濃度により作製した。結合曲線を、標準的な４パラメーターＳ字状結合曲線に適合し、ＥＣ５０を全てのグラフについて全曲線により報告した。表１２．１において代表的な抗体について提供されたデータ。

【０６９１】

【表３２】

表 **12.1:**

Ab名称	細胞結合 EC50 (nM)	Ab名称	細胞結合 EC50 (nM)
4H6	1.70	56E5	1.1
4B1	4.1	72G9	0.41
4A2	0.82	75G3	1
4A2.001	1.8	176H4	1
5E5	3.80	184E7	1
6G7	0.6	190F8	9
7G4	0.69	191G1	0.16
7F4	5.40	191G10	0.31
7E11	1.40	193E7	0.13
7E11.001	3.2	194A4	25
12D2	3.2	194C1	0.11
22G5	7.2	194C10	0.56
25A4	1.6	197G3	0.25
25A4.001	1.2	198D2	0.14
26C4	11	198G3	0.21
29H8	1.9	202A3	0.8
48B12	38	218G4	2.2
54E9	5		

【０６９２】

ヒトＡＳＧＲ－２について、Ｃ末端Ｈｉｓタグ化ヒトＡＳＧＲ－２を発現するＣＨＯ－Ｓ安定細胞を、コールドフロー緩衝液（ｃｏｌｄ ｆｌｏｗ ｂｕｆｆｅｒ）（１０ｍＭ Ｔｒｉｓ、ｐＨ７．５、１３７ｍＭ ＮａＣｌ、１ｍＭ ＣａＣｌ２および２％ウシ胎仔血清）中に再懸濁し、１つのウェル当たり１．５×１０ｅ６個の細胞を、８０ｕｌの体積に

おいて９６ウェル、ｖ底プレートに加えた。次いで４００ｎＭにて８０ｕｌの抗体を、各ウェルに加えた。３０分間氷上でのインキュベーション後、細胞を１４００ｒｐｍにて３分間遠心分離し、次いでコールドフロー緩衝液中で２回洗浄した。次いで細胞を１２０ｕｌの抗ヒトＩｇＧ－ＡＰＣ（フロー緩衝液中で１：１０００に希釈した）中に再懸濁し、氷上で３０分間インキュベートし、遠心分離し、以前のように２回洗浄し、２００ｕｌのコールドフロー緩衝液中に再懸濁し、次いでＢＤ－ＬＳＲ　ＩＩフローサイトメトリーにおいて解析した。図４３において抗体７Ｆ４について提供されたデータ。

【０６９３】

実施例１３

ＣＨＯ－Ｓ：ｈｕＡＳＧＲ－１リガンド遮断アッセイ

次いでヒトまたはマウスＡＳＧＲ－１安定ＣＨＯ－Ｓ細胞のいずれかに結合した全てのＡＳＧＲ－１抗体を、タンパク質リガンドおよび合成糖リガンドの両方を使用してリガンド遮断について試験した。簡潔に述べるとこの方法は以下の通りである：第１に、２０ｕｌのＣＨＯ－ＳｈｕｍａｎまたはマウスＡＳＧＲ－１細胞のいずれかを３８４ウェルプレートのウェル（３０ｋ細胞／ウェル）に加え、続いて回転させ、上清を捨てた。第２に、１０ｕｌの抗体（ハイブリドーマ上清から精製したまたは組換えにより作製した）を希釈系列（２００ｎＭの最大濃度、１：２段階希釈、１１点曲線）において細胞に２連で加え、４℃にて３０分間インキュベートした。第３に、１０ｕｌの最小限のビオチン化リガンドを２倍のこれらの結合ＥＣ０５にて加え、それによりウェルは、１００ｎｍにて開始したＡｂおよびこれらのＥＣ５０におけるリガンドと共に最終２０ｕｌ体積を含有した。４℃にて３０分のインキュベーション後、プレートを回転させ、ＦＡＣＳ緩衝液＋１ｍＭＣａＣｌ２により２回洗浄し、続いて１：１０００希釈にてストレプトアビジン－ＡＦ６４７を検出した。４℃にて３０分後、細胞を回転させ、１回洗浄し、次いで６０ｕｌのＰＩを１：１０００希釈にて加え、プレートをコアフローサイトメトリー機器に送達した。プレートを読み取り、シグナルがここで阻害曲線を表しかつ典型的に増加した抗体濃度の機能を減少させることを除いて、細胞結合法と同様にプレートを処理した。ＩＣ５０ｎＭ効力および阻害％を報告した。脱シアル化、ビオチン化アシアロフェツイン（実施例９Ａを参照）およびビオチン化ＧａｌＮＡｃ－ＰＡＡ（Ｆｉｓｈｅｒ＃ＮＣ９０２４７５４）を、１０．７および５．４ｎＭの測定した結合ＥＣ５０を有するリガンドとして使用した。これらの２つのリガンドを遮断する抗体の能力の差は、例えば、各リガンドのＡＳＧＲ結合末端糖残基の数および／もしくは配向の差から生じる親和性、抗体と各リガンドとの間の立体障害の差ならびに／または各リガンドの結合を選択的に変化させる抗体結合によって誘導されるＡＳＧＲの立体構造の変化の結果として、起こり得る。表１３．１において代表的な抗体について提供されたデータ。

【０６９４】

【表３３】

表 13.1:

	リガンド遮断			
	bn-GalNAc-PAA		bn-アシアロフェツイン	
Ab名称	IC50 (nM)	阻害%	IC50 (nM)	阻害%
4H6	8.1	20%	12	85%
4B1	42	36%	64	75%
4A2	54	70%	11	99%
4A2.001	28	75	12	99
5E5	~200	0%	16	95%
6G7	~200	0%	11	99%
7G4	20	-30%	14	96%
7F4	0.24	30%	2.6	99%
7E11	40	37%	13	99%
7E11.001	~100	50	13	99
12D2	2.1	10%	10	20%
22G5	11	93%	3.4	99%
25A4	40	77%	11	99%
25A4.001	31	68	8.1	99
26C4	36	83%	6.6	99%
29H8	17	99%	7	99%
48B12	86	94%	19	99%
54E9	100	19%	50	75%
56E5	45	99%	23	99%
72G9	24	20%	53	20%
75G3	115	99%	29	99%
176H4	73	79%	59	99%
184E7	10	99%	23	99%
190F8	44	83%	34	98%
191G1	62	78%	24	99%
191G10	56	99%	27	99%
193E7	33	60%	30	99%
194A4	48	60%	57	99%
194C1	72	89%	34	99%
194C10	87	99%	30	99%
197G3	15	74%	29	90%
198D2	55	99%	22	99%
198G3	5	81%	26	99%
202A3	32	96%	16	98%
218G4	71	99%	28	99%

【０６９５】

実施例１４

ＡＳＧＲ－１特異的抗体最適化（化学的分解部位遺伝子操作）：

側鎖分解の高いリスクを有する可変ドメイン配列モチーフをＡＳＧＲ－１特異的抗体から遺伝子操作した。例えば、表６および７におけるＡＳＧＲ－１特異的抗体配列を参照。

【０６９６】

特定の高リスクモチーフには、（１）アスパラギン脱アミドの傾向があるＣＤＲ「ＮＧ」および「ＮＴ」配列、（２）アスパラギン酸異性化の傾向があるＣＤＲ「ＤＧ」、「ＤＨ」、「ＤＳ」および「ＤＴ」配列、（３）酸化の傾向があるＣＤＲ３トリプトファンが

含まれた。バイオインフォマティクスおよび構造解析を使用して、ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤに対する結合親和性を保持する可能性のある置換を同定した。典型的に、置換同定は生殖細胞配列から導き出したまたは配列関連ＡＳＧＲ－１　ＣＢＤ結合ｍＡｂから導き出した。次いでこれらの置換を、構造適合性を予測するためにソフトウェアＭＯＥ（ＣＣＧ）[1]を使用して未結合ｍＡｂのホモロジーモデルにモデル化した。バイオインフォマティクスまたは構造解析が明確な置換同定を提供しなかった場合に関して、親残基と化学的に類似した残基の種類を同定した。

【０６９７】

また、複数の配列アラインメントベースのペアワイズ残基共分散傾向[2]を乱す可変ドメイン配列モチーフをも、ＡＳＧＲ－１特異的抗体から遺伝子操作した。共分散バイオレーター（ｃｏｖａｒｉａｎｃｅ　ｖｉｏｌａｔｏｒ）についての置換同定を、分解部位を修正するために使用されるものと類似したハイブリッドバイオインフォマティクス／構造アプローチを使用して同定した。

【０６９８】

１．Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｏｐｅｒａｔｉｎｇ　Ｅｎｖｉｒｏｎｍｅｎｔ（ＭＯＥ）、２０１３年．０８；Ｃｈｅｍｉｃａｌ　Ｃｏｍｐｕｔｉｎｇ　Ｇｒｏｕｐ，Ｉｎｃ．、１０１０　Ｓｈｅｒｂｏｏｋｅ　Ｓｔ．Ｗｅｓｔ、Ｓｕｉｔ　＃９１０、Ｍｏｎｔｒｅａｌ、ＱＣ、Ｃａｎａｄａ、Ｈ３Ａ　２Ｒ７、２０１６年。

【０６９９】

２．Ｋａｎｎａｎ，Ｇ．　Ｍｅｔｈｏｄ　ｏｆ　Ｃｏｒｒｅｌａｔｅｄ　Ｍｕｔａｔｉｏｎａｌ　Ａｎａｌｙｓｉｓ　ｔｏ　Ｉｍｐｒｏｖｅ　Ｔｈｅｒａｐｅｕｔｉｃ　Ａｎｔｉｂｏｄｉｅｓ。２０１２年３月９日に出願された米国特許出願ＰＣＴ／ＵＳ２０１２／０２８５９６。

【０７００】

実施例１５

ペプチドアレイを使用したエピトープマッピング

カスタムペプチドマイクロアレイを、商業的に得た（ＰＥＰｐｅｒＰＲＩＮＴ　ＧｍｂＨ）。線形アレイを使用したエピトープマッピングのために、抗原（ＡＳＧＲ－１）を二重に印刷した２９１個の異なる重複する１５アミノ酸（ａａ）ペプチドに変換した（１つのアレイコピー当たり５８２個のペプチドスポット）。環化アレイを使用したエピトープマッピングのために、抗原（ＡＳＧＲ－１）を二重に印刷した８８８個の異なる重複する７ａａ、１０ａａおよび１３ａａペプチドに変換した（１つのアレイコピー当たり１，７７６個のペプチドスポット）。ペプチド環化を、立体構造制限を変化させるためにさらなる足場を有するおよび有さないＮ末端からＣ末端チオエーテル形成を使用して達成した。各々のＰＥＰｐｅｒＣＨＩＰ（登録商標）ペプチドアレイをＦｌａｇ（ＤＹＫＤＤＤＤＫＡＳ）およびＨＡ（ＹＰＹＤＶＰＤＹＡＧ）対照ペプチドによって構成する。アッセイ緩衝液はＰＢＳ－Ｔ（ＰＢＳ、ｐＨ７．４、０．０５％　Ｔｗｅｅｎ　２０）であり、遮断緩衝液はＲｏｃｋｌａｎｄ　Ｂｌｏｃｋｉｎｇ　Ｂｕｆｆｅｒ（Ｒｏｃｋｌａｎｄ　Ｉｍｍｕｎｏｃｈｅｍｉｃａｌｓ）であり、染色緩衝液はアッセイ緩衝液＋１０％　Ｒｏｃｋｌａｎｄ　Ｂｌｏｃｋｉｎｇ　ｂｕｆｆｅｒであった。二次抗体はヤギ抗ヒトＩＲＤｙｅ６８０ＬＴ（Ｌｉ－Ｃｏｒ）であった。対照抗体は、抗ＦＬＡＧ　Ｍ２　ＤｙＬｉｇｈｔ８００、抗ＨＡ　ＤｙＬｉｇｈｔ６８０であった。アレイを、０．６５ｍｍ、２１ｕｍ分解能のオフセットを用いてＬｉ－Ｃｏｒ　Ｏｄｙｓｓｅｙ上で走査した。

【０７０１】

アレイ染色および検出は、製造業者の指示書に従った。簡潔に述べると、アレイを二次抗体により３０分間プレ染色し、洗浄し、走査して、バックグラウンド結合を検出した。次いでアレイを市販されている一次抗体により一晩染色し、続いて洗浄し、標識化した二次抗体と３０分インキュベートした。アレイを走査して抗ＡＳＧＲ－１抗体の結合を検出した。最後に、アレイを対照抗体により４５分間染色し、その後、洗浄し、走査して対照ペプチドを検出した。

【０７０２】
所望の結合特性を有する抗原結合性タンパク質は、このアッセイを使用して同定することができる。
【０７０３】
実施例１６
インビボ研究
ＡＳＧＲ－１および／もしくはＡＳＧＲ－２の発現を低減させるＲＮＡｉ構築物ならびに／またはインビトロでＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／もしくはＡＳＧＲ－２とのリガンド結合を阻害するモノクローナル抗体のような抗原結合性タンパク質を、関連動物モデルにインビボで投与することができ、アルカリホスファターゼのような内因性血中タンパク質のレベルおよび／または活性を測定した。さらに、体外から投与したＡＳＧＲリガンド（例えばアシアロ糖タンパク質、特定の非シアル化されていない（ｎｏｎ－ａｓｉａｌｙｌａｔｅｄ）タンパク質、合成リガンドなど）のクリアランスは、ＲＮＡｉによる前処理または同時もしくは前投与した抗体よって阻害され得る。
【０７０４】
さらに、抗原結合性タンパク質またはＲＮＡｉの生理的効果は、血圧、一次および二次止血、心機能および形態、内皮機能、ＬＤＬコレステロールレベル、非ＨＤＬコレステロールレベル、炎症およびアテローム性動脈硬化症を含む読み出しを使用して、心疾患の関連動物モデルにおいて評価することができる。
【０７０５】
実施例１７
正常および肥満カニクイザルにおける血清ＬＤＬコレステロールおよびアルカリホスファターゼに対するＡＳＧＲ－１抗体４Ａ２の効果
この研究の目的は、抗ＡＳＧＲ阻害剤のＬＤＬコレステロール（ＬＤＬ－Ｃ）低下活性を評価することであった。一般に、カニクイザルは、高レベルの総コレステロール、ＨＤＬ－ＣまたはＬＤＬ－Ｃを有さない。したがって、正常および脂質異常症モデルの両方をこの実施例に利用した。脂質異常症モデルにおいて、サルを、これらのＬＤＬレベルが少なくとも１００ｍｇ／ｄＬ（正常は４０－６０ｍｇ／ｄＬである）である場合およびボディマス指数が４１ｋｇ／ｍ^{2}超（正常は３５ｋｇ／ｍ^{2}未満である）である場合、選択した。標準的な食餌によりこれらの基準を満たした動物を自然発生的な肥満脂質異常症と分類した。他の動物には、この研究に含める前に高脂肪食（ＨＦＤ；４．１５ｋｃａｌ／ｇｍ、３２％脂肪）を供給し、ＨＦＤ肥満脂質異常症と分類した。
【０７０６】
ナイーブなオスの自然発生的な肥満脂質異常症およびＨＦＤ肥満脂質異常症カニクイザルに、抗ＡＳＧＲ－１抗体４Ａ２．００１（ＩｇＧ１ｚ－ＳＥＦＬ２）（１０ｍＭ酢酸ナトリウム、９％スクロース、０．０１％ポリソルベート－８０、ｐＨ５．２中に１０ｍｇ／ｋｇ）の単回皮下注射を与えた。ナイーブなオスおよびメスの正常カニクイザルに、抗ＡＳＧＲ－１抗体４Ａ２．００１（ＩｇＧ１ｚ－ＳＥＦＬ２）（１０ｍＭ酢酸ナトリウム、９％スクロース、０．０１％ポリソルベート－８０、ｐＨ５．２中に１００ｍｇ／ｋｇ）の単回静脈注射を与えた。一晩絶食した動物から血液を採取して、抗体注射後、ＬＤＬ－Ｃおよびアルカリホスファターゼ（ＡＬＰ）レベルをモニターリングした。血液を、注射後７０、１１８、１９０および２６８時間に採取し（脂質異常症モデル）および注射後０．０５、０．２５、０．５、１、４、８、２４、４８、７２、１６８、２４０、３３６、５０４、６７２、８４０、１００８および１１７６時間に採取した（正常）。ＬＤＬ－Ｃ減少（％）およびＡＬＰ増加（％）がこの研究の主要エンドポイントであり、Ｒｏｃｈｅ　Ｃ３１１およびＣ５０１化学アナライザーにおいて測定した。ＬＤＬ－ＣおよびＡＬＰのベースラインレベルを、抗体投与の７日前に採取した血液から確立した。
【０７０７】
脂質異常症モデル：
種：カニクイザル（Ｍａｃａｃａ　ｆａｓｃｉｃｕｌａｒｉｓ）

体重範囲：＞７．０ｋｇ
ＢＭＩ範囲：＞４１ｋｇ／ｍ^2
年齢範囲：１２－１７歳
ＨＦＤの期間：６カ月
供給源：ＫＢＩ　ｍｏｎｋｅｙ　ｃｏｌｏｎｙ
数および性別：３匹のオスの自然発生的な肥満サルおよび３匹のオスのＨＦＤ誘導肥満サル（ＢＭＩ＞４１、ＬＤＬ＞８０ｍｇ／ｄＬ））。動物は類似したベースラインＬＤＬおよびＡＬＰレベルに基づいてより大きなプールから選択した
正常モデル：
種：カニクイザル
体重範囲：２．６－４．２ｋｇ
年齢範囲：２．５－４歳
数および性別：通常の実験食を供給した２匹のオスおよび１匹のメス
この研究についてのデータを図４４（脂質異常症モデル）および図４５（正常モデル）に提供する。

【０７０８】

実施例１８

ヒトＡＳＧＲ１保因者および対照由来の血清試料のプロテオームプロファイリング

導入

上記の実施例１に記載されているように、ＡＳＧＲ１機能喪失（ＬＯＦ）が、ヒトにおいて有益な表現型（冠動脈疾患からの保護、より低いＬＤＬコレステロールおよびより長い生存期間）と関連することが見出された[1]。この関連性の基本的な作用機構を理解し、潜在的なバイオマーカーを見出すために、ヒト血清試料のプロテオソーム測定を実施し、ＡＳＧＲ１　ＬＯＦバリアント保因者と対照との間の循環タンパク質レベルの変化と比較した。

【０７０９】

材料および方法

試料採取およびプロテオソームプロファイリング

合計で３３３個のヒト血清試料を、１００人のＡＳＧＲ１　ｄｅｌ１２ヘテロ接合体保因者（症例群）および２３３人の非保因者（対照群）を含む、ｄｅＣＯＤＥアイスランド人集団研究から取得した。症例／対照群は、性別、年齢および採取時間／フリーザー保存時間により十分にマッチングした。１５０ｕｌの血清試料を、ＳｏｍａＬｏｇｉｃ　Ｉｎｃに輸送し、そこで１３１０個のタンパク質をＳＯＭＡｓｃａｎ　Ａｓｓａｙ　１．３ｋによって測定した。１３１０個のタンパク質は、ヒトタンパク質に対して生成されたＳＯＭＡｍｅｒ（登録商標）試薬であり、試験タンパク質の完全なリストはＳＯＭＡｓｃａｎ　Ａｓｓａｙ　１．３Ｋ　Ｃｏｎｔｅｎｔ、Ｒｅｖ１（発効：９／２１／２０１５）にまとめられている。これはその全体を参照により本明細書に組み込む。

【０７１０】

ＳＯＭＡｓｃａｎアッセイにより、Ｓｌｏｗ　Ｏｆｆ－ｒａｔｅ　Ｍｏｄｉｆｉｅｄ　ＤＮＡ　Ａｐｔａｍｅｒ（ＳＯＭＡｍｅｒ）ベースの捕捉アレイを使用して血清タンパク質濃度を測定した[2]。１３１０個のタンパク質の各々をこのアッセイにおいてそのそれぞれの蛍光標識化ＳＯＭＡｍｅｒにより結合した。これらの濃度はそれぞれのＳＯＭＡｍｅｒの相対蛍光単位（ＲＦＵ）により反映される。

【０７１１】

データ解析

２個の試料を少量によりＳｏｍａｓｃａｎ要件を満たさなかったため除去し、１３個の試料をＥＤＴＡにより処理されたために除去した。各々の測定タンパク質のＲＦＵデータを対数変換し、次いでセンタリングし、スケーリングして、このタンパク質についての標準化したＲＦＵ値を算出した。主要構成要素（ＰＣ）は、主要構成要素解析による１３１０の標準化したＲＦＵ値から導出した。ＰＣ１およびＰＣ２のＨｏｔｅｌｌｉｎｇｓ　Ｔ

２分布に基づいた異常値除去を適用し、別の８個の試料をさらなる解析から除外した。
【０７１２】
ＱＣ後、残りの９３人のＡＳＧＲ１　Ｄｅｌ１２ヘテロ接合体保因者（症例群）およびＤｅｌ１２アレルを有さない２１７個の試料（対照群）ならびに各タンパク質のこれらの標準化したＲＦＵ値を、年齢、性別、フリーザー時間および最初の１０個のＰＣを調整している線形モデルよって解析した。
【０７１３】
$$Yi = \beta 0 + \beta 1 Gi + \beta 2 AGEi + \beta 3 SEXi + \beta 4 FTi + \beta 5 PC1i + \cdots + \beta 15 PC10i + \varepsilon i$$
式中、Ｙｉは特定のタンパク質についてのｉ番目の試料の標準化したＲＦＵ値であり、Ｇｉはｉ番目の試料のＤｅｌ１２遺伝子型であり、β１はＤｅｌ１２を有するおよびＤｅｌ１２を有さないヒト試料間の平均差の推定値を捕捉する。１３１０の試験をＳｏｍａｓｃａｎプラットフォーム上のタンパク質について実施したので、本発明者らは、独立した試験が存在すると仮定して、Ｂｏｎｆｅｒｒｏｎｉ法（０．０５／１３１０＝３．８２×１０$^{-5}$）によって有意な閾値を算出した。しかしながら、Ｂｏｎｆｅｒｒｏｎｉ補正は非常にストリンジェントである可能性がある。なぜならタンパク質は多くの場合互いに相関するので、これらの試験は独立していないからである。したがって有意性の現実的な閾値（５．１９×１０$^{-5}$）を、ＳｈａｍおよびＰｕｒｃｅｌｌ　２０１４[3]による方法を使用して、１００，０００回の並べ替えを実施することによって得た。
【０７１４】
結果および考察
並べ替え閾値を使用して、４１個のタンパク質を、ヒトＡＳＧＲ１　ｄｅｌ１２保因者と非保因者との間で有意な血清レベルを有すると同定した（Ｐ＜５．１９×１０$^{-5}$）。これらのうちで、２６個は保因者において有意な増加を示し（表１８．１）、１５個は保因者において有意に減少する（表１８．２）。これらの変化はｄｅｌ１２保因者に見られるＡＳＧＲ１機能喪失を生じる有益な効果を伝えている可能性がある。血液中のこれらのタンパク質のレベルはＡＳＧＲ１機能喪失についてのバイオマーカーとして役立つことができ、薬物開発の間のＡＳＧＲ１標的化療法を評価するために使用することができる。
【０７１５】

【表３４】

表18.1. ASGR1 del12保因者の血清中で有意に増加するタンパク質

p値	推定値(SD)	遺伝子	フルネーム
3.71E-54	1.34	TNFSF8	腫瘍壊死因子リガンドスーパーファミリーメンバー8
1.33E-52	1.45	CD163	スカベンジャー受容体システインリッチ1型タンパク質M130
2.07E-25	1.09	CSF1R	マクロファージコロニー刺激因子1受容体
1.44E-24	1.16	LYVE1	リンパ管内皮ヒアルロン酸受容体1
1.03E-22	0.65	IL6ST	インターロイキン-6受容体サブユニットベータ
4.56E-15	0.67	IL18BP	インターロイキン-18結合性タンパク質
1.16E-12	0.74	CD300C	CMRF35様分子6
2.47E-12	0.59	TYRO3	チロシンタンパク質キナーゼ受容体TYRO3
8.85E-12	0.80	LRP8	低密度リポタンパク質受容体関連タンパク質8
1.76E-09	0.66	IL1RL1	インターロイキン-1受容体様1
2.62E-09	0.61	ISLR2	免疫グロブリンスーパーファミリー含有ロイシンリッチリピートタンパク質2
4.01E-09	0.55	SIGLEC7	シアル酸結合Ig様レクチン7
4.47E-09	0.48	NRXN3	ニューレキシン-3-ベータ
1.03E-07	0.58	PLAU	ウロキナーゼ型プラスミノーゲン活性化因子
2.96E-07	0.37	CD55	補体分解促進因子
8.27E-07	0.53	CD48	CD48抗原
1.22E-06	0.31	TNFRSF21	腫瘍壊死因子受容体スーパーファミリーメンバー21
1.62E-06	0.36	MRC2	C型マンノース受容体2
3.82E-06	0.57	KLK13	カリクレイン-13
4.95E-06	0.33	IGF1R	インスリン様成長因子1受容体
1.46E-05	0.45	ANGPT2	アンジオポエチン-2
2.02E-05	0.39	CNTN4	コンタクチン-4
2.57E-05	0.47	FCGR3B	低親和性免疫グロブリンガンマFc領域受容体III-B
2.93E-05	0.38	C1S	補体C1副成分
3.92E-05	0.40	LY9	Tリンパ球表面抗原Ly-9
4.48E-05	0.46	CD200R1	細胞表面糖タンパク質CD200受容体1

【０７１６】

【表３５】

表18.2. ASGR1 del12保因者の血清中で有意に減少するタンパク質

p値	推定値(SD)	遺伝子	標的フルネーム
1.08E-09	-0.52	CD93	補体成分C1q受容体
6.32E-09	-0.50	IDS	イズロン酸2-スルファターゼ
1.56E-07	-0.34	RGMB	RGMドメインファミリーメンバーB
2.91E-07	-0.44	TGFBI	トランスフォーミング増殖因子-ベータ誘導タンパク質ig-h3
5.56E-07	-0.48	LUM	ルミカン
6.67E-07	-0.46	MMP2	72kDa IV型コラゲナーゼ
1.36E-06	-0.38	FLRT2	ロイシンリッチリピート膜貫通タンパク質FLRT2
2.18E-06	-0.48	AHSG	アルファ-2-HS-糖タンパク質
2.44E-06	-0.37	CSH1 CSH2	絨毛性ソマトマンモトロピンホルモン
3.16E-06	-0.54	ESM1	内皮細胞特異的分子1
1.36E-05	-0.52	AFM	アファミン
1.67E-05	-0.48	TNFRSF17	腫瘍壊死因子受容体スーパーファミリーメンバー17
2.68E-05	-0.46	OMD	オステオモジュリン
4.69E-05	-0.23	GDI2	Rab GDP解離阻害剤ベータ
5.09E-05	-0.45	SPOCK2	テスチカン-2

【０７１７】

【表３６】

参考文献

1 See also, Nioi, P. *et al.* Variant ASGR1 Associated with a Reduced Risk of Coronary Artery Disease. *The New England journal of medicine* **374**, 2131-2141, doi:10.1056/NEJMoa1508419 (2016).

2 Gold, L. *et al.* Aptamer-based multiplexed proteomic technology for biomarker discovery. *PLoS One* **5**, e15004, doi:10.1371/journal.pone.0015004 (2010).

3 Sham, P. C. & Purcell, S. M. Statistical power and significance testing in large-scale genetic studies. *Nature reviews. Genetics* **15**, 335-346, doi:10.1038/nrg3706 (2014).

【０７１８】

実施例１９

ＡＳＧＲ１カニクイザルＰＫ－ＰＤ研究からの血清試料のプロテオソームプロファイリング

【０７１９】

導入

上記の実施例１に記載されているように、ＡＳＧＲ１機能喪失（ＬＯＦ）が、ヒトにおいて有益な表現型（冠動脈疾患からの保護、より低いＬＤＬコレステロールおよびより長い生存期間）と関連することが見出された[1]。本明細書に開示される特定のＡＳＧＲ－１抗原結合性タンパク質は、ＬＯＦ効果を模倣することが見出されており、かつ冠動脈疾患の治療に有用であり得る。簡潔に述べると、カニクイザルを、これらの抗体のＰＫ－ＰＤプロファイルを研究するために、特定のＡＳＧＲ－１特異的、リガンド遮断抗体により処理した。さらに、アルカリホスファターゼ（ＡＬＰ）レベルの用量依存的上昇を、Ａｂ処理したカニクイザルにおいて観察した。これはヒトＡＳＧＲ１　ＬＯＦ保因者に見られるＡＬＰ上昇と似ている。ＡＬＰに加えて、ヒト血清中のプロテオソームプロファイリングにより、上記の実施例１８に記載されているようにＡＳＧＲ１　ＬＯＦによって引き起こされる有益な効果の基礎となる可能性がある４１個のタンパク質を同定した。ヒトＡＳＧ

ＲＩ　ＬＯＦによる抗ＡＳＧＲ１抗体処理の効果を比較し、カニクイザルにおける同等な特徴を同定するために、この研究からの血清試料のプロテオソーム測定を行った。抗体処理した動物における変化したレベルを有するタンパク質のリストを、ヒトＬＯＦ保因者において同定したものと比較する。

【０７２０】

材料および方法

試料選択およびプロテオソームプロファイリング

各群において３匹の動物を含む６つの動物群をプロテオソームプロファイリングのために選択した。６つの群は５つの抗体処理した群（ｍＡｂ１／２５Ａ４、ｍＡｂ２／４Ａ２、ｍＡｂ３／７Ｅ１１、ｍＡｂ４／５Ｅ５およびｍＡｂ８／４Ｈ６）およびビヒクル対照群（ｍＡｂ６）を含む。１００ｍｇ／ｋｇにて、動物に１回投与した。０、１６８、３３６、５０４、６７２および１１７６時間の時点での血清試料を、各動物について採取した（表１９．１および１９．２）。唯一の例外は群ｍＡｂ８／４Ｈ６であり、これについては１００８時間の時点を１１７６時間の代わりに使用した。１２０ｕｌの血清試料をＳｏｍａＬｏｇｉｃ　Ｉｎｃに輸送し、そこで１３１０個のタンパク質（表１８．０を参照）を、ＳＯＭＡｓｃａｎ　Ａｓｓａｙ　１．３ｋによって測定した。

【０７２１】

ＳＯＭＡｓｃａｎアッセイにより、Ｓｌｏｗ　Ｏｆｆ－ｒａｔｅ　Ｍｏｄｉｆｉｅｄ　ＤＮＡ　Ａｐｔａｍｅｒ（ＳＯＭＡｍｅｒ）ベースの捕捉アレイを使用して血清タンパク質濃度を測定する[2]。１３１０個のタンパク質の各々をこのアッセイにおいてそのそれぞれの蛍光標識化ＳＯＭＡｍｅｒにより結合し、これらの濃度はそれぞれのＳＯＭＡｍｅｒの相対蛍光単位（ＲＦＵ）により反映される。

【０７２２】

【表３７】

表19．1．血清試料選択。

		時点					
動物群	動物番号	D0	D8	D15	D22	D29	D50
		0 時間	168 時間	336 時間	504 時間	672 時間	1176 時間
25A4	701, 702, 703	√	√	√	√	√	√
4A2	704, 705, 706	√	√	√	√	√	√
7E11	707,708,711	√	√	√	√	√	√
5E5	709,710,712	√	√	√	√	√	√
SEQ.2. 対照	716,717,718	√	√	√	√	√	√
4H6	204, 205, 206	√	√	√	√	√	√*

* 4H6はD43（1008時間）において採取した。

【０７２３】

【表３８】

表19.2. 処置および時点による全ての試料群のリスト

試料群	処置(例えば、薬物、ビヒクルなど)	時点	群中の試料数	対象ID
25A4_D0	mAb1	0時間	3	701, 702, 703
25A4_D8	mAb1	168時間	3	701, 702, 703
25A4_D15	mAb1	336時間	3	701, 702, 703
25A4_D22	mAb1	504時間	3	701, 702, 703
25A4_D29	mAb1	672時間	3	701, 702, 703
25A4_D50	mAb1	1176時間	3	701, 702, 703
4A2_D0	mAb2	0時間	3	704, 705, 706
4A2_D8	mAb2	168時間	3	704, 705, 706
4A2_D15	mAb2	336時間	3	704, 705, 706
4A2_D22	mAb2	504時間	3	704, 705, 706
4A2_D29	mAb2	672時間	3	704, 705, 706
4A2_D50	mAb2	1176時間	3	704, 705, 706
7E11_D0	mAb3	0時間	3	707, 708, 711
7E11_D8	mAb3	168時間	3	707, 708, 711
7E11_D15	mAb3	336時間	3	707, 708, 711
7E11_D22	mAb3	504時間	3	707, 708, 711
7E11_D29	mAb3	672時間	3	707, 708, 711
7E11_D50	mAb3	1176時間	3	707, 708, 711
5E5_D0	mAb4	0時間	3	709, 710, 712
5E5_D8	mAb4	168時間	3	709, 710, 712
5E5_D15	mAb4	336時間	3	709, 710, 712
5E5_D22	mAb4	504時間	3	709, 710, 712
5E5_D29	mAb4	672時間	3	709, 710, 712
5E5_D50	mAb4	1176時間	3	709, 710, 712
CTL_D0	mAb6	0時間	3	716, 717, 718
CTL_D8	mAb6	168時間	3	716, 717, 718
CTL_D15	mAb6	336時間	3	716, 717, 718
CTL_D22	mAb6	504時間	3	716, 717, 718
CTL_D29	mAb6	672時間	3	716, 717, 718
CTL_D50	mAb6	1176時間	3	716, 717, 718
4H6_D0	mAb8	0時間	3	204, 205, 206
4H6_D8	mAb8	168時間	3	204, 205, 206
4H6_D15	mAb8	336時間	3	204, 205, 206
4H6_D22	mAb8	504時間	3	204, 205, 206
4H6_D29	mAb8	672時間	3	204, 205, 206
4H6_D43	mAb8	1008時間	3	204, 205, 206

【０７２４】

データ解析

ＳＯＭＡｓｃａｎアッセイはヒトのために開発されたので、カニクイザルにおけるいくつかのタンパク質は、ＳＯＭＡｍｅｒ試薬によって認識することはできない。結果として、これらのタンパク質のＳＯＭＡｓｃａｎ測定は低い信頼性を有し、真のタンパク質レベルを反映することはできない。所与のタンパク質の血清レベルがヒトおよびカニクイザルにおいて比較的近い範囲にあると仮定して、簡単な基準を測定の信頼性を決定するために定義した。ヒトにおける各タンパク質レベルの平均および範囲を、実施例１８に記載されているヒトプロテオソーム研究からの２１７個のヒト対照試料に基づいて算出する。カニ

クイザルにおける各タンパク質レベルの平均および範囲は、ＳＥＦＬ－２対照群についての全ての時点の測定ならびに全ての他の群の処理前（Ｄ０）および洗浄期間（Ｄ５０）測定を含む、合計で４８個の試料に基づいて算出する。タンパク質測定は、（１）カニクイザルにおけるその範囲がヒトと重複しない場合ならびに（２）ヒトおよびカニクイザルにおけるこのタンパク質の平均レベルの間で５倍の差がある場合、低い信頼性を割り当てられる。合計で１６２個のタンパク質をこれらの基準によって低い信頼性と決定し、排除した（カニクイザルにおけるタンパク質測定の信頼性の概要を示す図５８）。図５８において、２つの種における平均タンパク質レベルのｌｏｇ１０　ＲＦＵをプロットし、低い信頼性（明るい陰影）および高い信頼性（黒）を有するものに印をつけている。

【０７２５】

４Ｈ６群における１つの試料を、少量によりＳＯＭＡｓｃａｎアッセイの要件を満たさなかったため除去した。異常値は、主要構成要素解析において見出されなかった。潜在的交絡因子を調整している線形混合モデルを使用して、ＡＳＧＲ１抗体処置が、各時点にわたって対照群と異なって各タンパク質レベルを変化させるか否かを試験した。

【０７２６】

【数２】

$$Y_{ti} = \beta_0 + \beta_1 \text{ 処置群 }_i + \beta_2 \text{ 時間 }_{ti} + \beta_3(\text{ 処置群 }_i)(\text{ 時間 }_{ti}) + \beta_4 COV_{ti} + \cdots + \beta_{m+4} COV_{ti} + b_{0i} + \varepsilon_{ti}$$

この式はβ３（すなわち、時間相互作用による処置；処置条件間の勾配の平均差）について、ｐ値（ｐ　ｖａｌｕｅ）によって決定される。ランダム効果ｂ０ｉは個々の動物異質性を捕捉する。処置群（ｔｒｅａｔ　ｇｒｏｕｐ）を（２５Ａ４＝４Ａ２＝７Ｅ１１＝５Ｅ５＝４Ｈ６＝１；ＳＥＬＦ－２＝０）とコードし、時間を（Ｄ８＝Ｄ１５＝Ｄ２２＝Ｄ２９＝１；Ｄ０＝Ｄ５０＝０）とコードして、処理前および洗浄期間と比較して、処置後、ＡＳＧＲ１抗体効果を試験する。複数の試験をＳＯＭＡｓｃａｎプラットフォームにおいてタンパク質について実施したので、Ｂｏｎｆｅｒｒｏｎｉ補正した有意な閾値（５×１０$^{-5}$）を使用した。

【０７２７】

結果および考察

３３個のタンパク質が、ＡＳＧＲ１抗体処置後、有意な血清レベル変化を有すると同定された（表１９．３；Ｐ＜５×１０$^{-5}$）。興味深いことに３３個のタンパク質全てが、ＡＳＧＲ１抗体処置後、増加したレベルを示す（１．３６－１０．１８倍）。

【０７２８】

【表３９】

表19.3. カニクイザルにおけるASGR1抗体処理後に有意に変化するタンパク質。

P値	推定 倍率変化	遺伝子	フルネーム
1.87E-13	10.18	TNFSF8	腫瘍壊死因子リガンドスーパーファミリーメンバー8
1.01E-06	8.56	ASGR1	アシアロ糖タンパク質受容体1
1.35E-10	3.93	ADGRE2	接着型Gタンパク質共役受容体E2
2.74E-11	2.86	CD86	Tリンパ球活性化抗原CD86
1.46E-11	2.81	TNFRSF21	腫瘍壊死因子受容体スーパーファミリーメンバー21
7.48E-10	2.57	L1CAM	神経細胞接着分子L1
6.09E-12	2.42	PLXNC1	プレキシン-C1
1.22E-07	2.11	MRC2	C型マンノース受容体2
1.18E-06	2.10	AMIGO2	アンフォテリン誘導タンパク質2
2.28E-11	2.02	ANGPT2	アンジオポエチン-2
6.68E-09	1.99	INSR	インスリン受容体
1.02E-10	1.93	IL17RA	インターロイキン-17受容体A
7.12E-12	1.90	NRXN3	ニューレキシン-3-ベータ
5.95E-06	1.85	GPNMB	膜貫通糖タンパク質NMB
2.03E-06	1.74	IGF1R	インスリン様成長因子1受容体
3.91E-09	1.73	PLAUR	ウロキナーゼプラスミノーゲン活性化因子表面受容体
3.58E-09	1.69	FGFR1	線維芽細胞増殖因子受容体1
1.26E-06	1.60	LRP8	低密度リポタンパク質受容体関連タンパク質8
3.87E-09	1.55	LYPD3	Ly6/PLAURドメイン含有タンパク質3
3.17E-06	1.55	GRN	グラヌリン
4.27E-05	1.54	CNTN4	コンタクチン-4
4.59E-07	1.54	KDR	血管内皮細胞増殖因子受容体2
4.99E-06	1.53	IL12RB2	インターロイキン-12受容体サブユニットベータ-2
5.85E-06	1.52	ROBO3	ラウンドアバウトホモログ3
1.44E-06	1.50	ALCAM	CD166抗原
3.83E-05	1.46	TYRO3	チロシンタンパク質キナーゼ受容体TYRO3
3.09E-05	1.45	CADM1	細胞接着分子1
1.53E-08	1.44	JAG1	タンパク質jagged-1
2.58E-09	1.43	ISLR2	免疫グロブリンスーパーファミリー含有ロイシンリッチリピートタンパク質2
3.11E-05	1.39	SET	タンパク質SET
4.64E-05	1.38	IL20RA	インターロイキン-20受容体サブユニットアルファ
2.15E-06	1.36	KLRK1	NKG2-D II型内在性膜タンパク質
2.39E-05	1.36	GFRA2	GDNFファミリー受容体アルファ-2

【０７２９】

この研究からの結果をヒトプロテオーム研究と比較するために、タンパク質のリストを表１９．３における３３個のタンパク質によって作成し、ヒトにおいて同定した上位４１個のタンパク質をコンパイルした。これにより合計で６４個のタンパク質のリストが得られる。この研究においてタンパク質レベル変化およびｐ値の変化の推定値を比較した（表

１９．４）。カニクイザル（ＡＳＧＲ１抗体処置に応答する）およびヒト（ＡＳＧＲ１ＬＯＦに応答する）研究の変化の一致に基づいて、タンパク質を５段階に分類する。段階１は、同じ変化方向による両方の研究においてストリンジェントなＢｏｎｆｅｒｒｏｎｉ補正した有意なレベル（Ｐ＜５×１０$^{-5}$）を通過する、１０個のタンパク質を含む。両方の研究において強力な証拠によって支持されるタンパク質の数は、偶然と予測される数よりもはるかに多い（ｐ＝１．５８×１０$^{-8}$；Ｆｉｓｈｅｒの正確確率検定）。ＡＳＧＲ１　Ａｂ処置は、ヒトにおけるｄｅｌ１２　ＬＯＦバリアントの効果と類似する、カニクイザルにおける血清タンパク質レベルの変化を誘導できることを示す。したがって、これらのタンパク質はコアバイオマーカーである。例えば、最も強力なバイオマーカーＴＮＦＳＦ８は、ＡＳＧＲ１抗体処置後、１０倍より多く増加した（カニクイザルおよびヒト研究におけるＴＮＦＳＦ８の血清タンパク質レベルの結果を示す図５９Ａ－５９Ｄ）。

【０７３０】

段階２は、カニクイザル研究における強力な証拠（ｐ＜５×１０$^{-5}$）および同じ変化方向を有するヒトにおける示唆的証拠（ｐ＜０．０５）を有する、１２個のタンパク質を含む。段階１および２のタンパク質の両方は、両方の研究において増加したレベルを有する。段階３は、カニクイザル研究においてのみ有意であるが、ヒトにおいて有意ではないことが見出された１１個のタンパク質を含む。これらのタンパク質は、薬物療法またはカニクイザルに特異的なバイオマーカーである可能性がある。例えば、ＡＳＧＲ１の可溶性分泌形態は、抗体処置後、１０倍より多く増加したが、ＡＳＧＲ１　ｄｅｌ１２保因者と非保因者との間でヒトにおいて有意な差は観察されなかった。段階４は、ヒト研究において有意な証拠（ｐ＜５×１０$^{-5}$）を有するがカニクイザル研究によって支持されない、１７個のタンパク質を含む。段階４における多数のタンパク質は、ヒトｄｅｌ１２保因者においてレベルを減少させる。この観察は抗体処置と構成的遺伝子ＬＯＦとの間の差を示し得る。これはまた、種差に起因する可能性があり得るまたはカニクイザル研究におけるより低い統計的検出力によって簡単に引き起こされる可能性があり得る。

【０７３１】

最後に、段階５と分類された、ヒトにおいて有意な変化を有する１４個のタンパク質がある。なぜならこれらは、これらのＳＯＭＡｍｅｒ試薬の低い信頼性に起因してカニクイザル研究において排除されたからであった。

【０７３２】

まとめると、この２つの研究はカニクイザルにおける抗体処置とヒトにおけるＡＳＧＲ１　ＬＯＦとの間で高度な一致を示し、１０個のタンパク質（段階１）は両方の研究の同じ方向において非常に有意な変化を示す。ＡＳＧＲ－１抗体処置は、ヒトにおけるＡＳＧＲ１　ＬＯＦの効果を模倣する手段として十分に作用し、冠動脈疾患の治療において有用であり得る。

【０７３３】

【表４０】

表19.4. 5段階のタンパク質バイオマーカーならびに2つの研究間のタンパク質レベル変化の推定値およびp値の比較。

標的フルネーム	遺伝子	ヒト		カニクイザル		段階
		推定値 (SD)	P値	推定値 log2FC	P値	
腫瘍壊死因子リガンドスーパーファミリーメンバー8	TNFSF8	1.34	3.7E-54	3.35	1.87E-13	1
腫瘍壊死因子受容体スーパーファミリーメンバー21	TNFRSF21	0.31	1.2E-06	1.49	1.46E-11	1
C型マンノース受容体2	MRC2	0.36	1.6E-06	1.08	1.22E-07	1
アンジオポエチン-2	ANGPT2	0.45	1.5E-05	1.01	2.28E-11	1
ニューレキシン-3-ベータ	NRXN3	0.48	4.5E-09	0.93	7.12E-12	1
インスリン様成長因子1受容体	IGF1R	0.33	5.0E-06	0.80	2.03E-06	1
低密度リポタンパク質受容体関連タンパク質8	LRP8	0.80	8.9E-12	0.68	1.26E-06	1
コンタクチン-4	CNTN4	0.39	2.0E-05	0.63	4.27E-05	1
チロシンタンパク質キナーゼ受容体TYRO3	TYRO3	0.59	2.5E-12	0.55	3.83E-05	1
免疫グロブリンスーパーファミリー含有ロイシンリッチリピートタンパク質2	ISLR2	0.61	2.6E-09	0.52	2.58E-09	1
Tリンパ球活性化抗原CD86	CD86	0.39	2.1E-03	1.52	2.74E-11	2
神経細胞接着分子L1	L1CAM	0.30	5.5E-03	1.36	7.48E-10	2
プレキシン-C1	PLXNC1	0.40	1.0E-04	1.28	6.09E-12	2
アンフォテリン誘導タンパク質2	AMIGO2	0.44	1.9E-04	1.07	1.18E-06	2
インターロイキン-17受容体A	IL17RA	0.29	0.03	0.95	1.02E-10	2
ウロキナーゼプラスミノーゲン活性化因子表面受容体	PLAUR	0.35	3.3E-04	0.79	3.91E-09	2
線維芽細胞増殖因子受容体1	FGFR1	0.30	2.3E-03	0.75	3.58E-09	2
グラヌリン	GRN	0.27	5.7E-03	0.63	3.17E-06	2
CD166抗原	ALCAM	0.20	9.1E-03	0.58	1.44E-06	2
タンパク質jagged-1	JAG1	0.17	0.01	0.53	1.53E-08	2
タンパク質SET	SET	0.28	2.1E-03	0.47	3.11E-05	2
GDNFファミリー受容体アルファ-2	GFRA2	0.39	9.2E-05	0.44	2.39E-05	2
アシアロ糖タンパク質受容体1	ASGR1	0.00	0.99	3.10	1.01E-06	3
接着型Gタンパク質共役受容体F2	ADGRF2	0.04	0.70	1.97	1.35E-10	3
インスリン受容体	INSR	0.20	0.06	1.00	6.68E-09	3
膜貫通糖タンパク質NMB	GPNMB	-0.22	0.01	0.89	5.95E-06	3
Ly6/PLAURドメイン含有タンパク質3	LYPD3	-0.06	0.26	0.63	3.87E-09	3
血管内皮細胞増殖因子受容体2	KDR	0.19	0.09	0.63	4.59E-07	3
インターロイキン-12受容体サブユニットベータ-2	IL12RB2	0.11	0.38	0.61	4.99E-06	3
ラウンドアバウトホモログ3	ROBO3	0.08	0.55	0.61	5.85E-06	3
細胞接着分子1	CADM1	-0.17	0.02	0.53	3.09E-05	3
インターロイキン-20受容体サブユニットアルファ	IL20RA	0.05	0.69	0.47	4.64E-05	3

NKG2-D II型内在性膜タンパク質	KLRK1	-0.14	0.25	0.44	2.15E-06	3
リンパ管内皮ヒアルロン酸受容体1	LYVE1	1.16	1.44E-24	0.00	0.96	4
CMRF35様分子-6	CD300C	0.74	1.16E-12	0.03	0.39	4
インターロイキン-1受容体様1	IL1RL1	0.66	1.76E-09	0.75	0.10	4
カリクレイン-13	KLK13	0.57	3.82E-06	0.08	0.42	4
CD48抗原	CD48	0.53	8.27E-07	-0.06	0.81	4
Rab GDP解離阻害剤ベータ	GDI2	-0.23	4.69E-05	-0.27	0.09	4
絨毛性ソマトマンモトロピンホルモン	CSH1 CSH2	-0.37	2.44E-06	0.19	9.4E-03	4
ロイシンリッチリピート膜貫通タンパク質FLRT2	FLRT2	-0.38	1.36E-06	0.30	0.03	4
トランスフォーミング増殖因子-ベータ誘導タンパク質ig-h3	TGFBI	-0.44	2.91E-07	0.13	0.46	4
テスチカン-2	SPOCK2	-0.45	5.09E-05	0.10	0.96	4
72kDa IV型コラゲナーゼ	MMP2	-0.46	6.67E-07	0.13	0.48	4
オステオモジュリン	OMD	-0.46	2.68E-05	0.12	0.78	4
アルファ-2-HS-糖タンパク質	AHSG	-0.48	2.18E-06	0.00	0.97	4
イズロン酸2-スルファターゼ	IDS	-0.50	6.32E-09	0.05	0.33	4
補体成分C1q受容体	CD93	-0.52	1.08E-09	0.19	0.15	4
アファミン	AFM	-0.52	1.36E-05	0.02	0.94	4
内皮細胞特異的分子-1	ESM1	-0.54	3.16E-06	0.09	0.56	4
スカベンジャー受容体システインリッチ1型タンパク質M130	CD163	1.45	1.33E-52	NA	NA	5
マクロファージコロニー刺激因子-1受容体	CSF1R	1.09	2.07E-25	NA	NA	5
インターロイキン-18結合性タンパク質	IL18BP	0.67	4.56E-15	NA	NA	5
インターロイキン-6受容体サブユニットベータ	IL6ST	0.65	1.03E-22	NA	NA	5
ウロキナーゼ型プラスミノーゲン活性化因子-	PLAU	0.58	1.03E-07	NA	NA	5
シアル酸結合Ig様レクチン7	SIGLEC7	0.55	4.01E-09	NA	NA	5
低親和性免疫グロブリンガンマFc領域受容体III-B	FCGR3B	0.47	2.57E-05	NA	NA	5
細胞表面糖タンパク質CD200受容体1	CD200R1	0.46	4.48E-05	NA	NA	5
Tリンパ球表面抗原Ly-9	LY9	0.40	3.92E-05	NA	NA	5
補体C1副成分	C1S	0.38	2.93E-05	NA	NA	5
補体分解促進因子	CD55	0.37	2.96E-07	NA	NA	5
RGMドメインファミリーメンバーB	RGMB	-0.34	1.56E-07	NA	NA	5
ルミカン	LUM	-0.48	5.56E-07	NA	NA	5
腫瘍壊死因子受容体スーパーファミリーメンバー17	TNFRSF17	-0.48	1.67E-05	NA	NA	5

【０７３４】
【表４１】

参考文献

1 See also, Nioi, P. *et al.* Variant ASGR1 Associated with a Reduced Risk of Coronary Artery Disease. *The New England journal of medicine* **374**, 2131-2141, doi:10.1056/NEJMoa1508419 (2016).
2 Gold, L. *et al.* Aptamer-based multiplexed proteomic technology for biomarker discovery. *PLoS One* **5**, e15004, doi:10.1371/journal.pone.0015004 (2010).

【０７３５】
実施例２０

心疾患のリスクを低減させる方法

心疾患のリスクのある対象を同定する。本明細書に提供される１つ以上の抗体（実施例７ならびに表Ａ、ＢおよびＣを参照）ならびに／またはＡＳＧＲ－１および／もしくはＡＳＧＲ－２の発現を低減させるＲＮＡｉ構築物（実施例３において概説されている）を、心疾患のリスクのある対象に投与する。抗体および／またはＲＮＡｉ構築物はＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のレベルを低減させる。後のラウンドの抗体および／またはＲＮＡｉを、対象に投与する。実施例１９におけるマーカーの１つ以上（例えば、段階１）をモニタリングして、適切な量の抗体および／またはＲＮＡｉ構築

物を投与し、所望のように機能することを確かめる。対象が心血管疾患を経験するリスクは、減少する。

【０７３６】

さらに、さらなる選択肢として、抗体および／またはＲＮＡｉの生理的効果は、血圧、一次および二次止血、心機能および形態、内皮機能、ＬＤＬコレステロールレベル、非ＨＤＬコレステロールレベル、炎症および／またはアテローム性動脈硬化症を含む読み出しを使用して、心疾患の関連動物モデルにおいて、評価することができる。

【０７３７】

［実施例２１］

心筋梗塞または冠動脈疾患のリスクを低減させる方法

心筋梗塞または冠動脈疾患のリスクのある対象を同定する。本明細書に提供される１つ以上の抗体（実施例７ならびに表Ａ、ＢおよびＣを参照）ならびに／またはＡＳＧＲ－１および／もしくはＡＳＧＲ－２の発現を低減させるＲＮＡｉ構築物（実施例３において概説されている）を、心筋梗塞または冠動脈疾患のリスクのある対象に投与する。抗体および／またはＲＮＡｉ構築物は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のレベルを低減させる。後のラウンドの抗体および／またはＲＮＡｉを対象に投与する。実施例１９におけるマーカーの１つ以上（例えば、段階１）をモニタリングして、適切な量の抗体および／またはＲＮＡｉ構築物が投与され、所望のように機能することを確かめる。対象が心筋梗塞または冠動脈疾患を経験するリスクは減少する。

【０７３８】

さらに、さらなる選択肢として、抗体および／またはＲＮＡｉの生理的効果は、血圧、一次および二次止血、心機能および形態、内皮機能、ＬＤＬコレステロールレベル、非ＨＤＬコレステロールレベル、炎症および／またはアテローム性動脈硬化症を含む読み出しを使用して、心筋梗塞または冠動脈疾患の関連動物モデルにおいて評価することができる。

【０７３９】

実施例２２

ＬＤＬコレステロールを低減させる方法

ＬＤＬコレステロールレベルが低下する対象を同定する。本明細書に提供される１つ以上の抗体（実施例７ならびに表Ａ、ＢおよびＣを参照）ならびに／またはＡＳＧＲ－１および／もしくはＡＳＧＲ－２の発現を低減させるＲＮＡｉ構築物（実施例３において概説されている）を、対象に投与する。抗体および／またはＲＮＡｉ構築物は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のレベルを低減させる。抗体および／またはＲＮＡｉの後のラウンドを、対象に投与する。実施例１９におけるマーカーの１つ以上（例えば、段階１）をモニタリングして、適切な量の抗体および／またはＲＮＡｉ構築物が投与され、所望のように機能することを確かめる。これにより対象におけるＬＤＬコレステロールのレベルは低減する。

【０７４０】

実施例２３

非ＨＤＬコレステロールを低減させる方法

非ＨＤＬコレステロールレベルが低下する対象を同定する。本明細書に提供される１つ以上の抗体（実施例７ならびに表Ａ、ＢおよびＣを参照）ならびに／またはＡＳＧＲ－１および／もしくはＡＳＧＲ－２の発現を低減させるＲＮＡｉ構築物（実施例３において概説されている）を、対象に投与する。抗体および／またはＲＮＡｉ構築物はＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のレベルを低減させる。後のラウンドの抗体および／またはＲＮＡｉを対象に投与する。実施例１９におけるマーカーの１つ以上（例えば、段階１）をモニタリングして、適切な量の抗体および／またはＲＮＡｉ構築物を投与し、所望のように機能することを確かめる。これにより対象における非ＨＤＬコレステロールのレベルは低減する。

【０７４１】

実施例２４

ＡＬＰレベルを増加させる方法

本明細書に提供される１つ以上の抗体（実施例７ならびに表Ａ、ＢおよびＣを参照）ならびに／またはＡＳＧＲ－１および／もしくはＡＳＧＲ－２の発現を低減させるＲＮＡｉ構築物（実施例３において概説されている）を、対象に投与する。抗体および／またはＲＮＡｉ構築物は、ＡＳＧＲ、ＡＳＧＲ－１および／またはＡＳＧＲ－２の発現のレベルを低減させる。後のラウンドの抗体および／またはＲＮＡｉを、対象に投与する。実施例１９におけるマーカーの１つ以上（例えば、段階１）をモニタリングして、適切な量の抗体および／またはＲＮＡｉ構築物を投与し、所望のように機能することを確かめる。これにより対象におけるＡＬＰのレベルは、増加する。

【０７４２】

実施例２５

ＡＳＧＲ－１療法の有効性をモニタリングする方法

本明細書に提供される１つ以上の抗体（実施例７ならびに表Ａ、ＢおよびＣを参照）ならびに／またはＡＳＧＲ－１および／もしくはＡＳＧＲ－２の発現を低減させるＲＮＡｉ構築物（実施例３において概説されている）を、対象に投与する。実施例１９におけるマーカーの１つ以上をモニタリングして、適切な量の抗体および／またはＲＮＡｉ構築物を投与し、所望のように機能することを確かめる。マーカーレベルが実施例１９に示されたこれらの変化（例えば段階１）と同様に変化する場合、１つ以上の抗体および／またはＲＮＡｉの量が、有効であると証明される。さらに、さらなる選択肢として、この生化学的変化の有効性を、抗体および／またはＲＮＡｉからのその生理的効果によって観察でき、この生理的効果は、血圧、一次および二次止血、心機能および形態、内皮機能、ＬＤＬコレステロールレベル、非ＨＤＬコレステロールレベル、炎症および／またはアテローム性動脈硬化症を含む、読み出しを使用して評価することができる。

【０７４３】

【表４２】

表 10.1

```
ATOM      1  O   THR A 151     -35.000 -25.802  13.973  1.00 41.82           O
ATOM      2  N   THR A 151     -34.909 -27.403  11.804  1.00 40.99           N
ATOM      3  CA  THR A 151     -34.274 -27.888  13.020  1.00 40.74           C
ATOM      4  C   THR A 151     -34.232 -26.755  14.051  1.00 40.85           C
ATOM      5  CB  THR A 151     -32.835 -28.381  12.758  1.00 37.81           C
ATOM      6  OG1 THR A 151     -32.738 -28.919  11.438  1.00 46.22           O
ATOM      7  CG2 THR A 151     -32.470 -29.491  13.725  1.00 44.52           C
ATOM      8  O   CYS A 152     -30.928 -26.774  16.222  1.00 27.69           O
ATOM      9  N   CYS A 152     -33.315 -26.861  15.005  1.00 43.00           N
ATOM     10  CA  CYS A 152     -33.119 -25.852  16.027  1.00 32.33           C
ATOM     11  C   CYS A 152     -31.621 -25.772  16.312  1.00 30.92           C
ATOM     12  CB  CYS A 152     -33.900 -26.213  17.289  1.00 36.97           C
ATOM     13  SG  CYS A 152     -34.435 -24.804  18.287  1.00 47.04           S
ATOM     14  N   CYS A 153     -31.104 -24.590  16.620  1.00 26.78           N
ATOM     15  CA  CYS A 153     -29.716 -24.493  17.055  1.00 24.74           C
ATOM     16  C   CYS A 153     -29.577 -25.058  18.464  1.00 26.56           C
ATOM     17  O   CYS A 153     -30.538 -25.026  19.235  1.00 25.88           O
ATOM     18  CB  CYS A 153     -29.243 -23.040  17.017  1.00 21.46           C
ATOM     19  SG  CYS A 153     -29.368 -22.304  15.376  1.00 33.20           S
ATOM     20  N   PRO A 154     -28.379 -25.571  18.813  1.00 26.96           N
ATOM     21  CA  PRO A 154     -28.146 -26.019  20.190  1.00 20.79           C
ATOM     22  C   PRO A 154     -28.236 -24.848  21.163  1.00 22.57           C
ATOM     23  O   PRO A 154     -28.081 -23.710  20.737  1.00 22.50           O
ATOM     24  CB  PRO A 154     -26.715 -26.585  20.147  1.00 20.99           C
ATOM     25  CG  PRO A 154     -26.432 -26.822  18.709  1.00 21.42           C
ATOM     26  CD  PRO A 154     -27.183 -25.760  17.974  1.00 19.94           C
ATOM     27  N   VAL A 155     -28.499 -25.124  22.438  1.00 21.58           N
ATOM     28  CA  VAL A 155     -28.490 -24.090  23.462  1.00 20.72           C
ATOM     29  C   VAL A 155     -27.187 -23.287  23.412  1.00 25.13           C
ATOM     30  O   VAL A 155     -26.109 -23.865  23.218  1.00 27.20           O
ATOM     31  CB  VAL A 155     -28.664 -24.704  24.884  1.00 23.97           C
ATOM     32  CG1 VAL A 155     -28.384 -23.669  25.957  1.00 27.90           C
ATOM     33  CG2 VAL A 155     -30.062 -25.267  25.061  1.00 25.53           C
ATOM     34  N   ASN A 156     -27.299 -21.968  23.586  1.00 20.81           N
ATOM     35  CA  ASN A 156     -26.158 -21.050  23.634  1.00 24.68           C
ATOM     36  C   ASN A 156     -25.568 -20.824  22.253  1.00 25.74           C
ATOM     37  O   ASN A 156     -24.518 -20.206  22.106  1.00 25.52           O
ATOM     38  CB  ASN A 156     -25.070 -21.552  24.603  1.00 30.21           C
ATOM     39  CG  ASN A 156     -25.565 -21.628  26.041  1.00 38.75           C
ATOM     40  OD1 ASN A 156     -26.494 -20.908  26.430  1.00 35.88           O
ATOM     41  ND2 ASN A 156     -24.953 -22.502  26.835  1.00 33.84           N
ATOM     42  N   TRP A 157     -26.247 -21.340  21.237  1.00 24.43           N
ATOM     43  CA  TRP A 157     -25.928 -20.981  19.866  1.00 23.93           C
ATOM     44  C   TRP A 157     -26.920 -19.930  19.389  1.00 26.16           C
ATOM     45  O   TRP A 157     -28.032 -19.841  19.904  1.00 28.51           O
ATOM     46  CB  TRP A 157     -25.965 -22.202  18.965  1.00 22.94           C
ATOM     47  CG  TRP A 157     -24.818 -23.129  19.174  1.00 24.76           C
ATOM     48  CD1 TRP A 157     -24.459 -23.752  20.336  1.00 20.94           C
ATOM     49  CD2 TRP A 157     -23.887 -23.562  18.180  1.00 19.03           C
ATOM     50  NE1 TRP A 157     -23.355 -24.540  20.126  1.00 23.79           N
ATOM     51  CE2 TRP A 157     -22.983 -24.440  18.809  1.00 21.53           C
ATOM     52  CE3 TRP A 157     -23.717 -23.273  16.828  1.00 15.83           C
ATOM     53  CZ2 TRP A 157     -21.927 -25.043  18.124  1.00 16.56           C
ATOM     54  CZ3 TRP A 157     -22.667 -23.866  16.152  1.00 18.56           C
ATOM     55  CH2 TRP A 157     -21.790 -24.746  16.798  1.00 13.77           C
ATOM     56  N   VAL A 158     -26.520 -19.120  18.420  1.00 25.61           N
ATOM     57  CA  VAL A 158     -27.394 -18.058  17.951  1.00 23.85           C
ATOM     58  C   VAL A 158     -27.857 -18.367  16.536  1.00 26.75           C
ATOM     59  O   VAL A 158     -27.048 -18.589  15.642  1.00 24.47           O
ATOM     60  CB  VAL A 158     -26.698 -16.690  17.998  1.00 26.10           C
ATOM     61  CG1 VAL A 158     -27.691 -15.587  17.690  1.00 21.15           C
ATOM     62  CG2 VAL A 158     -26.076 -16.469  19.368  1.00 27.52           C
ATOM     63  N   GLU A 159     -29.170 -18.411  16.351  1.00 30.02           N
ATOM     64  CA  GLU A 159     -29.751 -18.659  15.043  1.00 28.56           C
ATOM     65  C   GLU A 159     -29.824 -17.359  14.272  1.00 25.78           C
ATOM     66  O   GLU A 159     -30.140 -16.313  14.840  1.00 24.18           O
ATOM     67  CB  GLU A 159     -31.145 -19.279  15.182  1.00 24.88           C
ATOM     68  CG  GLU A 159     -31.764 -19.742  13.875  1.00 35.35           C
ATOM     69  CD  GLU A 159     -33.213 -20.190  14.052  1.00 41.67           C
```

```
ATOM     70  OE1 GLU A 159     -34.123 -19.392  13.733  1.00 44.61           O
ATOM     71  OE2 GLU A 159     -33.441 -21.333  14.516  1.00 36.73           O
ATOM     72  N   HIS A 160     -29.542 -17.432  12.977  1.00 25.27           N
ATOM     73  CA  HIS A 160     -29.577 -16.257  12.118  1.00 31.03           C
ATOM     74  C   HIS A 160     -29.525 -16.672  10.656  1.00 30.42           C
ATOM     75  O   HIS A 160     -28.530 -17.261  10.205  1.00 26.33           O
ATOM     76  CB  HIS A 160     -28.411 -15.317  12.426  1.00 29.99           C
ATOM     77  CG  HIS A 160     -28.320 -14.150  11.493  1.00 28.06           C
ATOM     78  ND1 HIS A 160     -29.043 -12.991  11.679  1.00 33.48           N
ATOM     79  CD2 HIS A 160     -27.605 -13.970  10.359  1.00 29.69           C
ATOM     80  CE1 HIS A 160     -28.770 -12.143  10.703  1.00 30.20           C
ATOM     81  NE2 HIS A 160     -27.903 -12.713   9.887  1.00 29.37           N
ATOM     82  N   GLU A 161     -30.593 -16.361   9.925  1.00 29.26           N
ATOM     83  CA  GLU A 161     -30.696 -16.730   8.520  1.00 30.40           C
ATOM     84  C   GLU A 161     -30.349 -18.188   8.278  1.00 30.86           C
ATOM     85  O   GLU A 161     -29.548 -18.493   7.393  1.00 34.60           O
ATOM     86  CB  GLU A 161     -29.788 -15.852   7.659  1.00 35.54           C
ATOM     87  CG  GLU A 161     -30.197 -14.386   7.604  1.00 41.66           C
ATOM     88  CD  GLU A 161     -31.526 -14.165   6.901  1.00 42.46           C
ATOM     89  OE1 GLU A 161     -32.027 -15.108   6.252  1.00 47.99           O
ATOM     90  OE2 GLU A 161     -32.070 -13.043   7.001  1.00 40.82           O
ATOM     91  N   ARG A 162     -30.928 -19.068   9.092  1.00 24.36           N
ATOM     92  CA  ARG A 162     -30.792 -20.516   8.931  1.00 31.86           C
ATOM     93  C   ARG A 162     -29.374 -21.045   9.202  1.00 30.42           C
ATOM     94  O   ARG A 162     -29.030 -22.166   8.814  1.00 31.05           O
ATOM     95  CB  ARG A 162     -31.250 -20.930   7.528  1.00 38.14           C
ATOM     96  CG  ARG A 162     -32.267 -22.051   7.540  1.00 48.13           C
ATOM     97  CD  ARG A 162     -33.076 -22.071   6.261  1.00 59.39           C
ATOM     98  NE  ARG A 162     -33.517 -23.423   5.921  1.00 73.66           N
ATOM     99  CZ  ARG A 162     -34.365 -23.702   4.937  1.00 64.55           C
ATOM    100  NH1 ARG A 162     -34.866 -22.720   4.200  1.00 53.99           N
ATOM    101  NH2 ARG A 162     -34.711 -24.960   4.694  1.00 63.33           N
ATOM    102  N   SER A 163     -28.556 -20.240   9.869  1.00 24.82           N
ATOM    103  CA  SER A 163     -27.287 -20.728  10.379  1.00 27.06           C
ATOM    104  C   SER A 163     -27.270 -20.611  11.897  1.00 28.98           C
ATOM    105  O   SER A 163     -27.914 -19.730  12.474  1.00 28.00           O
ATOM    106  CB  SER A 163     -26.110 -19.963   9.768  1.00 26.42           C
ATOM    107  OG  SER A 163     -25.629 -20.605   8.596  1.00 27.29           O
ATOM    108  N   CYS A 164     -26.548 -21.522  12.537  1.00 26.62           N
ATOM    109  CA  CYS A 164     -26.342 -21.469  13.975  1.00 23.71           C
ATOM    110  C   CYS A 164     -24.920 -20.996  14.249  1.00 23.70           C
ATOM    111  O   CYS A 164     -23.980 -21.412  13.579  1.00 20.95           O
ATOM    112  CB  CYS A 164     -26.591 -22.838  14.601  1.00 25.60           C
ATOM    113  SG  CYS A 164     -28.228 -23.515  14.210  1.00 29.69           S
ATOM    114  N   TYR A 165     -24.766 -20.116  15.227  1.00 23.47           N
ATOM    115  CA  TYR A 165     -23.469 -19.539  15.507  1.00 21.97           C
ATOM    116  C   TYR A 165     -23.139 -19.708  16.970  1.00 22.33           C
ATOM    117  O   TYR A 165     -23.970 -19.473  17.835  1.00 21.92           O
ATOM    118  CB  TYR A 165     -23.434 -18.055  15.141  1.00 17.23           C
ATOM    119  CG  TYR A 165     -23.665 -17.761  13.679  1.00 18.76           C
ATOM    120  CD1 TYR A 165     -24.949 -17.615  13.174  1.00 22.13           C
ATOM    121  CD2 TYR A 165     -22.601 -17.602  12.813  1.00 21.90           C
ATOM    122  CE1 TYR A 165     -25.169 -17.327  11.833  1.00 25.39           C
ATOM    123  CE2 TYR A 165     -22.808 -17.317  11.470  1.00 23.30           C
ATOM    124  CZ  TYR A 165     -24.096 -17.177  10.990  1.00 24.28           C
ATOM    125  OH  TYR A 165     -24.295 -16.900   9.663  1.00 25.37           O
ATOM    126  N   TRP A 166     -21.913 -20.111  17.243  1.00 17.81           N
ATOM    127  CA  TRP A 166     -21.436 -20.129  18.601  1.00 20.06           C
ATOM    128  C   TRP A 166     -20.213 -19.213  18.680  1.00 18.56           C
ATOM    129  O   TRP A 166     -19.289 -19.307  17.870  1.00 18.84           O
ATOM    130  CB  TRP A 166     -21.117 -21.554  19.040  1.00 18.95           C
ATOM    131  CG  TRP A 166     -20.709 -21.665  20.486  1.00 22.40           C
ATOM    132  CD1 TRP A 166     -21.533 -21.745  21.563  1.00 21.92           C
ATOM    133  CD2 TRP A 166     -19.369 -21.697  21.001  1.00 22.78           C
ATOM    134  NE1 TRP A 166     -20.797 -21.831  22.717  1.00 26.27           N
ATOM    135  CE2 TRP A 166     -19.464 -21.805  22.400  1.00 22.51           C
ATOM    136  CE3 TRP A 166     -18.098 -21.648  20.408  1.00 20.00           C
ATOM    137  CZ2 TRP A 166     -18.343 -21.869  23.221  1.00 19.21           C
ATOM    138  CZ3 TRP A 166     -16.989 -21.716  21.214  1.00 19.92           C
ATOM    139  CH2 TRP A 166     -17.116 -21.820  22.616  1.00 20.77           C
ATOM    140  N   PHE A 167     -20.233 -18.308  19.648  1.00 20.52           N
```

```
ATOM    141  CA  PHE A 167     -19.189 -17.304  19.803  1.00 17.05           C
ATOM    142  C   PHE A 167     -18.367 -17.589  21.039  1.00 23.11           C
ATOM    143  O   PHE A 167     -18.847 -17.397  22.149  1.00 20.92           O
ATOM    144  CB  PHE A 167     -19.794 -15.905  19.894  1.00 17.09           C
ATOM    145  CG  PHE A 167     -20.649 -15.533  18.712  1.00 19.67           C
ATOM    146  CD1 PHE A 167     -22.012 -15.806  18.710  1.00 20.06           C
ATOM    147  CD2 PHE A 167     -20.087 -14.907  17.598  1.00 18.66           C
ATOM    148  CE1 PHE A 167     -22.807 -15.457  17.615  1.00 21.81           C
ATOM    149  CE2 PHE A 167     -20.860 -14.555  16.501  1.00 14.19           C
ATOM    150  CZ  PHE A 167     -22.230 -14.836  16.502  1.00 20.28           C
ATOM    151  N   SER A 168     -17.127 -18.039  20.853  1.00 20.07           N
ATOM    152  CA  SER A 168     -16.296 -18.360  22.000  1.00 19.88           C
ATOM    153  C   SER A 168     -16.073 -17.121  22.847  1.00 23.65           C
ATOM    154  O   SER A 168     -16.105 -15.992  22.331  1.00 22.61           O
ATOM    155  CB  SER A 168     -14.950 -18.952  21.570  1.00 13.34           C
ATOM    156  OG  SER A 168     -14.018 -17.940  21.262  1.00 16.40           O
ATOM    157  N   ARG A 169     -15.877 -17.339  24.149  1.00 18.01           N
ATOM    158  CA  ARG A 169     -15.443 -16.284  25.038  1.00 22.03           C
ATOM    159  C   ARG A 169     -14.033 -16.614  25.568  1.00 21.36           C
ATOM    160  O   ARG A 169     -13.617 -16.124  26.615  1.00 24.92           O
ATOM    161  CB  ARG A 169     -16.447 -16.082  26.182  1.00 26.09           C
ATOM    162  CG  ARG A 169     -17.858 -15.584  25.733  1.00 33.24           C
ATOM    163  CD  ARG A 169     -17.799 -14.586  24.532  1.00 35.48           C
ATOM    164  NE  ARG A 169     -19.120 -14.199  24.007  1.00 41.60           N
ATOM    165  CZ  ARG A 169     -19.315 -13.401  22.953  1.00 38.23           C
ATOM    166  NH1 ARG A 169     -18.279 -12.905  22.281  1.00 28.72           N
ATOM    167  NH2 ARG A 169     -20.550 -13.100  22.559  1.00 36.96           N
ATOM    168  N   SER A 170     -13.303 -17.438  24.823  1.00 16.23           N
ATOM    169  CA  SER A 170     -11.877 -17.660  25.065  1.00 16.00           C
ATOM    170  C   SER A 170     -11.094 -17.698  23.742  1.00 17.67           C
ATOM    171  O   SER A 170     -11.662 -17.537  22.663  1.00 16.96           O
ATOM    172  CB  SER A 170     -11.652 -18.958  25.851  1.00 17.57           C
ATOM    173  OG  SER A 170     -12.101 -20.084  25.121  1.00 18.85           O
ATOM    174  N   GLY A 171      -9.783 -17.916  23.824  1.00 19.23           N
ATOM    175  CA  GLY A 171      -8.947 -17.854  22.645  1.00 12.77           C
ATOM    176  C   GLY A 171      -8.169 -19.115  22.334  1.00 16.65           C
ATOM    177  O   GLY A 171      -7.701 -19.820  23.236  1.00 16.99           O
ATOM    178  N   LYS A 172      -8.037 -19.389  21.039  1.00 15.85           N
ATOM    179  CA  LYS A 172      -7.313 -20.542  20.533  1.00 13.77           C
ATOM    180  C   LYS A 172      -6.509 -20.164  19.309  1.00 17.02           C
ATOM    181  O   LYS A 172      -6.873 -19.224  18.576  1.00 17.20           O
ATOM    182  CB  LYS A 172      -8.262 -21.678  20.148  1.00 16.06           C
ATOM    183  CG  LYS A 172      -8.818 -22.506  21.281  1.00 17.04           C
ATOM    184  CD  LYS A 172      -9.638 -23.666  20.687  1.00 17.13           C
ATOM    185  CE  LYS A 172     -10.400 -24.441  21.766  1.00 16.06           C
ATOM    186  NZ  LYS A 172      -9.439 -25.070  22.711  1.00 20.45           N
ATOM    187  N   ALA A 173      -5.427 -20.902  19.074  1.00 13.08           N
ATOM    188  CA  ALA A 173      -4.750 -20.834  17.792  1.00 14.02           C
ATOM    189  C   ALA A 173      -5.758 -21.289  16.754  1.00 16.04           C
ATOM    190  O   ALA A 173      -6.675 -22.056  17.064  1.00 15.29           O
ATOM    191  CB  ALA A 173      -3.482 -21.720  17.766  1.00 14.17           C
ATOM    192  N   TRP A 174      -5.591 -20.827  15.522  1.00 16.89           N
ATOM    193  CA  TRP A 174      -6.571 -21.098  14.492  1.00 15.29           C
ATOM    194  C   TRP A 174      -6.839 -22.598  14.329  1.00 17.24           C
ATOM    195  O   TRP A 174      -8.000 -23.030  14.334  1.00 17.21           O
ATOM    196  CB  TRP A 174      -6.111 -20.486  13.185  1.00 15.83           C
ATOM    197  CG  TRP A 174      -7.133 -20.523  12.123  1.00 17.80           C
ATOM    198  CD1 TRP A 174      -8.015 -19.532  11.795  1.00 14.69           C
ATOM    199  CD2 TRP A 174      -7.375 -21.598  11.217  1.00 17.89           C
ATOM    200  NE1 TRP A 174      -8.784 -19.926  10.732  1.00 13.89           N
ATOM    201  CE2 TRP A 174      -8.416 -21.193  10.361  1.00 17.17           C
ATOM    202  CE3 TRP A 174      -6.803 -22.865  11.036  1.00 20.13           C
ATOM    203  CZ2 TRP A 174      -8.911 -22.013   9.353  1.00 17.46           C
ATOM    204  CZ3 TRP A 174      -7.294 -23.675  10.039  1.00 18.74           C
ATOM    205  CH2 TRP A 174      -8.338 -23.246   9.208  1.00 21.31           C
ATOM    206  N   ALA A 175      -5.781 -23.395  14.229  1.00 14.70           N
ATOM    207  CA  ALA A 175      -5.950 -24.829  13.999  1.00 16.88           C
ATOM    208  C   ALA A 175      -6.707 -25.488  15.138  1.00 18.55           C
ATOM    209  O   ALA A 175      -7.444 -26.448  14.921  1.00 18.63           O
ATOM    210  CB  ALA A 175      -4.595 -25.512  13.803  1.00 20.43           C
ATOM    211  N   ASP A 176      -6.530 -24.982  16.355  1.00 15.66           N
```

```
ATOM    212  CA  ASP A 176      -7.267 -25.535  17.479  1.00 14.07           C
ATOM    213  C   ASP A 176      -8.717 -25.047  17.471  1.00 17.62           C
ATOM    214  O   ASP A 176      -9.621 -25.790  17.834  1.00 19.92           O
ATOM    215  CB  ASP A 176      -6.566 -25.191  18.784  1.00 17.82           C
ATOM    216  CG  ASP A 176      -5.169 -25.805  18.865  1.00 32.45           C
ATOM    217  OD2 ASP A 176      -4.231 -25.127  19.349  1.00 29.94           O
ATOM    218  OD1 ASP A 176      -5.003 -26.959  18.405  1.00 34.43           O
ATOM    219  N   ALA A 177      -8.951 -23.811  17.036  1.00 15.88           N
ATOM    220  CA  ALA A 177     -10.324 -23.342  16.867  1.00 15.36           C
ATOM    221  C   ALA A 177     -11.000 -24.134  15.765  1.00 14.26           C
ATOM    222  O   ALA A 177     -12.176 -24.472  15.856  1.00 17.76           O
ATOM    223  CB  ALA A 177     -10.355 -21.866  16.550  1.00 12.43           C
ATOM    224  N   ASP A 178     -10.250 -24.417  14.710  1.00 17.91           N
ATOM    225  CA  ASP A 178     -10.776 -25.168  13.575  1.00 18.45           C
ATOM    226  C   ASP A 178     -11.241 -26.540  14.045  1.00 20.72           C
ATOM    227  O   ASP A 178     -12.390 -26.930  13.819  1.00 17.75           O
ATOM    228  CB  ASP A 178      -9.714 -25.301  12.493  1.00 18.31           C
ATOM    229  CG  ASP A 178     -10.161 -26.169  11.346  1.00 24.63           C
ATOM    230  OD1 ASP A 178     -11.279 -25.949  10.829  1.00 26.01           O
ATOM    231  OD2 ASP A 178      -9.388 -27.067  10.960  1.00 28.35           O
ATOM    232  N   ASN A 179     -10.343 -27.251  14.729  1.00 18.35           N
ATOM    233  CA  ASN A 179     -10.668 -28.541  15.329  1.00 20.73           C
ATOM    234  C   ASN A 179     -11.839 -28.466  16.310  1.00 21.76           C
ATOM    235  O   ASN A 179     -12.689 -29.359  16.343  1.00 22.85           O
ATOM    236  CB  ASN A 179      -9.443 -29.130  16.037  1.00 19.26           C
ATOM    237  CG  ASN A 179      -9.756 -30.435  16.752  1.00 24.98           C
ATOM    238  OD1 ASN A 179      -9.955 -30.455  17.961  1.00 27.04           O
ATOM    239  ND2 ASN A 179      -9.814 -31.528  16.002  1.00 24.23           N
ATOM    240  N   TYR A 180     -11.897 -27.407  17.110  1.00 17.86           N
ATOM    241  CA  TYR A 180     -13.001 -27.265  18.054  1.00 16.79           C
ATOM    242  C   TYR A 180     -14.342 -27.266  17.313  1.00 19.82           C
ATOM    243  O   TYR A 180     -15.287 -27.948  17.709  1.00 19.73           O
ATOM    244  CB  TYR A 180     -12.861 -25.985  18.891  1.00 16.59           C
ATOM    245  CG  TYR A 180     -14.056 -25.719  19.810  1.00 19.48           C
ATOM    246  CD2 TYR A 180     -13.996 -26.024  21.162  1.00 24.26           C
ATOM    247  CD1 TYR A 180     -15.245 -25.156  19.316  1.00 18.40           C
ATOM    248  CE2 TYR A 180     -15.089 -25.789  22.008  1.00 20.67           C
ATOM    249  CE1 TYR A 180     -16.328 -24.922  20.135  1.00 16.82           C
ATOM    250  CZ  TYR A 180     -16.243 -25.239  21.483  1.00 23.60           C
ATOM    251  OH  TYR A 180     -17.312 -25.009  22.311  1.00 27.99           O
ATOM    252  N   CYS A 181     -14.416 -26.480  16.247  1.00 21.68           N
ATOM    253  CA  CYS A 181     -15.634 -26.361  15.468  1.00 21.18           C
ATOM    254  C   CYS A 181     -16.005 -27.691  14.816  1.00 22.39           C
ATOM    255  O   CYS A 181     -17.173 -28.054  14.738  1.00 17.23           O
ATOM    256  CB  CYS A 181     -15.479 -25.268  14.414  1.00 17.00           C
ATOM    257  SG  CYS A 181     -15.347 -23.612  15.108  1.00 21.92           S
ATOM    258  N   ARG A 182     -15.008 -28.435  14.366  1.00 22.70           N
ATOM    259  CA  ARG A 182     -15.309 -29.699  13.720  1.00 25.40           C
ATOM    260  C   ARG A 182     -15.881 -30.687  14.737  1.00 22.32           C
ATOM    261  O   ARG A 182     -16.756 -31.489  14.417  1.00 21.62           O
ATOM    262  CB  ARG A 182     -14.064 -30.255  13.031  1.00 22.43           C
ATOM    263  CG  ARG A 182     -13.757 -29.535  11.727  1.00 27.35           C
ATOM    264  CD  ARG A 182     -12.390 -29.887  11.188  1.00 27.56           C
ATOM    265  NE  ARG A 182     -11.981 -28.956  10.139  1.00 34.68           N
ATOM    266  CZ  ARG A 182     -12.311 -29.080   8.851  1.00 37.24           C
ATOM    267  NH1 ARG A 182     -13.062 -30.100   8.446  1.00 30.09           N
ATOM    268  NH2 ARG A 182     -11.900 -28.176   7.966  1.00 33.00           N
ATOM    269  N   LEU A 183     -15.415 -30.609  15.975  1.00 22.21           N
ATOM    270  CA  LEU A 183     -15.858 -31.565  16.980  1.00 20.10           C
ATOM    271  C   LEU A 183     -17.289 -31.265  17.408  1.00 22.94           C
ATOM    272  O   LEU A 183     -17.907 -32.076  18.096  1.00 23.53           O
ATOM    273  CB  LEU A 183     -14.918 -31.577  18.182  1.00 19.03           C
ATOM    274  CG  LEU A 183     -13.826 -32.651  18.153  1.00 24.47           C
ATOM    275  CD1 LEU A 183     -13.119 -32.696  16.809  1.00 24.47           C
ATOM    276  CD2 LEU A 183     -12.816 -32.407  19.258  1.00 24.08           C
ATOM    277  N   GLU A 184     -17.809 -30.113  16.977  1.00 23.63           N
ATOM    278  CA  GLU A 184     -19.222 -29.762  17.156  1.00 23.88           C
ATOM    279  C   GLU A 184     -20.075 -29.971  15.910  1.00 22.40           C
ATOM    280  O   GLU A 184     -21.110 -29.330  15.791  1.00 22.93           O
ATOM    281  CB  GLU A 184     -19.372 -28.292  17.560  1.00 23.75           C
ATOM    282  CG  GLU A 184     -18.635 -27.890  18.806  1.00 26.06           C
```

```
ATOM    283  CD  GLU A 184     -19.139 -28.631  20.019  1.00 33.11           C
ATOM    284  OE1 GLU A 184     -20.363 -28.913  20.075  1.00 34.32           O
ATOM    285  OE2 GLU A 184     -18.305 -28.946  20.899  1.00 34.75           O
ATOM    286  N   ASP A 185     -19.651 -30.834  14.989  1.00 21.89           N
ATOM    287  CA  ASP A 185     -20.270 -30.908  13.664  1.00 25.50           C
ATOM    288  C   ASP A 185     -20.452 -29.523  13.066  1.00 22.06           C
ATOM    289  O   ASP A 185     -21.511 -29.206  12.547  1.00 21.39           O
ATOM    290  CB  ASP A 185     -21.637 -31.606  13.701  1.00 40.42           C
ATOM    291  CG  ASP A 185     -21.531 -33.104  13.910  1.00 51.64           C
ATOM    292  OD1 ASP A 185     -20.401 -33.647  13.831  1.00 55.89           O
ATOM    293  OD2 ASP A 185     -22.589 -33.745  14.116  1.00 52.07           O
ATOM    294  N   ALA A 186     -19.419 -28.693  13.152  1.00 25.31           N
ATOM    295  CA  ALA A 186     -19.521 -27.315  12.702  1.00 21.25           C
ATOM    296  C   ALA A 186     -18.262 -26.920  11.989  1.00 18.66           C
ATOM    297  O   ALA A 186     -17.353 -27.723  11.805  1.00 20.79           O
ATOM    298  CB  ALA A 186     -19.779 -26.377  13.882  1.00 18.33           C
ATOM    299  N   HIS A 187     -18.199 -25.658  11.603  1.00 18.96           N
ATOM    300  CA  HIS A 187     -17.012 -25.135  10.969  1.00 17.14           C
ATOM    301  C   HIS A 187     -16.810 -23.710  11.439  1.00 17.01           C
ATOM    302  O   HIS A 187     -17.776 -23.033  11.778  1.00 19.70           O
ATOM    303  CB  HIS A 187     -17.156 -25.191   9.450  1.00 15.59           C
ATOM    304  CG  HIS A 187     -18.323 -24.414   8.940  1.00 15.47           C
ATOM    305  ND1 HIS A 187     -18.281 -23.048   8.761  1.00 15.92           N
ATOM    306  CD2 HIS A 187     -19.578 -24.800   8.606  1.00 18.70           C
ATOM    307  CE1 HIS A 187     -19.456 -22.628   8.323  1.00 18.66           C
ATOM    308  NE2 HIS A 187     -20.261 -23.671   8.223  1.00 21.90           N
ATOM    309  N   LEU A 188     -15.560 -23.264  11.480  1.00 16.40           N
ATOM    310  CA  LEU A 188     -15.256 -21.859  11.698  1.00 14.33           C
ATOM    311  C   LEU A 188     -16.058 -20.996  10.738  1.00 16.82           C
ATOM    312  O   LEU A 188     -16.141 -21.289   9.527  1.00 15.26           O
ATOM    313  CB  LEU A 188     -13.761 -21.602  11.512  1.00 13.49           C
ATOM    314  CG  LEU A 188     -12.853 -21.922  12.696  1.00 16.50           C
ATOM    315  CD1 LEU A 188     -11.390 -21.816  12.290  1.00 18.24           C
ATOM    316  CD2 LEU A 188     -13.163 -20.975  13.841  1.00 15.22           C
ATOM    317  N   VAL A 189     -16.613 -19.915  11.271  1.00 15.19           N
ATOM    318  CA  VAL A 189     -17.596 -19.127  10.543  1.00 13.95           C
ATOM    319  C   VAL A 189     -17.130 -18.784   9.129  1.00 14.59           C
ATOM    320  O   VAL A 189     -15.970 -18.432   8.894  1.00 13.02           O
ATOM    321  CB  VAL A 189     -17.957 -17.836  11.316  1.00 15.19           C
ATOM    322  CG1 VAL A 189     -16.788 -16.866  11.361  1.00 13.58           C
ATOM    323  CG2 VAL A 189     -19.191 -17.168  10.700  1.00 19.68           C
ATOM    324  N   VAL A 190     -18.041 -18.966   8.183  1.00 16.77           N
ATOM    325  CA  VAL A 190     -17.814 -18.617   6.786  1.00 18.83           C
ATOM    326  C   VAL A 190     -18.720 -17.429   6.469  1.00 18.58           C
ATOM    327  O   VAL A 190     -19.925 -17.526   6.604  1.00 17.97           O
ATOM    328  CB  VAL A 190     -18.113 -19.808   5.843  1.00 19.02           C
ATOM    329  CG1 VAL A 190     -18.145 -19.357   4.367  1.00 16.14           C
ATOM    330  CG2 VAL A 190     -17.092 -20.917   6.052  1.00 17.67           C
ATOM    331  N   VAL A 191     -18.146 -16.297   6.086  1.00 16.96           N
ATOM    332  CA  VAL A 191     -18.956 -15.094   5.909  1.00 16.61           C
ATOM    333  C   VAL A 191     -19.163 -14.813   4.424  1.00 21.27           C
ATOM    334  O   VAL A 191     -18.196 -14.541   3.705  1.00 19.05           O
ATOM    335  CB  VAL A 191     -18.302 -13.887   6.589  1.00 19.68           C
ATOM    336  CG1 VAL A 191     -19.161 -12.637   6.414  1.00 16.81           C
ATOM    337  CG2 VAL A 191     -18.073 -14.187   8.076  1.00 17.57           C
ATOM    338  N   THR A 192     -20.410 -14.895   3.960  1.00 17.29           N
ATOM    339  CA  THR A 192     -20.686 -14.767   2.523  1.00 21.54           C
ATOM    340  C   THR A 192     -21.558 -13.571   2.143  1.00 21.36           C
ATOM    341  O   THR A 192     -21.854 -13.372   0.976  1.00 21.17           O
ATOM    342  CB  THR A 192     -21.344 -16.046   1.963  1.00 19.51           C
ATOM    343  OG1 THR A 192     -22.486 -16.392   2.755  1.00 23.52           O
ATOM    344  CG2 THR A 192     -20.354 -17.193   2.007  1.00 19.60           C
ATOM    345  N   SER A 193     -21.938 -12.744   3.107  1.00 18.59           N
ATOM    346  CA  SER A 193     -22.678 -11.549   2.755  1.00 21.89           C
ATOM    347  C   SER A 193     -22.432 -10.451   3.763  1.00 26.64           C
ATOM    348  O   SER A 193     -21.913 -10.693   4.856  1.00 19.28           O
ATOM    349  CB  SER A 193     -24.172 -11.847   2.681  1.00 23.78           C
ATOM    350  OG  SER A 193     -24.655 -12.141   3.986  1.00 23.32           O
ATOM    351  N   TRP A 194     -22.825  -9.241   3.378  1.00 27.24           N
ATOM    352  CA  TRP A 194     -22.794  -8.087   4.260  1.00 24.77           C
ATOM    353  C   TRP A 194     -23.633  -8.331   5.504  1.00 25.57           C
```

```
ATOM    354  O   TRP A 194     -23.199  -8.061   6.624  1.00 26.59           O
ATOM    355  CB  TRP A 194     -23.295  -6.845   3.519  1.00 28.68           C
ATOM    356  CG  TRP A 194     -23.125  -5.572   4.283  1.00 38.36           C
ATOM    357  CD1 TRP A 194     -24.116  -4.747   4.741  1.00 37.90           C
ATOM    358  CD2 TRP A 194     -21.884  -4.976   4.696  1.00 44.56           C
ATOM    359  NE1 TRP A 194     -23.569  -3.668   5.400  1.00 43.45           N
ATOM    360  CE2 TRP A 194     -22.202  -3.785   5.388  1.00 46.98           C
ATOM    361  CE3 TRP A 194     -20.538  -5.334   4.546  1.00 36.22           C
ATOM    362  CZ2 TRP A 194     -21.219  -2.949   5.932  1.00 52.52           C
ATOM    363  CZ3 TRP A 194     -19.560  -4.503   5.089  1.00 42.44           C
ATOM    364  CH2 TRP A 194     -19.908  -3.325   5.773  1.00 54.05           C
ATOM    365  N   GLU A 195     -24.848  -8.824   5.293  1.00 26.92           N
ATOM    366  CA  GLU A 195     -25.764  -9.112   6.385  1.00 23.47           C
ATOM    367  C   GLU A 195     -25.105  -9.996   7.433  1.00 23.12           C
ATOM    368  O   GLU A 195     -25.175  -9.715   8.632  1.00 28.18           O
ATOM    369  CB  GLU A 195     -27.037  -9.781   5.846  1.00 30.26           C
ATOM    370  CG  GLU A 195     -27.820 -10.627   6.876  1.00 40.78           C
ATOM    371  CD  GLU A 195     -27.676 -12.144   6.673  1.00 40.62           C
ATOM    372  OE1 GLU A 195     -27.945 -12.645   5.559  1.00 43.62           O
ATOM    373  OE2 GLU A 195     -27.294 -12.841   7.634  1.00 42.10           O
ATOM    374  N   GLU A 196     -24.454 -11.059   6.975  1.00 20.16           N
ATOM    375  CA  GLU A 196     -23.824 -12.005   7.884  1.00 25.02           C
ATOM    376  C   GLU A 196     -22.610 -11.407   8.600  1.00 21.89           C
ATOM    377  O   GLU A 196     -22.377 -11.689   9.775  1.00 18.44           O
ATOM    378  CB  GLU A 196     -23.416 -13.265   7.136  1.00 20.96           C
ATOM    379  CG  GLU A 196     -22.822 -14.312   8.049  1.00 22.24           C
ATOM    380  CD  GLU A 196     -22.589 -15.613   7.337  1.00 22.15           C
ATOM    381  OE1 GLU A 196     -22.492 -15.604   6.093  1.00 19.92           O
ATOM    382  OE2 GLU A 196     -22.506 -16.645   8.028  1.00 24.74           O
ATOM    383  N   GLN A 197     -21.851 -10.584   7.881  1.00 18.28           N
ATOM    384  CA  GLN A 197     -20.751  -9.817   8.456  1.00 18.47           C
ATOM    385  C   GLN A 197     -21.217  -8.914   9.600  1.00 24.91           C
ATOM    386  O   GLN A 197     -20.639  -8.924  10.694  1.00 18.25           O
ATOM    387  CB  GLN A 197     -20.084  -8.973   7.373  1.00 18.68           C
ATOM    388  CG  GLN A 197     -19.167  -7.888   7.890  1.00 23.19           C
ATOM    389  CD  GLN A 197     -17.832  -8.428   8.348  1.00 19.88           C
ATOM    390  OE1 GLN A 197     -17.290  -9.361   7.758  1.00 19.94           O
ATOM    391  NE2 GLN A 197     -17.289  -7.840   9.406  1.00 20.73           N
ATOM    392  N   LYS A 198     -22.253  -8.118   9.334  1.00 26.27           N
ATOM    393  CA  LYS A 198     -22.775  -7.197  10.330  1.00 20.44           C
ATOM    394  C   LYS A 198     -23.308  -7.995  11.495  1.00 18.19           C
ATOM    395  O   LYS A 198     -23.199  -7.578  12.637  1.00 20.09           O
ATOM    396  CB  LYS A 198     -23.886  -6.312   9.757  1.00 26.97           C
ATOM    397  CG  LYS A 198     -23.441  -5.226   8.806  1.00 32.65           C
ATOM    398  CD  LYS A 198     -24.652  -4.387   8.368  1.00 47.94           C
ATOM    399  CE  LYS A 198     -25.404  -3.782   9.568  1.00 44.86           C
ATOM    400  NZ  LYS A 198     -26.475  -2.822   9.154  1.00 46.87           N
ATOM    401  N   PHE A 199     -23.903  -9.142  11.196  1.00 16.78           N
ATOM    402  CA  PHE A 199     -24.438  -9.981  12.248  1.00 18.71           C
ATOM    403  C   PHE A 199     -23.319 -10.480  13.161  1.00 19.39           C
ATOM    404  O   PHE A 199     -23.448 -10.481  14.383  1.00 19.46           O
ATOM    405  CB  PHE A 199     -25.204 -11.163  11.669  1.00 15.44           C
ATOM    406  CG  PHE A 199     -25.498 -12.218  12.675  1.00 18.84           C
ATOM    407  CD2 PHE A 199     -24.739 -13.374  12.732  1.00 22.90           C
ATOM    408  CD1 PHE A 199     -26.510 -12.045  13.596  1.00 23.16           C
ATOM    409  CE2 PHE A 199     -24.998 -14.339  13.686  1.00 25.42           C
ATOM    410  CE1 PHE A 199     -26.775 -13.011  14.557  1.00 24.25           C
ATOM    411  CZ  PHE A 199     -26.023 -14.155  14.603  1.00 20.45           C
ATOM    412  N   VAL A 200     -22.220 -10.923  12.568  1.00 20.88           N
ATOM    413  CA  VAL A 200     -21.127 -11.461  13.366  1.00 19.97           C
ATOM    414  C   VAL A 200     -20.361 -10.342  14.096  1.00 19.76           C
ATOM    415  O   VAL A 200     -20.037 -10.494  15.267  1.00 18.57           O
ATOM    416  CB  VAL A 200     -20.201 -12.301  12.496  1.00 20.92           C
ATOM    417  CG1 VAL A 200     -18.898 -12.658  13.243  1.00 18.59           C
ATOM    418  CG2 VAL A 200     -20.942 -13.551  12.046  1.00 16.54           C
ATOM    419  N   GLN A 201     -20.126  -9.211  13.430  1.00 19.23           N
ATOM    420  CA  GLN A 201     -19.564  -8.024  14.096  1.00 22.96           C
ATOM    421  C   GLN A 201     -20.288  -7.714  15.403  1.00 25.56           C
ATOM    422  O   GLN A 201     -19.649  -7.493  16.437  1.00 22.68           O
ATOM    423  CB  GLN A 201     -19.648  -6.781  13.199  1.00 23.94           C
ATOM    424  CG  GLN A 201     -18.493  -6.549  12.235  1.00 24.31           C
```

```
ATOM    425  CD  GLN A 201     -18.865  -5.570  11.096  1.00 31.70           C
ATOM    426  OE1 GLN A 201     -18.274  -5.595  10.007  1.00 25.36           O
ATOM    427  NE2 GLN A 201     -19.856  -4.718  11.349  1.00 28.05           N
ATOM    428  N   HIS A 202     -21.625  -7.687  15.349  1.00 19.95           N
ATOM    429  CA  HIS A 202     -22.415  -7.330  16.514  1.00 20.60           C
ATOM    430  C   HIS A 202     -22.126  -8.228  17.715  1.00 23.45           C
ATOM    431  O   HIS A 202     -21.915  -7.742  18.822  1.00 26.55           O
ATOM    432  CB  HIS A 202     -23.906  -7.382  16.207  1.00 22.12           C
ATOM    433  CG  HIS A 202     -24.758  -7.236  17.425  1.00 21.72           C
ATOM    434  ND1 HIS A 202     -25.123  -6.010  17.931  1.00 25.57           N
ATOM    435  CD2 HIS A 202     -25.276  -8.160  18.267  1.00 25.38           C
ATOM    436  CE1 HIS A 202     -25.846  -6.183  19.022  1.00 23.46           C
ATOM    437  NE2 HIS A 202     -25.958  -7.481  19.244  1.00 23.52           N
ATOM    438  N   HIS A 203     -22.128  -9.537  17.495  1.00 22.74           N
ATOM    439  CA  HIS A 203     -21.920 -10.478  18.584  1.00 21.81           C
ATOM    440  C   HIS A 203     -20.469 -10.633  19.043  1.00 21.12           C
ATOM    441  O   HIS A 203     -20.243 -11.066  20.168  1.00 31.14           O
ATOM    442  CB  HIS A 203     -22.455 -11.849  18.201  1.00 19.70           C
ATOM    443  CG  HIS A 203     -23.947 -11.937  18.209  1.00 27.48           C
ATOM    444  ND1 HIS A 203     -24.669 -12.220  19.349  1.00 27.80           N
ATOM    445  CD2 HIS A 203     -24.855 -11.767  17.220  1.00 22.28           C
ATOM    446  CE1 HIS A 203     -25.958 -12.223  19.061  1.00 21.84           C
ATOM    447  NE2 HIS A 203     -26.097 -11.945  17.777  1.00 20.85           N
ATOM    448  N   ILE A 204     -19.487 -10.319  18.206  1.00 19.01           N
ATOM    449  CA  ILE A 204     -18.102 -10.491  18.664  1.00 24.65           C
ATOM    450  C   ILE A 204     -17.506  -9.213  19.247  1.00 23.37           C
ATOM    451  O   ILE A 204     -16.502  -9.262  19.956  1.00 29.46           O
ATOM    452  CB  ILE A 204     -17.156 -10.992  17.550  1.00 19.60           C
ATOM    453  CG1 ILE A 204     -17.032  -9.970  16.421  1.00 22.94           C
ATOM    454  CG2 ILE A 204     -17.581 -12.351  17.037  1.00 18.69           C
ATOM    455  CD1 ILE A 204     -15.981 -10.357  15.400  1.00 18.85           C
ATOM    456  N   GLY A 205     -18.118  -8.075  18.954  1.00 21.26           N
ATOM    457  CA  GLY A 205     -17.663  -6.811  19.504  1.00 22.73           C
ATOM    458  C   GLY A 205     -16.273  -6.438  19.025  1.00 24.53           C
ATOM    459  O   GLY A 205     -15.782  -6.990  18.041  1.00 29.29           O
ATOM    460  N   PRO A 206     -15.614  -5.508  19.729  1.00 27.53           N
ATOM    461  CA  PRO A 206     -14.313  -5.000  19.264  1.00 25.17           C
ATOM    462  C   PRO A 206     -13.141  -5.982  19.496  1.00 23.26           C
ATOM    463  O   PRO A 206     -12.078  -5.584  19.979  1.00 27.76           O
ATOM    464  CB  PRO A 206     -14.137  -3.729  20.092  1.00 24.03           C
ATOM    465  CG  PRO A 206     -14.809  -4.066  21.394  1.00 21.52           C
ATOM    466  CD  PRO A 206     -16.016  -4.911  21.018  1.00 22.26           C
ATOM    467  N   VAL A 207     -13.325  -7.240  19.114  1.00 21.78           N
ATOM    468  CA  VAL A 207     -12.381  -8.298  19.464  1.00 22.06           C
ATOM    469  C   VAL A 207     -11.844  -9.063  18.248  1.00 21.75           C
ATOM    470  O   VAL A 207     -12.602  -9.464  17.361  1.00 16.31           O
ATOM    471  CB  VAL A 207     -13.044  -9.308  20.425  1.00 18.92           C
ATOM    472  CG1 VAL A 207     -12.057 -10.360  20.865  1.00 16.73           C
ATOM    473  CG2 VAL A 207     -13.637  -8.587  21.612  1.00 15.45           C
ATOM    474  N   ASN A 208     -10.532  -9.277  18.220  1.00 20.49           N
ATOM    475  CA  ASN A 208      -9.922 -10.105  17.191  1.00 18.16           C
ATOM    476  C   ASN A 208     -10.499 -11.507  17.256  1.00 15.84           C
ATOM    477  O   ASN A 208     -10.423 -12.147  18.294  1.00 16.63           O
ATOM    478  CB  ASN A 208      -8.413 -10.156  17.367  1.00 16.49           C
ATOM    479  CG  ASN A 208      -7.741  -8.839  17.055  1.00 18.40           C
ATOM    480  OD1 ASN A 208      -6.915  -8.354  17.828  1.00 21.56           O
ATOM    481  ND2 ASN A 208      -8.067  -8.269  15.912  1.00 15.53           N
ATOM    482  N   THR A 209     -11.073 -11.982  16.157  1.00 14.76           N
ATOM    483  CA  THR A 209     -11.804 -13.251  16.157  1.00 13.30           C
ATOM    484  C   THR A 209     -11.524 -14.065  14.892  1.00 14.80           C
ATOM    485  O   THR A 209     -11.708 -13.581  13.778  1.00 13.11           O
ATOM    486  CB  THR A 209     -13.330 -13.001  16.288  1.00 15.05           C
ATOM    487  OG1 THR A 209     -13.573 -12.186  17.436  1.00 17.23           O
ATOM    488  CG2 THR A 209     -14.102 -14.310  16.450  1.00 12.52           C
ATOM    489  N   TRP A 210     -11.075 -15.300  15.058  1.00 12.28           N
ATOM    490  CA  TRP A 210     -10.804 -16.146  13.905  1.00 13.62           C
ATOM    491  C   TRP A 210     -12.057 -16.440  13.089  1.00 15.28           C
ATOM    492  O   TRP A 210     -13.124 -16.679  13.649  1.00 14.02           O
ATOM    493  CB  TRP A 210     -10.197 -17.482  14.330  1.00 13.45           C
ATOM    494  CG  TRP A 210      -8.783 -17.472  14.852  1.00 12.79           C
ATOM    495  CD1 TRP A 210      -8.352 -18.038  16.003  1.00 14.29           C
```

```
ATOM    496  CD2 TRP A 210      -7.619 -16.907  14.223  1.00 12.57           C
ATOM    497  NE1 TRP A 210      -6.992 -17.868  16.141  1.00 14.57           N
ATOM    498  CE2 TRP A 210      -6.521 -17.177  15.057  1.00 12.81           C
ATOM    499  CE3 TRP A 210      -7.401 -16.202  13.033  1.00 13.91           C
ATOM    500  CZ2 TRP A 210      -5.225 -16.755  14.754  1.00 15.48           C
ATOM    501  CZ3 TRP A 210      -6.107 -15.791  12.729  1.00 15.74           C
ATOM    502  CH2 TRP A 210      -5.038 -16.076  13.582  1.00 14.80           C
ATOM    503  N   MET A 211     -11.917 -16.443  11.763  1.00 14.46           N
ATOM    504  CA  MET A 211     -12.972 -16.939  10.897  1.00 13.94           C
ATOM    505  C   MET A 211     -12.389 -18.101  10.107  1.00 18.15           C
ATOM    506  O   MET A 211     -11.183 -18.368  10.203  1.00 14.39           O
ATOM    507  CB  MET A 211     -13.511 -15.843   9.973  1.00 14.29           C
ATOM    508  CG  MET A 211     -12.639 -15.552   8.758  1.00 15.21           C
ATOM    509  SD  MET A 211     -13.121 -14.063   7.849  1.00 15.99           S
ATOM    510  CE  MET A 211     -12.617 -12.803   9.002  1.00 13.06           C
ATOM    511  N   GLY A 212     -13.234 -18.800   9.348  1.00 16.19           N
ATOM    512  CA  GLY A 212     -12.811 -20.001   8.645  1.00 14.73           C
ATOM    513  C   GLY A 212     -12.179 -19.746   7.292  1.00 14.61           C
ATOM    514  O   GLY A 212     -12.524 -20.367   6.306  1.00 14.25           O
ATOM    515  N   LEU A 213     -11.231 -18.824   7.260  1.00 15.62           N
ATOM    516  CA  LEU A 213     -10.589 -18.426   6.023  1.00 13.96           C
ATOM    517  C   LEU A 213      -9.080 -18.461   6.261  1.00 16.13           C
ATOM    518  O   LEU A 213      -8.604 -17.950   7.283  1.00 13.92           O
ATOM    519  CB  LEU A 213     -11.069 -17.041   5.609  1.00 12.59           C
ATOM    520  CG  LEU A 213     -10.425 -16.377   4.404  1.00 13.49           C
ATOM    521  CD1 LEU A 213     -10.715 -17.173   3.139  1.00 12.34           C
ATOM    522  CD2 LEU A 213     -10.899 -14.942   4.283  1.00 13.03           C
ATOM    523  N   HIS A 214      -8.348 -19.107   5.356  1.00 14.35           N
ATOM    524  CA  HIS A 214      -6.894 -19.291   5.509  1.00 16.41           C
ATOM    525  C   HIS A 214      -6.244 -19.539   4.160  1.00 18.20           C
ATOM    526  O   HIS A 214      -6.940 -19.874   3.207  1.00 16.31           O
ATOM    527  CB  HIS A 214      -6.577 -20.464   6.440  1.00 13.36           C
ATOM    528  CG  HIS A 214      -6.949 -21.797   5.874  1.00 17.43           C
ATOM    529  ND1 HIS A 214      -6.016 -22.687   5.391  1.00 23.48           N
ATOM    530  CD2 HIS A 214      -8.158 -22.382   5.690  1.00 19.34           C
ATOM    531  CE1 HIS A 214      -6.630 -23.772   4.949  1.00 21.50           C
ATOM    532  NE2 HIS A 214      -7.930 -23.613   5.122  1.00 22.11           N
ATOM    533  N   ASP A 215      -4.920 -19.376   4.079  1.00 18.22           N
ATOM    534  CA  ASP A 215      -4.188 -19.750   2.867  1.00 17.30           C
ATOM    535  C   ASP A 215      -2.925 -20.539   3.240  1.00 19.55           C
ATOM    536  O   ASP A 215      -1.834 -20.316   2.712  1.00 19.31           O
ATOM    537  CB  ASP A 215      -3.849 -18.504   2.029  1.00 14.78           C
ATOM    538  CG  ASP A 215      -2.730 -17.641   2.638  1.00 17.69           C
ATOM    539  OD1 ASP A 215      -2.483 -17.688   3.869  1.00 15.15           O
ATOM    540  OD2 ASP A 215      -2.095 -16.899   1.866  1.00 17.44           O
ATOM    541  N   GLN A 216      -3.078 -21.470   4.167  1.00 21.06           N
ATOM    542  CA  GLN A 216      -1.934 -22.227   4.657  1.00 24.33           C
ATOM    543  C   GLN A 216      -1.340 -23.160   3.607  1.00 21.68           C
ATOM    544  O   GLN A 216      -0.150 -23.452   3.649  1.00 24.43           O
ATOM    545  CB  GLN A 216      -2.333 -23.029   5.886  1.00 23.90           C
ATOM    546  CG  GLN A 216      -2.684 -22.189   7.079  1.00 20.99           C
ATOM    547  CD  GLN A 216      -3.202 -23.036   8.215  1.00 30.17           C
ATOM    548  OE1 GLN A 216      -4.266 -23.648   8.110  1.00 26.71           O
ATOM    549  NE2 GLN A 216      -2.440 -23.098   9.305  1.00 40.70           N
ATOM    550  N   ASN A 217      -2.162 -23.621   2.668  1.00 23.32           N
ATOM    551  CA  ASN A 217      -1.685 -24.532   1.629  1.00 20.04           C
ATOM    552  C   ASN A 217      -1.612 -23.852   0.283  1.00 24.86           C
ATOM    553  O   ASN A 217      -1.540 -24.510  -0.756  1.00 27.21           O
ATOM    554  CB  ASN A 217      -2.588 -25.759   1.517  1.00 28.11           C
ATOM    555  CG  ASN A 217      -2.888 -26.378   2.852  1.00 32.30           C
ATOM    556  OD1 ASN A 217      -4.055 -26.547   3.218  1.00 38.88           O
ATOM    557  ND2 ASN A 217      -1.841 -26.715   3.600  1.00 27.42           N
ATOM    558  N   GLY A 218      -1.658 -22.529   0.295  1.00 22.21           N
ATOM    559  CA  GLY A 218      -1.460 -21.777  -0.918  1.00 20.14           C
ATOM    560  C   GLY A 218      -2.428 -20.632  -1.068  1.00 22.88           C
ATOM    561  O   GLY A 218      -2.165 -19.536  -0.571  1.00 23.78           O
ATOM    562  N   PRO A 219      -3.534 -20.871  -1.791  1.00 26.59           N
ATOM    563  CA  PRO A 219      -4.537 -19.838  -2.062  1.00 23.67           C
ATOM    564  C   PRO A 219      -5.541 -19.712  -0.933  1.00 20.80           C
ATOM    565  O   PRO A 219      -5.700 -20.647  -0.143  1.00 21.41           O
ATOM    566  CB  PRO A 219      -5.216 -20.342  -3.341  1.00 21.68           C
```

```
ATOM    567  CG  PRO A 219      -5.134 -21.823  -3.228  1.00 22.20           C
ATOM    568  CD  PRO A 219      -3.775 -22.087  -2.592  1.00 27.98           C
ATOM    569  N   TRP A 220      -6.210 -18.564  -0.867  1.00 19.23           N
ATOM    570  CA  TRP A 220      -7.281 -18.357   0.093  1.00 20.89           C
ATOM    571  C   TRP A 220      -8.394 -19.370  -0.119  1.00 18.11           C
ATOM    572  O   TRP A 220      -8.890 -19.549  -1.237  1.00 16.24           O
ATOM    573  CB  TRP A 220      -7.818 -16.924   0.000  1.00 20.98           C
ATOM    574  CG  TRP A 220      -6.855 -15.955   0.591  1.00 19.44           C
ATOM    575  CD1 TRP A 220      -6.071 -15.058  -0.079  1.00 22.05           C
ATOM    576  CD2 TRP A 220      -6.519 -15.825   1.977  1.00 16.53           C
ATOM    577  NE1 TRP A 220      -5.286 -14.361   0.811  1.00 14.72           N
ATOM    578  CE2 TRP A 220      -5.539 -14.815   2.077  1.00 13.97           C
ATOM    579  CE3 TRP A 220      -6.958 -16.456   3.143  1.00 12.82           C
ATOM    580  CZ2 TRP A 220      -4.997 -14.422   3.295  1.00 16.02           C
ATOM    581  CZ3 TRP A 220      -6.422 -16.062   4.347  1.00 15.01           C
ATOM    582  CH2 TRP A 220      -5.449 -15.060   4.418  1.00 18.72           C
ATOM    583  N   LYS A 221      -8.744 -20.038   0.979  1.00 18.43           N
ATOM    584  CA  LYS A 221      -9.784 -21.059   1.030  1.00 20.12           C
ATOM    585  C   LYS A 221     -10.651 -20.866   2.269  1.00 17.14           C
ATOM    586  O   LYS A 221     -10.133 -20.648   3.354  1.00 17.85           O
ATOM    587  CB  LYS A 221      -9.169 -22.463   1.059  1.00 22.71           C
ATOM    588  CG  LYS A 221      -8.599 -22.928  -0.263  1.00 30.31           C
ATOM    589  CD  LYS A 221      -7.862 -24.250  -0.113  1.00 39.91           C
ATOM    590  CE  LYS A 221      -7.419 -24.776  -1.471  1.00 44.01           C
ATOM    591  NZ  LYS A 221      -6.601 -26.016  -1.336  1.00 58.69           N
ATOM    592  N   TRP A 222     -11.965 -20.938   2.096  1.00 20.05           N
ATOM    593  CA  TRP A 222     -12.893 -21.059   3.220  1.00 18.07           C
ATOM    594  C   TRP A 222     -12.973 -22.520   3.658  1.00 15.25           C
ATOM    595  O   TRP A 222     -12.883 -23.404   2.821  1.00 22.45           O
ATOM    596  CB  TRP A 222     -14.280 -20.553   2.827  1.00 18.47           C
ATOM    597  CG  TRP A 222     -14.383 -19.074   2.639  1.00 15.11           C
ATOM    598  CD1 TRP A 222     -14.384 -18.397   1.458  1.00 15.59           C
ATOM    599  CD2 TRP A 222     -14.536 -18.090   3.667  1.00 12.30           C
ATOM    600  NE1 TRP A 222     -14.525 -17.045   1.686  1.00 17.01           N
ATOM    601  CE2 TRP A 222     -14.621 -16.834   3.037  1.00 14.83           C
ATOM    602  CE3 TRP A 222     -14.607 -18.148   5.058  1.00 15.63           C
ATOM    603  CZ2 TRP A 222     -14.774 -15.651   3.749  1.00 14.19           C
ATOM    604  CZ3 TRP A 222     -14.750 -16.975   5.761  1.00 14.82           C
ATOM    605  CH2 TRP A 222     -14.833 -15.741   5.103  1.00 16.93           C
ATOM    606  N   VAL A 223     -13.160 -22.781   4.948  1.00 18.67           N
ATOM    607  CA  VAL A 223     -13.104 -24.154   5.453  1.00 21.37           C
ATOM    608  C   VAL A 223     -14.214 -25.092   4.955  1.00 19.54           C
ATOM    609  O   VAL A 223     -14.002 -26.293   4.883  1.00 26.83           O
ATOM    610  CB  VAL A 223     -13.127 -24.195   7.000  1.00 20.27           C
ATOM    611  CG1 VAL A 223     -11.823 -23.684   7.550  1.00 16.93           C
ATOM    612  CG2 VAL A 223     -14.323 -23.424   7.546  1.00 13.22           C
ATOM    613  N   ASP A 224     -15.391 -24.575   4.627  1.00 20.49           N
ATOM    614  CA  ASP A 224     -16.455 -25.453   4.129  1.00 28.05           C
ATOM    615  C   ASP A 224     -16.450 -25.610   2.592  1.00 31.47           C
ATOM    616  O   ASP A 224     -17.344 -26.231   2.017  1.00 34.41           O
ATOM    617  CB  ASP A 224     -17.832 -24.956   4.606  1.00 26.17           C
ATOM    618  CG  ASP A 224     -18.313 -23.720   3.861  1.00 30.40           C
ATOM    619  OD1 ASP A 224     -17.480 -22.971   3.288  1.00 27.86           O
ATOM    620  OD2 ASP A 224     -19.548 -23.486   3.866  1.00 41.83           O
ATOM    621  N   GLY A 225     -15.442 -25.060   1.930  1.00 26.37           N
ATOM    622  CA  GLY A 225     -15.325 -25.234   0.495  1.00 24.35           C
ATOM    623  C   GLY A 225     -15.828 -24.060  -0.325  1.00 26.11           C
ATOM    624  O   GLY A 225     -15.605 -24.021  -1.532  1.00 30.45           O
ATOM    625  N   THR A 226     -16.512 -23.114   0.322  1.00 28.38           N
ATOM    626  CA  THR A 226     -16.991 -21.894  -0.346  1.00 26.57           C
ATOM    627  C   THR A 226     -15.853 -21.219  -1.107  1.00 27.23           C
ATOM    628  O   THR A 226     -14.732 -21.105  -0.602  1.00 25.68           O
ATOM    629  CB  THR A 226     -17.587 -20.886   0.669  1.00 26.04           C
ATOM    630  OG1 THR A 226     -18.644 -21.511   1.408  1.00 31.78           O
ATOM    631  CG2 THR A 226     -18.109 -19.649  -0.025  1.00 22.83           C
ATOM    632  N   ASP A 227     -16.131 -20.791  -2.331  1.00 25.74           N
ATOM    633  CA  ASP A 227     -15.101 -20.198  -3.157  1.00 24.58           C
ATOM    634  C   ASP A 227     -14.769 -18.774  -2.724  1.00 27.29           C
ATOM    635  O   ASP A 227     -15.658 -17.943  -2.523  1.00 23.84           O
ATOM    636  CB  ASP A 227     -15.523 -20.199  -4.625  1.00 31.00           C
ATOM    637  CG  ASP A 227     -14.712 -19.226  -5.447  1.00 33.32           C
```

```
ATOM    638  OD1 ASP A 227     -13.509 -19.502  -5.653  1.00 36.87           O
ATOM    639  OD2 ASP A 227     -15.261 -18.175  -5.849  1.00 32.69           O
ATOM    640  N   TYR A 228     -13.480 -18.485  -2.609  1.00 25.74           N
ATOM    641  CA  TYR A 228     -13.055 -17.195  -2.090  1.00 22.35           C
ATOM    642  C   TYR A 228     -13.186 -16.074  -3.109  1.00 22.96           C
ATOM    643  O   TYR A 228     -13.706 -15.006  -2.779  1.00 21.88           O
ATOM    644  CB  TYR A 228     -11.610 -17.272  -1.590  1.00 17.43           C
ATOM    645  CG  TYR A 228     -10.989 -15.928  -1.261  1.00 18.06           C
ATOM    646  CD2 TYR A 228     -10.176 -15.269  -2.181  1.00 19.30           C
ATOM    647  CD1 TYR A 228     -11.208 -15.316  -0.019  1.00 18.53           C
ATOM    648  CE2 TYR A 228      -9.602 -14.021  -1.886  1.00 18.76           C
ATOM    649  CE1 TYR A 228     -10.630 -14.081   0.293  1.00 15.99           C
ATOM    650  CZ  TYR A 228      -9.826 -13.436  -0.643  1.00 20.11           C
ATOM    651  OH  TYR A 228      -9.245 -12.212  -0.342  1.00 16.25           O
ATOM    652  N   GLU A 229     -12.717 -16.293  -4.339  1.00 24.84           N
ATOM    653  CA  GLU A 229     -12.560 -15.153  -5.244  1.00 26.92           C
ATOM    654  C   GLU A 229     -13.890 -14.532  -5.653  1.00 27.92           C
ATOM    655  O   GLU A 229     -13.958 -13.314  -5.816  1.00 23.76           O
ATOM    656  CB  GLU A 229     -11.744 -15.529  -6.482  1.00 31.64           C
ATOM    657  CG  GLU A 229     -12.229 -16.734  -7.265  1.00 42.79           C
ATOM    658  CD  GLU A 229     -11.112 -17.346  -8.115  1.00 43.21           C
ATOM    659  OE1 GLU A 229     -10.142 -16.627  -8.448  1.00 39.47           O
ATOM    660  OE2 GLU A 229     -11.196 -18.552  -8.440  1.00 52.24           O
ATOM    661  N   THR A 230     -14.945 -15.341  -5.782  1.00 26.03           N
ATOM    662  CA  THR A 230     -16.276 -14.802  -6.087  1.00 26.83           C
ATOM    663  C   THR A 230     -17.120 -14.519  -4.847  1.00 30.75           C
ATOM    664  O   THR A 230     -18.233 -14.006  -4.945  1.00 30.18           O
ATOM    665  CB  THR A 230     -17.090 -15.754  -6.977  1.00 27.80           C
ATOM    666  OG1 THR A 230     -17.113 -17.052  -6.378  1.00 25.69           O
ATOM    667  CG2 THR A 230     -16.472 -15.855  -8.362  1.00 25.73           C
ATOM    668  N   GLY A 231     -16.610 -14.872  -3.678  1.00 25.26           N
ATOM    669  CA  GLY A 231     -17.362 -14.653  -2.463  1.00 27.26           C
ATOM    670  C   GLY A 231     -17.154 -13.274  -1.878  1.00 26.63           C
ATOM    671  O   GLY A 231     -16.290 -12.519  -2.321  1.00 25.15           O
ATOM    672  N   PHE A 232     -17.973 -12.959  -0.882  1.00 23.85           N
ATOM    673  CA  PHE A 232     -17.839 -11.763  -0.056  1.00 25.36           C
ATOM    674  C   PHE A 232     -16.433 -11.627   0.530  1.00 22.51           C
ATOM    675  O   PHE A 232     -15.815 -12.623   0.898  1.00 24.64           O
ATOM    676  CB  PHE A 232     -18.875 -11.820   1.062  1.00 23.46           C
ATOM    677  CG  PHE A 232     -18.859 -10.645   1.971  1.00 24.65           C
ATOM    678  CD1 PHE A 232     -19.395  -9.429   1.564  1.00 19.49           C
ATOM    679  CD2 PHE A 232     -18.354 -10.760   3.254  1.00 17.94           C
ATOM    680  CE1 PHE A 232     -19.391  -8.337   2.414  1.00 21.52           C
ATOM    681  CE2 PHE A 232     -18.350  -9.671   4.102  1.00 20.16           C
ATOM    682  CZ  PHE A 232     -18.870  -8.457   3.678  1.00 22.04           C
ATOM    683  N   LYS A 233     -15.923 -10.400   0.576  1.00 24.28           N
ATOM    684  CA  LYS A 233     -14.642 -10.099   1.224  1.00 22.92           C
ATOM    685  C   LYS A 233     -14.782  -8.799   1.978  1.00 22.84           C
ATOM    686  O   LYS A 233     -15.471  -7.891   1.516  1.00 22.56           O
ATOM    687  CB  LYS A 233     -13.495  -9.991   0.212  1.00 17.41           C
ATOM    688  CG  LYS A 233     -13.227 -11.274  -0.560  1.00 20.00           C
ATOM    689  CD  LYS A 233     -12.285 -11.032  -1.710  1.00 21.13           C
ATOM    690  CE  LYS A 233     -12.419 -12.105  -2.767  1.00 26.26           C
ATOM    691  NZ  LYS A 233     -13.753 -12.082  -3.453  1.00 23.06           N
ATOM    692  N   ASN A 234     -14.132  -8.705   3.134  1.00 17.57           N
ATOM    693  CA  ASN A 234     -14.165  -7.467   3.910  1.00 21.38           C
ATOM    694  C   ASN A 234     -12.791  -7.112   4.486  1.00 19.87           C
ATOM    695  O   ASN A 234     -12.683  -6.685   5.629  1.00 23.24           O
ATOM    696  CB  ASN A 234     -15.212  -7.571   5.033  1.00 18.47           C
ATOM    697  CG  ASN A 234     -15.554  -6.222   5.643  1.00 19.07           C
ATOM    698  OD1 ASN A 234     -15.762  -6.106   6.848  1.00 22.84           O
ATOM    699  ND2 ASN A 234     -15.579  -5.191   4.817  1.00 21.10           N
ATOM    700  N   TRP A 235     -11.742  -7.311   3.697  1.00 19.16           N
ATOM    701  CA  TRP A 235     -10.390  -6.975   4.135  1.00 22.32           C
ATOM    702  C   TRP A 235     -10.264  -5.498   4.467  1.00 20.90           C
ATOM    703  O   TRP A 235     -10.730  -4.642   3.719  1.00 27.44           O
ATOM    704  CB  TRP A 235      -9.354  -7.319   3.063  1.00 20.49           C
ATOM    705  CG  TRP A 235      -9.281  -8.753   2.684  1.00 20.76           C
ATOM    706  CD1 TRP A 235      -9.712  -9.314   1.523  1.00 19.71           C
ATOM    707  CD2 TRP A 235      -8.736  -9.816   3.467  1.00 18.48           C
ATOM    708  NE1 TRP A 235      -9.475 -10.663   1.532  1.00 18.33           N
```

```
ATOM    709  CE2 TRP A 235      -8.869 -10.998   2.713  1.00 17.93           C
ATOM    710  CE3 TRP A 235      -8.135  -9.883   4.730  1.00 17.04           C
ATOM    711  CZ2 TRP A 235      -8.427 -12.236   3.180  1.00 18.19           C
ATOM    712  CZ3 TRP A 235      -7.703 -11.102   5.193  1.00 14.22           C
ATOM    713  CH2 TRP A 235      -7.855 -12.269   4.423  1.00 16.87           C
ATOM    714  N   ARG A 236      -9.630  -5.198   5.585  1.00 23.85           N
ATOM    715  CA  ARG A 236      -9.169  -3.842   5.826  1.00 25.84           C
ATOM    716  C   ARG A 236      -8.260  -3.466   4.669  1.00 25.73           C
ATOM    717  O   ARG A 236      -7.521  -4.318   4.166  1.00 27.18           O
ATOM    718  CB  ARG A 236      -8.428  -3.743   7.159  1.00 24.94           C
ATOM    719  CG  ARG A 236      -8.108  -2.312   7.586  1.00 32.25           C
ATOM    720  CD  ARG A 236      -7.436  -2.288   8.947  1.00 30.42           C
ATOM    721  NE  ARG A 236      -6.217  -3.084   8.934  1.00 38.54           N
ATOM    722  CZ  ARG A 236      -5.711  -3.700  10.000  1.00 39.09           C
ATOM    723  NH1 ARG A 236      -6.327  -3.608  11.176  1.00 39.28           N
ATOM    724  NH2 ARG A 236      -4.588  -4.409   9.889  1.00 27.72           N
ATOM    725  N   PRO A 237      -8.333  -2.210   4.212  1.00 25.65           N
ATOM    726  CA  PRO A 237      -7.412  -1.747   3.167  1.00 31.88           C
ATOM    727  C   PRO A 237      -5.951  -2.048   3.497  1.00 27.32           C
ATOM    728  O   PRO A 237      -5.531  -1.839   4.638  1.00 28.86           O
ATOM    729  CB  PRO A 237      -7.678  -0.242   3.122  1.00 33.60           C
ATOM    730  CG  PRO A 237      -9.149  -0.156   3.436  1.00 32.49           C
ATOM    731  CD  PRO A 237      -9.367  -1.203   4.515  1.00 29.17           C
ATOM    732  N   GLU A 238      -5.231  -2.563   2.501  1.00 21.38           N
ATOM    733  CA  GLU A 238      -3.843  -3.022   2.608  1.00 23.04           C
ATOM    734  C   GLU A 238      -3.741  -4.424   3.231  1.00 19.36           C
ATOM    735  O   GLU A 238      -2.648  -4.901   3.526  1.00 20.85           O
ATOM    736  CB  GLU A 238      -2.978  -2.022   3.397  1.00 26.89           C
ATOM    737  CG  GLU A 238      -2.828  -0.651   2.740  1.00 31.80           C
ATOM    738  CD  GLU A 238      -2.337   0.424   3.713  1.00 51.15           C
ATOM    739  OE1 GLU A 238      -2.205   0.128   4.926  1.00 50.89           O
ATOM    740  OE2 GLU A 238      -2.101   1.573   3.269  1.00 56.05           O
ATOM    741  N   GLN A 239      -4.872  -5.089   3.427  1.00 20.11           N
ATOM    742  CA  GLN A 239      -4.840  -6.495   3.825  1.00 21.60           C
ATOM    743  C   GLN A 239      -5.501  -7.317   2.736  1.00 19.53           C
ATOM    744  O   GLN A 239      -6.332  -6.792   2.011  1.00 21.20           O
ATOM    745  CB  GLN A 239      -5.543  -6.726   5.166  1.00 17.31           C
ATOM    746  CG  GLN A 239      -5.020  -5.893   6.310  1.00 21.03           C
ATOM    747  CD  GLN A 239      -3.565  -6.156   6.618  1.00 18.65           C
ATOM    748  OE1 GLN A 239      -3.045  -7.232   6.343  1.00 17.67           O
ATOM    749  NE2 GLN A 239      -2.897  -5.165   7.184  1.00 18.18           N
ATOM    750  N   PRO A 240      -5.132  -8.601   2.601  1.00 16.46           N
ATOM    751  CA  PRO A 240      -4.108  -9.345   3.337  1.00 20.08           C
ATOM    752  C   PRO A 240      -2.696  -8.938   2.901  1.00 19.97           C
ATOM    753  O   PRO A 240      -2.486  -8.679   1.708  1.00 19.33           O
ATOM    754  CB  PRO A 240      -4.412 -10.806   2.966  1.00 15.73           C
ATOM    755  CG  PRO A 240      -4.999 -10.714   1.622  1.00 20.40           C
ATOM    756  CD  PRO A 240      -5.783  -9.438   1.580  1.00 18.17           C
ATOM    757  N   ASP A 241      -1.744  -8.882   3.830  1.00 16.04           N
ATOM    758  CA  ASP A 241      -0.399  -8.446   3.472  1.00 12.88           C
ATOM    759  C   ASP A 241       0.663  -9.491   3.732  1.00 12.48           C
ATOM    760  O   ASP A 241       1.842  -9.234   3.490  1.00 15.24           O
ATOM    761  CB  ASP A 241      -0.035  -7.164   4.212  1.00 15.52           C
ATOM    762  CG  ASP A 241      -0.053  -7.332   5.733  1.00 19.38           C
ATOM    763  OD1 ASP A 241      -0.451  -8.416   6.231  1.00 19.33           O
ATOM    764  OD2 ASP A 241       0.293  -6.358   6.430  1.00 17.43           O
ATOM    765  N   ASP A 242       0.249 -10.652   4.237  1.00 17.41           N
ATOM    766  CA  ASP A 242       1.166 -11.774   4.527  1.00 16.54           C
ATOM    767  C   ASP A 242       2.465 -11.313   5.190  1.00 16.20           C
ATOM    768  O   ASP A 242       3.572 -11.552   4.700  1.00 18.85           O
ATOM    769  CB  ASP A 242       1.487 -12.530   3.261  1.00 16.74           C
ATOM    770  CG  ASP A 242       2.053 -13.888   3.538  1.00 21.40           C
ATOM    771  OD1 ASP A 242       1.481 -14.576   4.413  1.00 17.68           O
ATOM    772  OD2 ASP A 242       3.066 -14.253   2.887  1.00 16.85           O
ATOM    773  N   TRP A 243       2.301 -10.617   6.299  1.00 15.83           N
ATOM    774  CA  TRP A 243       3.382  -9.929   6.960  1.00 16.80           C
ATOM    775  C   TRP A 243       4.390 -10.913   7.545  1.00 16.03           C
ATOM    776  O   TRP A 243       4.020 -11.905   8.153  1.00 15.06           O
ATOM    777  CB  TRP A 243       2.799  -9.041   8.043  1.00 19.08           C
ATOM    778  CG  TRP A 243       3.727  -8.029   8.570  1.00 24.75           C
ATOM    779  CD1 TRP A 243       4.591  -7.248   7.857  1.00 21.85           C
```

```
ATOM    780  CD2 TRP A 243       3.888  -7.665   9.942  1.00 19.00           C
ATOM    781  NE1 TRP A 243       5.274  -6.417   8.707  1.00 20.11           N
ATOM    782  CE2 TRP A 243       4.858  -6.653   9.993  1.00 17.79           C
ATOM    783  CE3 TRP A 243       3.296  -8.092  11.133  1.00 19.98           C
ATOM    784  CZ2 TRP A 243       5.259  -6.067  11.189  1.00 19.26           C
ATOM    785  CZ3 TRP A 243       3.697  -7.508  12.321  1.00 19.32           C
ATOM    786  CH2 TRP A 243       4.666  -6.508  12.338  1.00 14.64           C
ATOM    787  N   TYR A 244       5.671 -10.643   7.350  1.00 19.42           N
ATOM    788  CA  TYR A 244       6.694 -11.486   7.945  1.00 20.57           C
ATOM    789  C   TYR A 244       7.295 -10.760   9.140  1.00 19.06           C
ATOM    790  O   TYR A 244       8.022 -11.353   9.930  1.00 17.76           O
ATOM    791  CB  TYR A 244       7.784 -11.833   6.932  1.00 18.60           C
ATOM    792  CG  TYR A 244       7.501 -13.035   6.056  1.00 24.25           C
ATOM    793  CD1 TYR A 244       6.568 -12.970   5.020  1.00 17.33           C
ATOM    794  CD2 TYR A 244       8.189 -14.228   6.244  1.00 24.36           C
ATOM    795  CE1 TYR A 244       6.321 -14.070   4.203  1.00 18.22           C
ATOM    796  CE2 TYR A 244       7.945 -15.342   5.436  1.00 21.75           C
ATOM    797  CZ  TYR A 244       7.016 -15.257   4.415  1.00 19.74           C
ATOM    798  OH  TYR A 244       6.776 -16.367   3.620  1.00 14.89           O
ATOM    799  N   GLY A 245       6.958  -9.478   9.265  1.00 19.02           N
ATOM    800  CA  GLY A 245       7.658  -8.568  10.152  1.00 20.36           C
ATOM    801  C   GLY A 245       7.367  -8.768  11.621  1.00 19.87           C
ATOM    802  O   GLY A 245       7.941  -8.086  12.475  1.00 21.29           O
ATOM    803  N   HIS A 246       6.463  -9.696  11.910  1.00 19.33           N
ATOM    804  CA  HIS A 246       6.150 -10.062  13.277  1.00 17.48           C
ATOM    805  C   HIS A 246       7.284 -10.899  13.844  1.00 18.02           C
ATOM    806  O   HIS A 246       7.418 -11.015  15.053  1.00 22.65           O
ATOM    807  CB  HIS A 246       4.825 -10.823  13.340  1.00 15.31           C
ATOM    808  CG  HIS A 246       4.719 -11.907  12.316  1.00 19.52           C
ATOM    809  ND1 HIS A 246       5.326 -13.134  12.467  1.00 16.40           N
ATOM    810  CD2 HIS A 246       4.101 -11.937  11.112  1.00 16.23           C
ATOM    811  CE1 HIS A 246       5.085 -13.875  11.400  1.00 17.63           C
ATOM    812  NE2 HIS A 246       4.343 -13.172  10.564  1.00 16.33           N
ATOM    813  N   GLY A 247       8.098 -11.482  12.968  1.00 18.78           N
ATOM    814  CA  GLY A 247       9.295 -12.193  13.394  1.00 17.32           C
ATOM    815  C   GLY A 247       9.030 -13.544  14.022  1.00 19.13           C
ATOM    816  O   GLY A 247       9.904 -14.116  14.677  1.00 21.71           O
ATOM    817  N   LEU A 248       7.828 -14.074  13.811  1.00 20.58           N
ATOM    818  CA  LEU A 248       7.427 -15.330  14.447  1.00 17.12           C
ATOM    819  C   LEU A 248       7.676 -16.527  13.537  1.00 14.44           C
ATOM    820  O   LEU A 248       7.656 -17.670  13.977  1.00 17.33           O
ATOM    821  CB  LEU A 248       5.951 -15.270  14.852  1.00 19.74           C
ATOM    822  CG  LEU A 248       5.635 -14.119  15.804  1.00 17.23           C
ATOM    823  CD1 LEU A 248       4.193 -14.202  16.254  1.00 17.05           C
ATOM    824  CD2 LEU A 248       6.599 -14.120  17.007  1.00 16.08           C
ATOM    825  N   GLY A 249       7.920 -16.261  12.263  1.00 17.53           N
ATOM    826  CA  GLY A 249       8.159 -17.332  11.315  1.00 16.74           C
ATOM    827  C   GLY A 249       7.032 -17.381  10.316  1.00 15.59           C
ATOM    828  O   GLY A 249       5.874 -17.344  10.708  1.00 17.37           O
ATOM    829  N   GLY A 250       7.370 -17.451   9.029  1.00 14.92           N
ATOM    830  CA  GLY A 250       6.370 -17.435   7.982  1.00 19.03           C
ATOM    831  C   GLY A 250       5.672 -16.090   7.891  1.00 20.35           C
ATOM    832  O   GLY A 250       6.054 -15.119   8.549  1.00 18.82           O
ATOM    833  N   GLY A 251       4.646 -16.022   7.057  1.00 21.60           N
ATOM    834  CA  GLY A 251       3.910 -14.787   6.880  1.00 17.04           C
ATOM    835  C   GLY A 251       2.691 -14.851   7.752  1.00 16.59           C
ATOM    836  O   GLY A 251       2.778 -15.115   8.952  1.00 22.55           O
ATOM    837  N   GLU A 252       1.539 -14.636   7.137  1.00 16.53           N
ATOM    838  CA  GLU A 252       0.272 -14.664   7.846  1.00 15.39           C
ATOM    839  C   GLU A 252      -0.760 -15.400   7.016  1.00 17.17           C
ATOM    840  O   GLU A 252      -1.021 -15.027   5.864  1.00 14.07           O
ATOM    841  CB  GLU A 252      -0.201 -13.253   8.143  1.00 15.30           C
ATOM    842  CG  GLU A 252       0.748 -12.448   8.970  1.00 16.44           C
ATOM    843  CD  GLU A 252       0.242 -11.045   9.189  1.00 18.48           C
ATOM    844  OE1 GLU A 252       0.261 -10.579  10.340  1.00 16.20           O
ATOM    845  OE2 GLU A 252      -0.159 -10.400   8.200  1.00 15.99           O
ATOM    846  N   ASP A 253      -1.355 -16.437   7.590  1.00 15.10           N
ATOM    847  CA  ASP A 253      -2.163 -17.337   6.787  1.00 16.04           C
ATOM    848  C   ASP A 253      -3.600 -17.499   7.243  1.00 15.46           C
ATOM    849  O   ASP A 253      -4.310 -18.320   6.713  1.00 17.45           O
ATOM    850  CB  ASP A 253      -1.519 -18.719   6.745  1.00 15.26           C
```

```
ATOM    851  CG  ASP A 253      -0.090 -18.683   6.258  1.00 18.84           C
ATOM    852  OD1 ASP A 253       0.337 -17.664   5.670  1.00 19.76           O
ATOM    853  OD2 ASP A 253       0.605 -19.703   6.423  1.00 24.71           O
ATOM    854  N   CYS A 254      -4.029 -16.745   8.238  1.00 15.58           N
ATOM    855  CA  CYS A 254      -5.321 -17.012   8.818  1.00 13.38           C
ATOM    856  C   CYS A 254      -6.083 -15.715   9.012  1.00 17.24           C
ATOM    857  O   CYS A 254      -5.577 -14.778   9.643  1.00 17.90           O
ATOM    858  CB  CYS A 254      -5.161 -17.762  10.147  1.00 17.64           C
ATOM    859  SG  CYS A 254      -4.659 -19.487   9.965  1.00 15.82           S
ATOM    860  N   ALA A 255      -7.298 -15.672   8.474  1.00 10.34           N
ATOM    861  CA  ALA A 255      -8.134 -14.474   8.555  1.00 15.36           C
ATOM    862  C   ALA A 255      -8.863 -14.334   9.886  1.00 16.38           C
ATOM    863  O   ALA A 255      -9.420 -15.293  10.424  1.00 15.65           O
ATOM    864  CB  ALA A 255      -9.153 -14.460   7.430  1.00 13.09           C
ATOM    865  N   HIS A 256      -8.886 -13.116  10.401  1.00 15.41           N
ATOM    866  CA  HIS A 256      -9.712 -12.834  11.552  1.00 16.09           C
ATOM    867  C   HIS A 256     -10.427 -11.512  11.367  1.00 14.49           C
ATOM    868  O   HIS A 256      -9.986 -10.664  10.599  1.00 17.03           O
ATOM    869  CB  HIS A 256      -8.874 -12.816  12.841  1.00 11.61           C
ATOM    870  CG  HIS A 256      -7.844 -11.733  12.885  1.00 15.00           C
ATOM    871  ND1 HIS A 256      -7.979 -10.609  13.673  1.00 13.69           N
ATOM    872  CD2 HIS A 256      -6.657 -11.605  12.245  1.00 13.08           C
ATOM    873  CE1 HIS A 256      -6.915  -9.840  13.522  1.00 15.34           C
ATOM    874  NE2 HIS A 256      -6.098 -10.423  12.661  1.00 15.12           N
ATOM    875  N   PHE A 257     -11.543 -11.357  12.065  1.00 16.75           N
ATOM    876  CA  PHE A 257     -12.147 -10.057  12.229  1.00 14.34           C
ATOM    877  C   PHE A 257     -11.246  -9.225  13.119  1.00 16.09           C
ATOM    878  O   PHE A 257     -10.752  -9.703  14.142  1.00 16.99           O
ATOM    879  CB  PHE A 257     -13.541 -10.159  12.844  1.00 13.50           C
ATOM    880  CG  PHE A 257     -14.430 -11.166  12.176  1.00 21.06           C
ATOM    881  CD2 PHE A 257     -14.462 -12.477  12.618  1.00 16.97           C
ATOM    882  CD1 PHE A 257     -15.233 -10.803  11.098  1.00 18.50           C
ATOM    883  CE2 PHE A 257     -15.277 -13.410  12.003  1.00 17.90           C
ATOM    884  CE1 PHE A 257     -16.049 -11.729  10.487  1.00 16.37           C
ATOM    885  CZ  PHE A 257     -16.066 -13.029  10.928  1.00 14.28           C
ATOM    886  N   THR A 258     -11.039  -7.979  12.734  1.00 15.18           N
ATOM    887  CA  THR A 258     -10.337  -7.053  13.597  1.00 19.93           C
ATOM    888  C   THR A 258     -11.351  -6.356  14.465  1.00 22.34           C
ATOM    889  O   THR A 258     -12.557  -6.616  14.356  1.00 28.29           O
ATOM    890  CB  THR A 258      -9.553  -6.014  12.814  1.00 18.33           C
ATOM    891  OG1 THR A 258     -10.468  -5.213  12.058  1.00 17.14           O
ATOM    892  CG2 THR A 258      -8.569  -6.692  11.876  1.00 19.40           C
ATOM    893  N   ASP A 259     -10.869  -5.459  15.316  1.00 20.10           N
ATOM    894  CA  ASP A 259     -11.735  -4.749  16.250  1.00 23.59           C
ATOM    895  C   ASP A 259     -12.909  -4.037  15.572  1.00 23.64           C
ATOM    896  O   ASP A 259     -13.984  -3.947  16.148  1.00 24.14           O
ATOM    897  CB  ASP A 259     -10.911  -3.747  17.079  1.00 22.86           C
ATOM    898  CG  ASP A 259     -10.205  -2.685  16.223  1.00 30.45           C
ATOM    899  OD1 ASP A 259     -10.086  -2.851  14.987  1.00 32.11           O
ATOM    900  OD2 ASP A 259      -9.736  -1.679  16.808  1.00 36.17           O
ATOM    901  N   ASP A 260     -12.710  -3.542  14.351  1.00 27.68           N
ATOM    902  CA  ASP A 260     -13.762  -2.778  13.673  1.00 24.53           C
ATOM    903  C   ASP A 260     -14.544  -3.664  12.716  1.00 23.69           C
ATOM    904  O   ASP A 260     -15.474  -3.208  12.055  1.00 27.59           O
ATOM    905  CB  ASP A 260     -13.177  -1.551  12.934  1.00 23.65           C
ATOM    906  CG  ASP A 260     -12.279  -1.920  11.738  1.00 31.18           C
ATOM    907  OD1 ASP A 260     -12.578  -2.896  11.008  1.00 25.05           O
ATOM    908  OD2 ASP A 260     -11.267  -1.206  11.514  1.00 30.59           O
ATOM    909  N   GLY A 261     -14.138  -4.927  12.617  1.00 24.03           N
ATOM    910  CA  GLY A 261     -14.898  -5.908  11.863  1.00 18.76           C
ATOM    911  C   GLY A 261     -14.236  -6.262  10.550  1.00 17.99           C
ATOM    912  O   GLY A 261     -14.459  -7.331  10.004  1.00 13.89           O
ATOM    913  N   ARG A 262     -13.392  -5.373  10.048  1.00 19.30           N
ATOM    914  CA  ARG A 262     -12.709  -5.649   8.791  1.00 19.10           C
ATOM    915  C   ARG A 262     -11.659  -6.749   8.989  1.00 19.94           C
ATOM    916  O   ARG A 262     -11.216  -7.016  10.120  1.00 12.26           O
ATOM    917  CB  ARG A 262     -12.115  -4.356   8.232  1.00 20.66           C
ATOM    918  CG  ARG A 262     -13.219  -3.351   7.897  1.00 25.30           C
ATOM    919  CD  ARG A 262     -12.667  -2.017   7.453  1.00 28.34           C
ATOM    920  NE  ARG A 262     -11.765  -1.459   8.449  1.00 25.73           N
ATOM    921  CZ  ARG A 262     -11.035  -0.367   8.254  1.00 29.19           C
```

```
ATOM    922  NH1 ARG A 262     -11.114   0.278   7.100  1.00 24.96           N
ATOM    923  NH2 ARG A 262     -10.229   0.079   9.208  1.00 29.61           N
ATOM    924  N   TRP A 263     -11.307  -7.432   7.903  1.00 14.26           N
ATOM    925  CA  TRP A 263     -10.517  -8.648   8.041  1.00 16.50           C
ATOM    926  C   TRP A 263      -9.043  -8.337   8.000  1.00 15.53           C
ATOM    927  O   TRP A 263      -8.627  -7.337   7.443  1.00 16.65           O
ATOM    928  CB  TRP A 263     -10.851  -9.661   6.946  1.00 13.91           C
ATOM    929  CG  TRP A 263     -12.290 -10.013   6.862  1.00 16.25           C
ATOM    930  CD1 TRP A 263     -13.273  -9.643   7.721  1.00 13.40           C
ATOM    931  CD2 TRP A 263     -12.918 -10.804   5.846  1.00 17.03           C
ATOM    932  NE1 TRP A 263     -14.473 -10.156   7.314  1.00 15.19           N
ATOM    933  CE2 TRP A 263     -14.284 -10.870   6.160  1.00 14.98           C
ATOM    934  CE3 TRP A 263     -12.456 -11.455   4.697  1.00 13.09           C
ATOM    935  CZ2 TRP A 263     -15.196 -11.577   5.378  1.00 19.78           C
ATOM    936  CZ3 TRP A 263     -13.360 -12.154   3.922  1.00 16.68           C
ATOM    937  CH2 TRP A 263     -14.716 -12.206   4.261  1.00 16.08           C
ATOM    938  N   ASN A 264      -8.262  -9.226   8.588  1.00 15.51           N
ATOM    939  CA  ASN A 264      -6.816  -9.162   8.521  1.00 14.14           C
ATOM    940  C   ASN A 264      -6.313 -10.573   8.398  1.00 14.75           C
ATOM    941  O   ASN A 264      -6.994 -11.503   8.817  1.00 18.31           O
ATOM    942  CB  ASN A 264      -6.239  -8.490   9.768  1.00 17.34           C
ATOM    943  CG  ASN A 264      -4.721  -8.499   9.794  1.00 18.04           C
ATOM    944  OD1 ASN A 264      -4.070  -8.128   8.820  1.00 13.84           O
ATOM    945  ND2 ASN A 264      -4.151  -8.917  10.923  1.00 16.66           N
ATOM    946  N   ASP A 265      -5.146 -10.757   7.795  1.00 18.48           N
ATOM    947  CA  ASP A 265      -4.527 -12.072   7.800  1.00 18.19           C
ATOM    948  C   ASP A 265      -3.499 -11.991   8.902  1.00 17.54           C
ATOM    949  O   ASP A 265      -2.811 -10.980   9.030  1.00 18.38           O
ATOM    950  CB  ASP A 265      -3.912 -12.455   6.438  1.00 15.50           C
ATOM    951  CG  ASP A 265      -2.875 -11.458   5.943  1.00 16.55           C
ATOM    952  OD1 ASP A 265      -2.920 -10.277   6.358  1.00 15.74           O
ATOM    953  OD2 ASP A 265      -2.022 -11.858   5.106  1.00 16.21           O
ATOM    954  N   ASP A 266      -3.449 -13.013   9.745  1.00 15.99           N
ATOM    955  CA  ASP A 266      -2.527 -12.977  10.867  1.00 16.72           C
ATOM    956  C   ASP A 266      -1.843 -14.321  11.085  1.00 19.73           C
ATOM    957  O   ASP A 266      -2.100 -15.292  10.371  1.00 18.63           O
ATOM    958  CB  ASP A 266      -3.244 -12.542  12.139  1.00 15.67           C
ATOM    959  CG  ASP A 266      -2.356 -11.743  13.041  1.00 20.35           C
ATOM    960  OD2 ASP A 266      -2.877 -10.827  13.717  1.00 20.40           O
ATOM    961  OD1 ASP A 266      -1.130 -12.024  13.055  1.00 18.05           O
ATOM    962  N   VAL A 267      -0.951 -14.365  12.069  1.00 21.31           N
ATOM    963  CA  VAL A 267      -0.236 -15.588  12.357  1.00 20.03           C
ATOM    964  C   VAL A 267      -1.206 -16.604  12.957  1.00 17.18           C
ATOM    965  O   VAL A 267      -1.904 -16.301  13.923  1.00 19.78           O
ATOM    966  CB  VAL A 267       0.935 -15.327  13.302  1.00 18.16           C
ATOM    967  CG1 VAL A 267       1.670 -16.609  13.576  1.00 19.68           C
ATOM    968  CG2 VAL A 267       1.862 -14.301  12.685  1.00 15.95           C
ATOM    969  N   CYS A 268      -1.246 -17.803  12.383  1.00 12.37           N
ATOM    970  CA  CYS A 268      -2.213 -18.818  12.785  1.00 14.68           C
ATOM    971  C   CYS A 268      -2.031 -19.284  14.238  1.00 14.79           C
ATOM    972  O   CYS A 268      -2.960 -19.800  14.855  1.00 17.64           O
ATOM    973  CB  CYS A 268      -2.140 -20.010  11.832  1.00 15.66           C
ATOM    974  SG  CYS A 268      -2.628 -19.567  10.101  1.00 27.47           S
ATOM    975  N   GLN A 269      -0.851 -19.069  14.786  1.00 13.72           N
ATOM    976  CA  GLN A 269      -0.559 -19.493  16.149  1.00 16.48           C
ATOM    977  C   GLN A 269      -1.136 -18.565  17.190  1.00 15.79           C
ATOM    978  O   GLN A 269      -1.204 -18.920  18.376  1.00 17.70           O
ATOM    979  CB  GLN A 269       0.934 -19.562  16.397  1.00 17.79           C
ATOM    980  CG  GLN A 269       1.752 -20.417  15.507  1.00 20.66           C
ATOM    981  CD  GLN A 269       3.240 -20.205  15.825  1.00 31.48           C
ATOM    982  OE1 GLN A 269       3.870 -19.269  15.315  1.00 28.23           O
ATOM    983  NE2 GLN A 269       3.786 -21.039  16.708  1.00 24.46           N
ATOM    984  N   ARG A 270      -1.501 -17.358  16.781  1.00 13.72           N
ATOM    985  CA  ARG A 270      -2.043 -16.420  17.759  1.00 14.78           C
ATOM    986  C   ARG A 270      -3.318 -16.974  18.307  1.00 13.79           C
ATOM    987  O   ARG A 270      -4.116 -17.542  17.558  1.00 16.01           O
ATOM    988  CB  ARG A 270      -2.301 -15.045  17.162  1.00 13.63           C
ATOM    989  CG  ARG A 270      -1.059 -14.369  16.672  1.00 17.92           C
ATOM    990  CD  ARG A 270      -1.316 -12.904  16.442  1.00 15.26           C
ATOM    991  NE  ARG A 270      -0.240 -12.295  15.678  1.00 18.21           N
ATOM    992  CZ  ARG A 270       0.907 -11.880  16.206  1.00 17.13           C
```

```
ATOM    993  NH1 ARG A 270       1.137 -12.008  17.513  1.00 15.71           N
ATOM    994  NH2 ARG A 270       1.814 -11.320  15.426  1.00 12.96           N
ATOM    995  N   PRO A 271      -3.503 -16.833  19.623  1.00 14.36           N
ATOM    996  CA  PRO A 271      -4.769 -17.166  20.253  1.00 12.34           C
ATOM    997  C   PRO A 271      -5.760 -15.999  20.077  1.00 13.26           C
ATOM    998  O   PRO A 271      -5.535 -14.874  20.507  1.00 14.69           O
ATOM    999  CB  PRO A 271      -4.381 -17.391  21.727  1.00 15.38           C
ATOM   1000  CG  PRO A 271      -3.151 -16.556  21.928  1.00 15.88           C
ATOM   1001  CD  PRO A 271      -2.502 -16.336  20.593  1.00 15.31           C
ATOM   1002  N   TYR A 272      -6.855 -16.285  19.400  1.00 13.29           N
ATOM   1003  CA  TYR A 272      -7.918 -15.315  19.193  1.00 16.14           C
ATOM   1004  C   TYR A 272      -9.201 -16.027  19.549  1.00 13.34           C
ATOM   1005  O   TYR A 272      -9.224 -17.253  19.601  1.00 12.02           O
ATOM   1006  CB  TYR A 272      -7.982 -14.830  17.736  1.00 11.47           C
ATOM   1007  CG  TYR A 272      -6.967 -13.776  17.310  1.00 13.69           C
ATOM   1008  CD1 TYR A 272      -6.439 -12.872  18.213  1.00  9.93           C
ATOM   1009  CD2 TYR A 272      -6.574 -13.673  15.969  1.00 12.95           C
ATOM   1010  CE1 TYR A 272      -5.538 -11.914  17.807  1.00 11.19           C
ATOM   1011  CE2 TYR A 272      -5.684 -12.723  15.561  1.00  9.94           C
ATOM   1012  CZ  TYR A 272      -5.164 -11.845  16.484  1.00 14.00           C
ATOM   1013  OH  TYR A 272      -4.257 -10.893  16.080  1.00 17.41           O
ATOM   1014  N   ARG A 273     -10.271 -15.272  19.765  1.00 12.95           N
ATOM   1015  CA  ARG A 273     -11.572 -15.885  19.870  1.00 12.35           C
ATOM   1016  C   ARG A 273     -11.927 -16.389  18.493  1.00 14.06           C
ATOM   1017  O   ARG A 273     -11.229 -16.088  17.517  1.00 14.38           O
ATOM   1018  CB  ARG A 273     -12.611 -14.905  20.397  1.00 14.33           C
ATOM   1019  CG  ARG A 273     -12.364 -14.520  21.841  1.00 12.78           C
ATOM   1020  CD  ARG A 273     -13.449 -13.645  22.401  1.00 17.64           C
ATOM   1021  NE  ARG A 273     -13.276 -13.515  23.840  1.00 21.61           N
ATOM   1022  CZ  ARG A 273     -14.015 -12.742  24.625  1.00 24.75           C
ATOM   1023  NH1 ARG A 273     -14.997 -12.010  24.109  1.00 30.00           N
ATOM   1024  NH2 ARG A 273     -13.763 -12.702  25.930  1.00 20.72           N
ATOM   1025  N   TRP A 274     -12.986 -17.183  18.411  1.00 13.15           N
ATOM   1026  CA  TRP A 274     -13.420 -17.706  17.130  1.00 13.83           C
ATOM   1027  C   TRP A 274     -14.926 -17.845  17.166  1.00 15.15           C
ATOM   1028  O   TRP A 274     -15.525 -17.760  18.227  1.00 14.10           O
ATOM   1029  CB  TRP A 274     -12.758 -19.043  16.833  1.00 12.63           C
ATOM   1030  CG  TRP A 274     -13.207 -20.135  17.726  1.00 16.63           C
ATOM   1031  CD1 TRP A 274     -14.106 -21.107  17.428  1.00 18.08           C
ATOM   1032  CD2 TRP A 274     -12.780 -20.377  19.080  1.00 14.16           C
ATOM   1033  NE1 TRP A 274     -14.265 -21.951  18.507  1.00 15.30           N
ATOM   1034  CE2 TRP A 274     -13.463 -21.521  19.533  1.00 15.80           C
ATOM   1035  CE3 TRP A 274     -11.874 -19.744  19.944  1.00 16.39           C
ATOM   1036  CZ2 TRP A 274     -13.282 -22.046  20.822  1.00 16.41           C
ATOM   1037  CZ3 TRP A 274     -11.700 -20.261  21.226  1.00 17.93           C
ATOM   1038  CH2 TRP A 274     -12.407 -21.401  21.651  1.00 14.81           C
ATOM   1039  N   VAL A 275     -15.532 -18.025  16.003  1.00 13.91           N
ATOM   1040  CA  VAL A 275     -16.954 -18.282  15.911  1.00 14.90           C
ATOM   1041  C   VAL A 275     -17.157 -19.604  15.214  1.00 17.68           C
ATOM   1042  O   VAL A 275     -16.570 -19.843  14.160  1.00 16.82           O
ATOM   1043  CB  VAL A 275     -17.690 -17.199  15.126  1.00 15.04           C
ATOM   1044  CG1 VAL A 275     -19.194 -17.473  15.122  1.00 14.67           C
ATOM   1045  CG2 VAL A 275     -17.359 -15.825  15.676  1.00 12.68           C
ATOM   1046  N   CYS A 276     -17.993 -20.463  15.791  1.00 18.92           N
ATOM   1047  CA  CYS A 276     -18.396 -21.676  15.095  1.00 20.03           C
ATOM   1048  C   CYS A 276     -19.725 -21.444  14.397  1.00 19.45           C
ATOM   1049  O   CYS A 276     -20.581 -20.714  14.896  1.00 17.29           O
ATOM   1050  CB  CYS A 276     -18.493 -22.859  16.055  1.00 22.59           C
ATOM   1051  SG  CYS A 276     -16.895 -23.523  16.446  1.00 31.78           S
ATOM   1052  N   GLU A 277     -19.865 -22.050  13.225  1.00 18.94           N
ATOM   1053  CA  GLU A 277     -21.077 -21.941  12.437  1.00 21.40           C
ATOM   1054  C   GLU A 277     -21.492 -23.299  11.919  1.00 19.98           C
ATOM   1055  O   GLU A 277     -20.668 -24.086  11.467  1.00 20.59           O
ATOM   1056  CB  GLU A 277     -20.887 -20.988  11.263  1.00 17.46           C
ATOM   1057  CG  GLU A 277     -22.187 -20.673  10.536  1.00 21.39           C
ATOM   1058  CD  GLU A 277     -21.972 -20.063   9.154  1.00 22.43           C
ATOM   1059  OE1 GLU A 277     -20.817 -20.032   8.682  1.00 21.58           O
ATOM   1060  OE2 GLU A 277     -22.962 -19.607   8.540  1.00 22.39           O
ATOM   1061  N   THR A 278     -22.778 -23.572  11.998  1.00 19.21           N
ATOM   1062  CA  THR A 278     -23.351 -24.710  11.309  1.00 24.97           C
ATOM   1063  C   THR A 278     -24.612 -24.250  10.581  1.00 25.29           C
```

```
ATOM   1064  O   THR A 278     -25.166 -23.196  10.887  1.00 24.46           O
ATOM   1065  CB  THR A 278     -23.688 -25.846  12.267  1.00 25.96           C
ATOM   1066  OG1 THR A 278     -23.799 -27.063  11.527  1.00 36.51           O
ATOM   1067  CG2 THR A 278     -24.996 -25.566  12.973  1.00 23.69           C
ATOM   1068  N   GLU A 279     -25.065 -25.033   9.613  1.00 29.02           N
ATOM   1069  CA  GLU A 279     -26.228 -24.630   8.841  1.00 31.70           C
ATOM   1070  C   GLU A 279     -27.438 -25.498   9.167  1.00 29.56           C
ATOM   1071  O   GLU A 279     -27.299 -26.687   9.406  1.00 29.11           O
ATOM   1072  CB  GLU A 279     -25.911 -24.678   7.347  1.00 28.64           C
ATOM   1073  CG  GLU A 279     -24.969 -23.568   6.885  1.00 27.57           C
ATOM   1074  CD  GLU A 279     -23.497 -23.939   7.011  1.00 31.65           C
ATOM   1075  OE1 GLU A 279     -22.662 -23.026   7.182  1.00 30.86           O
ATOM   1076  OE2 GLU A 279     -23.166 -25.139   6.923  1.00 32.59           O
ATOM   1077  N   LEU A 280     -28.617 -24.885   9.219  1.00 34.32           N
ATOM   1078  CA  LEU A 280     -29.855 -25.649   9.304  1.00 35.91           C
ATOM   1079  C   LEU A 280     -30.265 -26.069   7.893  1.00 40.23           C
ATOM   1080  O   LEU A 280     -30.735 -27.187   7.666  1.00 43.65           O
ATOM   1081  CB  LEU A 280     -30.974 -24.837   9.959  1.00 37.40           C
ATOM   1082  CG  LEU A 280     -30.811 -24.359  11.398  1.00 33.17           C
ATOM   1083  CD1 LEU A 280     -32.064 -23.616  11.839  1.00 39.13           C
ATOM   1084  CD2 LEU A 280     -30.516 -25.518  12.322  1.00 36.44           C
ATOM   1085  OXT LEU A 280     -30.126 -25.285   6.942  1.00 35.92           O
HETATM 1086 CA    CA A1001      -0.390 -15.928   3.667  1.00 18.60          Ca
HETATM 1087 CA    CA A1002      -1.936  -8.931   8.005  1.00 15.61          Ca
HETATM 1088 CA    CA A1003     -22.072 -18.548   6.675  1.00 20.87          Ca
HETATM 1089 CL    CL A1004      -0.586 -12.976  20.217  1.00 15.82          Cl
HETATM 1090 CL    CL A1005     -16.511 -11.093  27.288  1.00 51.09          Cl
TER
HETATM 1091  C1  NGA D   1      -0.855  -5.202  11.893  1.00 29.65           C
HETATM 1092  C2  NGA D   1      -1.637  -6.424  11.455  1.00 25.74           C
HETATM 1093  C3  NGA D   1      -0.719  -7.433  10.877  1.00 19.12           C
HETATM 1094  C4  NGA D   1       0.140  -6.858   9.782  1.00 26.89           C
HETATM 1095  C5  NGA D   1       0.800  -5.564  10.227  1.00 27.00           C
HETATM 1096  C6  NGA D   1       1.564  -4.950   9.107  1.00 23.07           C
HETATM 1097  C7  NGA D   1      -3.674  -6.716  12.908  1.00 23.79           C
HETATM 1098  C8  NGA D   1      -4.345  -7.353  14.124  1.00 17.91           C
HETATM 1099  N2  NGA D   1      -2.306  -7.017  12.612  1.00 24.92           N
HETATM 1100  O1  NGA D   1      -1.657  -4.257  12.478  1.00 40.15           O
HETATM 1101  O3  NGA D   1      -1.485  -8.575  10.399  1.00 17.51           O
HETATM 1102  O4  NGA D   1      -0.627  -6.578   8.599  1.00 18.77           O
HETATM 1103  O5  NGA D   1      -0.199  -4.606  10.704  1.00 21.93           O
HETATM 1104  O6  NGA D   1       2.201  -3.801   9.619  1.00 23.93           O
HETATM 1105  O7  NGA D   1      -4.290  -5.954  12.181  1.00 26.58           O
TER
END
```

【０７４４】

【表４３】

表 10.2

ATOM	1	N	GLN	A	1	4.287	-11.302	31.298	1.00	52.13	N
ATOM	2	CA	GLN	A	1	2.840	-11.140	31.183	1.00	68.91	C
ATOM	3	C	GLN	A	1	2.320	-11.699	29.861	1.00	58.31	C
ATOM	4	O	GLN	A	1	3.071	-11.816	28.894	1.00	49.26	O
ATOM	5	CB	GLN	A	1	2.457	-9.664	31.320	1.00	75.74	C
ATOM	6	CG	GLN	A	1	2.710	-9.088	32.707	1.00	88.73	C
ATOM	7	CD	GLN	A	1	1.879	-9.771	33.783	1.00	100.20	C
ATOM	8	NE2	GLN	A	1	2.448	-9.903	34.978	1.00	94.67	N
ATOM	9	OE1	GLN	A	1	0.742	-10.179	33.539	1.00	98.51	O
ATOM	10	N	VAL	A	2	1.035	-12.043	29.824	1.00	56.43	N
ATOM	11	CA	VAL	A	2	0.425	-12.599	28.617	1.00	47.45	C
ATOM	12	C	VAL	A	2	0.210	-11.533	27.541	1.00	49.76	C
ATOM	13	O	VAL	A	2	-0.422	-10.506	27.790	1.00	52.22	O
ATOM	14	CB	VAL	A	2	-0.928	-13.275	28.926	1.00	51.59	C
ATOM	15	CG1	VAL	A	2	-1.627	-13.682	27.636	1.00	51.80	C
ATOM	16	CG2	VAL	A	2	-0.727	-14.481	29.825	1.00	44.15	C
ATOM	17	N	GLN	A	3	0.740	-11.785	26.348	1.00	39.57	N
ATOM	18	CA	GLN	A	3	0.582	-10.876	25.219	1.00	41.94	C
ATOM	19	C	GLN	A	3	0.085	-11.615	23.981	1.00	38.69	C
ATOM	20	O	GLN	A	3	0.586	-12.691	23.649	1.00	39.97	O
ATOM	21	CB	GLN	A	3	1.903	-10.176	24.891	1.00	40.78	C
ATOM	22	CG	GLN	A	3	2.450	-9.275	25.980	1.00	61.11	C
ATOM	23	CD	GLN	A	3	3.756	-8.612	25.570	1.00	71.25	C
ATOM	24	NE2	GLN	A	3	4.265	-7.724	26.417	1.00	63.18	N
ATOM	25	OE1	GLN	A	3	4.299	-8.899	24.502	1.00	74.87	O
ATOM	26	N	LEU	A	4	-0.896	-11.035	23.298	1.00	33.31	N
ATOM	27	CA	LEU	A	4	-1.361	-11.577	22.025	1.00	32.23	C
ATOM	28	C	LEU	A	4	-1.077	-10.581	20.903	1.00	34.08	C
ATOM	29	O	LEU	A	4	-1.523	-9.436	20.954	1.00	35.79	O
ATOM	30	CB	LEU	A	4	-2.854	-11.904	22.076	1.00	24.96	C
ATOM	31	CG	LEU	A	4	-3.339	-12.906	23.123	1.00	35.14	C
ATOM	32	CD1	LEU	A	4	-4.849	-13.045	23.036	1.00	33.63	C
ATOM	33	CD2	LEU	A	4	-2.665	-14.259	22.950	1.00	36.57	C
ATOM	34	N	VAL	A	5	-0.333	-11.023	19.894	1.00	34.68	N
ATOM	35	CA	VAL	A	5	0.072	-10.150	18.794	1.00	31.10	C
ATOM	36	C	VAL	A	5	-0.418	-10.708	17.466	1.00	27.37	C
ATOM	37	O	VAL	A	5	-0.029	-11.804	17.061	1.00	33.78	O
ATOM	38	CB	VAL	A	5	1.603	-9.971	18.747	1.00	33.23	C
ATOM	39	CG1	VAL	A	5	2.000	-9.098	17.564	1.00	39.33	C
ATOM	40	CG2	VAL	A	5	2.107	-9.365	20.052	1.00	30.20	C
ATOM	41	N	GLN	A	6	-1.280	-9.951	16.792	1.00	27.57	N
ATOM	42	CA	GLN	A	6	-1.882	-10.411	15.545	1.00	31.03	C
ATOM	43	C	GLN	A	6	-1.155	-9.849	14.333	1.00	32.02	C
ATOM	44	O	GLN	A	6	-0.447	-8.847	14.431	1.00	31.18	O
ATOM	45	CB	GLN	A	6	-3.362	-10.026	15.492	1.00	23.97	C
ATOM	46	CG	GLN	A	6	-4.154	-10.551	16.674	1.00	31.59	C
ATOM	47	CD	GLN	A	6	-5.613	-10.158	16.634	1.00	31.89	C
ATOM	48	NE2	GLN	A	6	-6.203	-10.163	15.438	1.00	30.10	N
ATOM	49	OE1	GLN	A	6	-6.210	-9.863	17.669	1.00	28.34	O
ATOM	50	N	SER	A	7	-1.343	-10.498	13.190	1.00	28.18	N
ATOM	51	CA	SER	A	7	-0.769	-10.018	11.941	1.00	37.96	C
ATOM	52	C	SER	A	7	-1.529	-8.784	11.456	1.00	36.31	C
ATOM	53	O	SER	A	7	-2.504	-8.356	12.088	1.00	29.94	O
ATOM	54	CB	SER	A	7	-0.782	-11.125	10.884	1.00	31.07	C
ATOM	55	OG	SER	A	7	-2.003	-11.840	10.917	1.00	34.72	O
ATOM	56	N	GLY	A	8	-1.084	-8.220	10.336	1.00	37.68	N
ATOM	57	CA	GLY	A	8	-1.579	-6.932	9.880	1.00	34.93	C
ATOM	58	C	GLY	A	8	-2.778	-6.994	8.957	1.00	39.24	C
ATOM	59	O	GLY	A	8	-3.278	-8.071	8.641	1.00	43.54	O
ATOM	60	N	THR	A	9	-3.221	-5.818	8.519	1.00	33.12	N
ATOM	61	CA	THR	A	9	-4.417	-5.660	7.698	1.00	34.90	C
ATOM	62	C	THR	A	9	-4.411	-6.499	6.424	1.00	34.53	C
ATOM	63	O	THR	A	9	-3.369	-6.699	5.809	1.00	36.17	O
ATOM	64	CB	THR	A	9	-4.612	-4.186	7.290	1.00	34.99	C
ATOM	65	OG1	THR	A	9	-4.305	-3.333	8.400	1.00	54.03	O
ATOM	66	CG2	THR	A	9	-6.032	-3.948	6.877	1.00	25.09	C
ATOM	67	N	GLU	A	10	-5.591	-6.977	6.042	1.00	38.28	N
ATOM	68	CA	GLU	A	10	-5.770	-7.781	4.840	1.00	36.11	C
ATOM	69	C	GLU	A	10	-6.846	-7.183	3.942	1.00	42.38	C

```
ATOM     70  O   GLU A  10      -7.825  -6.614   4.433  1.00 36.65           O
ATOM     71  CB  GLU A  10      -6.156  -9.217   5.204  1.00 41.15           C
ATOM     72  CG  GLU A  10      -5.177  -9.938   6.112  1.00 45.12           C
ATOM     73  CD  GLU A  10      -4.128 -10.719   5.342  1.00 54.57           C
ATOM     74  OE1 GLU A  10      -3.998 -10.501   4.118  1.00 60.79           O
ATOM     75  OE2 GLU A  10      -3.438 -11.556   5.963  1.00 51.03           O
ATOM     76  N   VAL A  11      -6.659  -7.314   2.630  1.00 33.01           N
ATOM     77  CA  VAL A  11      -7.690  -6.970   1.654  1.00 35.41           C
ATOM     78  C   VAL A  11      -7.886  -8.152   0.709  1.00 37.75           C
ATOM     79  O   VAL A  11      -6.920  -8.678   0.153  1.00 40.66           O
ATOM     80  CB  VAL A  11      -7.331  -5.718   0.826  1.00 41.44           C
ATOM     81  CG1 VAL A  11      -8.587  -5.137   0.181  1.00 34.49           C
ATOM     82  CG2 VAL A  11      -6.642  -4.681   1.692  1.00 43.75           C
ATOM     83  N   LYS A  12      -9.133  -8.572   0.535  1.00 35.34           N
ATOM     84  CA  LYS A  12      -9.430  -9.745  -0.276  1.00 34.88           C
ATOM     85  C   LYS A  12     -10.619  -9.497  -1.196  1.00 41.54           C
ATOM     86  O   LYS A  12     -11.503  -8.701  -0.881  1.00 37.51           O
ATOM     87  CB  LYS A  12      -9.716 -10.958   0.618  1.00 37.30           C
ATOM     88  CG  LYS A  12      -8.570 -11.375   1.529  1.00 31.97           C
ATOM     89  CD  LYS A  12      -7.396 -11.926   0.737  1.00 39.11           C
ATOM     90  CE  LYS A  12      -6.276 -12.372   1.664  1.00 40.25           C
ATOM     91  NZ  LYS A  12      -5.084 -12.848   0.910  1.00 43.21           N
ATOM     92  N   LYS A  13     -10.641 -10.186  -2.332  1.00 40.85           N
ATOM     93  CA  LYS A  13     -11.800 -10.147  -3.217  1.00 46.07           C
ATOM     94  C   LYS A  13     -12.873 -11.095  -2.687  1.00 41.63           C
ATOM     95  O   LYS A  13     -12.557 -12.058  -1.991  1.00 42.80           O
ATOM     96  CB  LYS A  13     -11.401 -10.525  -4.646  1.00 44.49           C
ATOM     97  CG  LYS A  13     -10.368  -9.597  -5.262  1.00 51.17           C
ATOM     98  CD  LYS A  13     -10.037 -10.015  -6.686  1.00 69.57           C
ATOM     99  CE  LYS A  13      -9.093  -9.026  -7.351  1.00 76.15           C
ATOM    100  NZ  LYS A  13      -8.805  -9.405  -8.763  1.00 81.80           N
ATOM    101  N   PRO A  14     -14.149 -10.815  -2.992  1.00 40.61           N
ATOM    102  CA  PRO A  14     -15.210 -11.741  -2.581  1.00 42.09           C
ATOM    103  C   PRO A  14     -14.959 -13.147  -3.124  1.00 43.49           C
ATOM    104  O   PRO A  14     -14.532 -13.286  -4.268  1.00 43.97           O
ATOM    105  CB  PRO A  14     -16.474 -11.125  -3.191  1.00 41.78           C
ATOM    106  CG  PRO A  14     -16.153  -9.669  -3.327  1.00 42.84           C
ATOM    107  CD  PRO A  14     -14.683  -9.605  -3.641  1.00 40.32           C
ATOM    108  N   GLY A  15     -15.191 -14.166  -2.302  1.00 44.15           N
ATOM    109  CA  GLY A  15     -14.989 -15.542  -2.716  1.00 39.13           C
ATOM    110  C   GLY A  15     -13.611 -16.090  -2.391  1.00 48.08           C
ATOM    111  O   GLY A  15     -13.385 -17.297  -2.469  1.00 45.50           O
ATOM    112  N   ALA A  16     -12.683 -15.208  -2.028  1.00 41.49           N
ATOM    113  CA  ALA A  16     -11.334 -15.636  -1.665  1.00 40.38           C
ATOM    114  C   ALA A  16     -11.263 -16.095  -0.209  1.00 44.65           C
ATOM    115  O   ALA A  16     -12.281 -16.184   0.478  1.00 39.46           O
ATOM    116  CB  ALA A  16     -10.340 -14.512  -1.908  1.00 42.69           C
ATOM    117  N   SER A  17     -10.052 -16.383   0.257  1.00 41.27           N
ATOM    118  C   SER A  17      -8.822 -15.906   2.328  1.00 41.94           C
ATOM    119  O   SER A  17      -7.925 -15.363   1.688  1.00 46.41           O
ATOM    120  CA ASER A  17      -9.841 -16.800   1.638  0.70 41.50           C
ATOM    121  CB ASER A  17      -9.382 -18.258   1.699  0.70 42.17           C
ATOM    122  OG ASER A  17     -10.402 -19.130   1.247  0.70 48.56           O
ATOM    123  CA BSER A  17      -9.844 -16.800   1.638  0.30 41.51           C
ATOM    124  CB BSER A  17      -9.387 -18.259   1.703  0.30 42.20           C
ATOM    125  OG BSER A  17      -8.050 -18.394   1.253  0.30 38.89           O
ATOM    126  N   VAL A  18      -8.963 -15.760   3.639  1.00 40.15           N
ATOM    127  CA  VAL A  18      -8.023 -14.966   4.414  1.00 37.97           C
ATOM    128  C   VAL A  18      -7.539 -15.771   5.615  1.00 36.78           C
ATOM    129  O   VAL A  18      -8.313 -16.499   6.237  1.00 43.11           O
ATOM    130  CB  VAL A  18      -8.657 -13.636   4.879  1.00 39.97           C
ATOM    131  CG1 VAL A  18      -9.911 -13.893   5.706  1.00 34.36           C
ATOM    132  CG2 VAL A  18      -7.651 -12.802   5.661  1.00 41.62           C
ATOM    133  N   LYS A  19      -6.251 -15.664   5.921  1.00 39.92           N
ATOM    134  CA  LYS A  19      -5.706 -16.304   7.110  1.00 40.61           C
ATOM    135  C   LYS A  19      -5.015 -15.279   8.012  1.00 41.01           C
ATOM    136  O   LYS A  19      -4.067 -14.610   7.599  1.00 42.89           O
ATOM    137  CB  LYS A  19      -4.737 -17.424   6.731  1.00 38.22           C
ATOM    138  CG  LYS A  19      -4.105 -18.105   7.932  1.00 35.23           C
ATOM    139  CD  LYS A  19      -3.153 -19.219   7.527  1.00 37.78           C
ATOM    140  CE  LYS A  19      -3.892 -20.532   7.324  1.00 52.29           C
```

```
ATOM    141  NZ  LYS A  19      -2.953 -21.693   7.310  1.00 57.68           N
ATOM    142  N   VAL A  20      -5.511 -15.165   9.241  1.00 38.03           N
ATOM    143  CA  VAL A  20      -4.982 -14.234  10.235  1.00 34.63           C
ATOM    144  C   VAL A  20      -4.240 -15.005  11.332  1.00 39.64           C
ATOM    145  O   VAL A  20      -4.658 -16.099  11.720  1.00 36.81           O
ATOM    146  CB  VAL A  20      -6.115 -13.388  10.867  1.00 33.08           C
ATOM    147  CG1 VAL A  20      -5.553 -12.359  11.839  1.00 39.43           C
ATOM    148  CG2 VAL A  20      -6.941 -12.707   9.784  1.00 38.82           C
ATOM    149  N   SER A  21      -3.144 -14.439  11.832  1.00 30.21           N
ATOM    150  CA  SER A  21      -2.338 -15.124  12.838  1.00 32.22           C
ATOM    151  C   SER A  21      -2.354 -14.384  14.168  1.00 34.12           C
ATOM    152  O   SER A  21      -2.566 -13.176  14.218  1.00 32.94           O
ATOM    153  CB  SER A  21      -0.892 -15.289  12.354  1.00 32.38           C
ATOM    154  OG  SER A  21      -0.205 -14.046  12.353  1.00 35.31           O
ATOM    155  N   CYS A  22      -2.116 -15.123  15.244  1.00 36.35           N
ATOM    156  CA  CYS A  22      -2.109 -14.565  16.587  1.00 33.43           C
ATOM    157  C   CYS A  22      -0.985 -15.204  17.401  1.00 38.78           C
ATOM    158  O   CYS A  22      -1.059 -16.380  17.757  1.00 39.38           O
ATOM    159  CB  CYS A  22      -3.468 -14.791  17.260  1.00 38.36           C
ATOM    160  SG  CYS A  22      -3.592 -14.210  18.969  1.00 47.87           S
ATOM    161  N   LYS A  23       0.064 -14.440  17.681  1.00 37.86           N
ATOM    162  CA  LYS A  23       1.207 -14.980  18.410  1.00 40.02           C
ATOM    163  C   LYS A  23       1.019 -14.817  19.912  1.00 36.84           C
ATOM    164  O   LYS A  23       0.925 -13.697  20.415  1.00 38.22           O
ATOM    165  CB  LYS A  23       2.506 -14.303  17.966  1.00 40.53           C
ATOM    166  CG  LYS A  23       3.763 -15.022  18.446  1.00 49.89           C
ATOM    167  CD  LYS A  23       5.015 -14.206  18.167  1.00 49.82           C
ATOM    168  CE  LYS A  23       6.195 -15.104  17.823  1.00 63.34           C
ATOM    169  NZ  LYS A  23       6.392 -16.183  18.827  1.00 59.88           N
ATOM    170  N   ALA A  24       0.960 -15.940  20.621  1.00 39.67           N
ATOM    171  CA  ALA A  24       0.756 -15.929  22.066  1.00 44.74           C
ATOM    172  C   ALA A  24       2.070 -16.103  22.819  1.00 52.29           C
ATOM    173  O   ALA A  24       2.952 -16.844  22.390  1.00 57.40           O
ATOM    174  CB  ALA A  24      -0.227 -17.014  22.468  1.00 43.19           C
ATOM    175  N   SER A  25       2.193 -15.416  23.949  1.00 49.70           N
ATOM    176  CA  SER A  25       3.390 -15.511  24.771  1.00 51.40           C
ATOM    177  C   SER A  25       3.108 -15.073  26.206  1.00 52.18           C
ATOM    178  O   SER A  25       2.195 -14.282  26.449  1.00 44.33           O
ATOM    179  CB  SER A  25       4.513 -14.665  24.171  1.00 54.47           C
ATOM    180  OG  SER A  25       4.108 -13.314  24.022  1.00 61.15           O
ATOM    181  N   GLY A  26       3.887 -15.597  27.149  1.00 43.62           N
ATOM    182  CA  GLY A  26       3.797 -15.182  28.539  1.00 42.96           C
ATOM    183  C   GLY A  26       2.914 -16.042  29.429  1.00 47.24           C
ATOM    184  O   GLY A  26       2.711 -15.718  30.599  1.00 47.28           O
ATOM    185  N   TYR A  27       2.388 -17.136  28.889  1.00 41.19           N
ATOM    186  CA  TYR A  27       1.504 -18.006  29.657  1.00 39.91           C
ATOM    187  C   TYR A  27       2.259 -18.809  30.704  1.00 53.27           C
ATOM    188  O   TYR A  27       3.307 -19.393  30.423  1.00 48.93           O
ATOM    189  CB  TYR A  27       0.740 -18.956  28.733  1.00 48.01           C
ATOM    190  CG  TYR A  27      -0.376 -18.280  27.978  1.00 52.64           C
ATOM    191  CD2 TYR A  27      -0.151 -17.727  26.726  1.00 45.16           C
ATOM    192  CD1 TYR A  27      -1.655 -18.180  28.526  1.00 47.65           C
ATOM    193  CE2 TYR A  27      -1.163 -17.099  26.032  1.00 50.12           C
ATOM    194  CE1 TYR A  27      -2.678 -17.555  27.837  1.00 41.89           C
ATOM    195  CZ  TYR A  27      -2.422 -17.015  26.590  1.00 49.26           C
ATOM    196  OH  TYR A  27      -3.417 -16.385  25.887  1.00 50.17           O
ATOM    197  N   THR A  28       1.705 -18.844  31.910  1.00 55.54           N
ATOM    198  CA  THR A  28       2.345 -19.511  33.035  1.00 52.97           C
ATOM    199  C   THR A  28       1.695 -20.867  33.330  1.00 58.74           C
ATOM    200  O   THR A  28       2.080 -21.560  34.275  1.00 53.17           O
ATOM    201  CB  THR A  28       2.301 -18.622  34.297  1.00 45.57           C
ATOM    202  CG2 THR A  28       0.870 -18.237  34.629  1.00 50.36           C
ATOM    203  OG1 THR A  28       2.873 -19.326  35.405  1.00 80.42           O
ATOM    204  O   PHE A  29      -0.347 -22.422  30.294  1.00 42.50           O
ATOM    205  N   PHE A  29       0.711 -21.242  32.516  1.00 52.37           N
ATOM    206  CA  PHE A  29       0.048 -22.536  32.661  1.00 40.27           C
ATOM    207  C   PHE A  29      -0.288 -23.133  31.297  1.00 41.00           C
ATOM    208  CB  PHE A  29      -1.216 -22.409  33.519  1.00 44.95           C
ATOM    209  CG  PHE A  29      -2.147 -21.312  33.081  1.00 42.97           C
ATOM    210  CD2 PHE A  29      -2.146 -20.087  33.728  1.00 44.83           C
ATOM    211  CD1 PHE A  29      -3.034 -21.512  32.034  1.00 41.74           C
```

```
ATOM    212  CE2 PHE A  29      -3.005 -19.077  33.334  1.00 49.55           C
ATOM    213  CE1 PHE A  29      -3.893 -20.508  31.635  1.00 43.96           C
ATOM    214  CZ  PHE A  29      -3.879 -19.287  32.286  1.00 50.75           C
ATOM    215  O   THR A  30      -1.919 -25.101  28.021  1.00 42.53           O
ATOM    216  N   THR A  30      -0.530 -24.439  31.272  1.00 40.36           N
ATOM    217  CA  THR A  30      -0.586 -25.179  30.016  1.00 42.39           C
ATOM    218  C   THR A  30      -1.914 -25.074  29.255  1.00 42.49           C
ATOM    219  CB  THR A  30      -0.281 -26.682  30.251  1.00 43.93           C
ATOM    220  OG1 THR A  30      -1.295 -27.254  31.083  1.00 62.78           O
ATOM    221  CG2 THR A  30       1.071 -26.857  30.923  1.00 45.80           C
ATOM    222  O   ASN A  31      -5.415 -23.080  30.210  1.00 32.62           O
ATOM    223  N   ASN A  31      -3.035 -24.959  29.965  1.00 33.58           N
ATOM    224  CA  ASN A  31      -4.334 -25.021  29.288  1.00 29.92           C
ATOM    225  C   ASN A  31      -5.085 -23.699  29.201  1.00 35.69           C
ATOM    226  CB  ASN A  31      -5.230 -26.055  29.963  1.00 36.07           C
ATOM    227  CG  ASN A  31      -4.646 -27.449  29.903  1.00 37.13           C
ATOM    228  OD1 ASN A  31      -4.449 -28.006  28.821  1.00 32.81           O
ATOM    229  ND2 ASN A  31      -4.361 -28.018  31.066  1.00 28.91           N
ATOM    230  N   TYR A  32      -5.354 -23.289  27.968  1.00 31.28           N
ATOM    231  CA  TYR A  32      -6.159 -22.112  27.677  1.00 34.89           C
ATOM    232  C   TYR A  32      -6.695 -22.261  26.258  1.00 37.67           C
ATOM    233  O   TYR A  32      -6.197 -23.085  25.491  1.00 29.11           O
ATOM    234  CB  TYR A  32      -5.339 -20.825  27.826  1.00 30.61           C
ATOM    235  CG  TYR A  32      -4.090 -20.799  26.970  1.00 42.67           C
ATOM    236  CD1 TYR A  32      -2.900 -21.355  27.425  1.00 39.54           C
ATOM    237  CD2 TYR A  32      -4.101 -20.225  25.704  1.00 38.42           C
ATOM    238  CE1 TYR A  32      -1.758 -21.341  26.643  1.00 41.78           C
ATOM    239  CE2 TYR A  32      -2.962 -20.206  24.921  1.00 42.06           C
ATOM    240  CZ  TYR A  32      -1.797 -20.765  25.393  1.00 47.23           C
ATOM    241  OH  TYR A  32      -0.666 -20.741  24.609  1.00 56.16           O
ATOM    242  N   ASP A  33      -7.716 -21.482  25.919  1.00 30.49           N
ATOM    243  CA  ASP A  33      -8.271 -21.484  24.570  1.00 29.65           C
ATOM    244  C   ASP A  33      -7.998 -20.161  23.883  1.00 31.10           C
ATOM    245  O   ASP A  33      -8.062 -19.113  24.513  1.00 28.34           O
ATOM    246  CB  ASP A  33      -9.779 -21.734  24.591  1.00 29.08           C
ATOM    247  CG  ASP A  33     -10.139 -23.124  25.082  1.00 34.81           C
ATOM    248  OD1 ASP A  33      -9.427 -24.090  24.729  1.00 31.12           O
ATOM    249  OD2 ASP A  33     -11.145 -23.247  25.814  1.00 30.55           O
ATOM    250  N   ILE A  34      -7.685 -20.204  22.593  1.00 28.80           N
ATOM    251  CA  ILE A  34      -7.698 -18.989  21.801  1.00 29.45           C
ATOM    252  C   ILE A  34      -9.070 -18.897  21.155  1.00 28.08           C
ATOM    253  O   ILE A  34      -9.518 -19.838  20.500  1.00 32.08           O
ATOM    254  CB  ILE A  34      -6.587 -18.954  20.729  1.00 34.02           C
ATOM    255  CG1 ILE A  34      -5.301 -18.380  21.315  1.00 40.10           C
ATOM    256  CG2 ILE A  34      -6.981 -18.048  19.581  1.00 33.89           C
ATOM    257  CD1 ILE A  34      -4.555 -19.327  22.160  1.00 37.52           C
ATOM    258  N   ASN A  35      -9.743 -17.774  21.381  1.00 23.45           N
ATOM    259  CA  ASN A  35     -11.044 -17.502  20.786  1.00 28.14           C
ATOM    260  C   ASN A  35     -10.911 -16.447  19.693  1.00 30.81           C
ATOM    261  O   ASN A  35     -10.013 -15.607  19.733  1.00 33.76           O
ATOM    262  CB  ASN A  35     -12.045 -17.023  21.849  1.00 30.44           C
ATOM    263  CG  ASN A  35     -12.218 -18.015  22.989  1.00 30.22           C
ATOM    264  OD1 ASN A  35     -13.183 -18.779  23.018  1.00 29.29           O
ATOM    265  ND2 ASN A  35     -11.293 -17.995  23.943  1.00 26.20           N
ATOM    266  N   TRP A  36     -11.802 -16.482  18.715  1.00 28.47           N
ATOM    267  CA  TRP A  36     -11.807 -15.447  17.697  1.00 32.59           C
ATOM    268  C   TRP A  36     -13.139 -14.720  17.718  1.00 32.65           C
ATOM    269  O   TRP A  36     -14.202 -15.337  17.703  1.00 30.35           O
ATOM    270  CB  TRP A  36     -11.509 -16.038  16.318  1.00 30.51           C
ATOM    271  CG  TRP A  36     -10.106 -16.553  16.242  1.00 27.75           C
ATOM    272  CD1 TRP A  36      -9.665 -17.781  16.637  1.00 28.80           C
ATOM    273  CD2 TRP A  36      -8.951 -15.840  15.779  1.00 33.27           C
ATOM    274  CE2 TRP A  36      -7.847 -16.707  15.906  1.00 31.39           C
ATOM    275  CE3 TRP A  36      -8.745 -14.557  15.260  1.00 31.98           C
ATOM    276  NE1 TRP A  36      -8.309 -17.884  16.434  1.00 36.72           N
ATOM    277  CZ2 TRP A  36      -6.554 -16.334  15.535  1.00 38.10           C
ATOM    278  CZ3 TRP A  36      -7.457 -14.186  14.890  1.00 30.43           C
ATOM    279  CH2 TRP A  36      -6.380 -15.071  15.030  1.00 33.42           C
ATOM    280  N   VAL A  37     -13.053 -13.397  17.790  1.00 27.11           N
ATOM    281  CA  VAL A  37     -14.207 -12.528  17.936  1.00 30.57           C
ATOM    282  C   VAL A  37     -14.076 -11.410  16.914  1.00 33.89           C
```

```
ATOM    283  O   VAL A  37     -13.032 -10.759  16.846  1.00 33.58           O
ATOM    284  CB  VAL A  37     -14.301 -11.929  19.370  1.00 25.89           C
ATOM    285  CG1 VAL A  37     -15.467 -10.957  19.478  1.00 27.13           C
ATOM    286  CG2 VAL A  37     -14.423 -13.031  20.417  1.00 26.86           C
ATOM    287  N   ARG A  38     -15.116 -11.188  16.115  1.00 29.31           N
ATOM    288  CA  ARG A  38     -15.054 -10.150  15.088  1.00 28.87           C
ATOM    289  C   ARG A  38     -16.002  -8.995  15.395  1.00 32.02           C
ATOM    290  O   ARG A  38     -17.005  -9.163  16.089  1.00 30.64           O
ATOM    291  CB  ARG A  38     -15.367 -10.732  13.708  1.00 35.52           C
ATOM    292  CG  ARG A  38     -16.652 -11.529  13.656  1.00 39.93           C
ATOM    293  CD  ARG A  38     -17.550 -11.096  12.506  1.00 43.60           C
ATOM    294  NE  ARG A  38     -17.164 -11.681  11.229  1.00 44.71           N
ATOM    295  CZ  ARG A  38     -18.023 -12.119  10.311  1.00 45.96           C
ATOM    296  NH1 ARG A  38     -19.329 -12.055  10.529  1.00 39.60           N
ATOM    297  NH2 ARG A  38     -17.572 -12.626   9.170  1.00 33.94           N
ATOM    298  N   GLN A  39     -15.669  -7.821  14.871  1.00 30.63           N
ATOM    299  CA  GLN A  39     -16.452  -6.618  15.103  1.00 28.53           C
ATOM    300  C   GLN A  39     -16.568  -5.795  13.825  1.00 31.84           C
ATOM    301  O   GLN A  39     -15.569  -5.314  13.294  1.00 29.51           O
ATOM    302  CB  GLN A  39     -15.819  -5.775  16.219  1.00 30.14           C
ATOM    303  CG  GLN A  39     -16.516  -4.444  16.478  1.00 28.25           C
ATOM    304  CD  GLN A  39     -16.024  -3.781  17.751  1.00 39.30           C
ATOM    305  NE2 GLN A  39     -16.896  -3.689  18.751  1.00 30.37           N
ATOM    306  OE1 GLN A  39     -14.870  -3.368  17.839  1.00 39.08           O
ATOM    307  N   ALA A  40     -17.788  -5.637  13.330  1.00 37.04           N
ATOM    308  CA  ALA A  40     -18.016  -4.815  12.149  1.00 44.35           C
ATOM    309  C   ALA A  40     -18.259  -3.363  12.548  1.00 49.15           C
ATOM    310  O   ALA A  40     -18.880  -3.094  13.579  1.00 49.51           O
ATOM    311  CB  ALA A  40     -19.190  -5.352  11.341  1.00 36.53           C
ATOM    312  N   THR A  41     -17.768  -2.444  11.715  1.00 55.43           N
ATOM    313  CA  THR A  41     -17.923  -0.987  11.865  1.00 45.13           C
ATOM    314  C   THR A  41     -17.917  -0.449  13.304  1.00 61.05           C
ATOM    315  O   THR A  41     -18.779   0.345  13.688  1.00 60.70           O
ATOM    316  CB  THR A  41     -19.224  -0.480  11.157  1.00 56.54           C
ATOM    317  OG1 THR A  41     -19.398   0.918  11.416  1.00 74.65           O
ATOM    318  CG2 THR A  41     -20.475  -1.233  11.611  1.00 50.35           C
ATOM    319  N   GLY A  42     -16.931  -0.880  14.088  1.00 60.31           N
ATOM    320  CA  GLY A  42     -16.677  -0.311  15.402  1.00 50.20           C
ATOM    321  C   GLY A  42     -17.674  -0.603  16.515  1.00 58.90           C
ATOM    322  O   GLY A  42     -17.496  -0.125  17.638  1.00 64.22           O
ATOM    323  N   GLN A  43     -18.718  -1.377  16.225  1.00 61.17           N
ATOM    324  CA  GLN A  43     -19.700  -1.716  17.255  1.00 58.73           C
ATOM    325  C   GLN A  43     -20.368  -3.072  17.007  1.00 47.27           C
ATOM    326  O   GLN A  43     -20.811  -3.369  15.897  1.00 54.96           O
ATOM    327  CB  GLN A  43     -20.761  -0.613  17.362  1.00 57.68           C
ATOM    328  CG  GLN A  43     -21.613  -0.690  18.627  1.00 55.99           C
ATOM    329  CD  GLN A  43     -22.130   0.669  19.075  1.00 60.55           C
ATOM    330  NE2 GLN A  43     -21.668   1.727  18.416  1.00 61.26           N
ATOM    331  OE1 GLN A  43     -22.929   0.765  20.007  1.00 62.03           O
ATOM    332  N   GLY A  44     -20.438  -3.885  18.059  1.00 52.11           N
ATOM    333  CA  GLY A  44     -21.017  -5.215  17.978  1.00 38.87           C
ATOM    334  C   GLY A  44     -19.946  -6.290  17.933  1.00 40.89           C
ATOM    335  O   GLY A  44     -19.033  -6.225  17.115  1.00 48.89           O
ATOM    336  N   LEU A  45     -20.051  -7.281  18.811  1.00 28.02           N
ATOM    337  CA  LEU A  45     -19.065  -8.355  18.862  1.00 32.48           C
ATOM    338  C   LEU A  45     -19.726  -9.703  18.639  1.00 29.29           C
ATOM    339  O   LEU A  45     -20.768  -9.993  19.226  1.00 35.37           O
ATOM    340  CB  LEU A  45     -18.331  -8.345  20.209  1.00 30.66           C
ATOM    341  CG  LEU A  45     -17.553  -7.072  20.561  1.00 31.07           C
ATOM    342  CD1 LEU A  45     -17.379  -6.937  22.068  1.00 32.58           C
ATOM    343  CD2 LEU A  45     -16.198  -7.075  19.873  1.00 29.40           C
ATOM    344  N   GLU A  46     -19.140 -10.533  17.785  1.00 29.17           N
ATOM    345  CA  GLU A  46     -19.639 -11.895  17.673  1.00 35.62           C
ATOM    346  C   GLU A  46     -18.513 -12.920  17.699  1.00 35.22           C
ATOM    347  O   GLU A  46     -17.496 -12.798  17.009  1.00 32.17           O
ATOM    348  CB  GLU A  46     -20.511 -12.072  16.421  1.00 37.90           C
ATOM    349  CG  GLU A  46     -19.828 -11.914  15.092  1.00 47.11           C
ATOM    350  CD  GLU A  46     -20.765 -12.211  13.925  1.00 55.52           C
ATOM    351  OE1 GLU A  46     -21.675 -13.052  14.087  1.00 54.51           O
ATOM    352  OE2 GLU A  46     -20.601 -11.595  12.850  1.00 58.10           O
ATOM    353  N   TRP A  47     -18.732 -13.926  18.536  1.00 32.28           N
```

```
ATOM    354  CA  TRP A  47     -17.800 -15.012  18.788  1.00 36.07           C
ATOM    355  C   TRP A  47     -17.838 -16.016  17.641  1.00 34.08           C
ATOM    356  O   TRP A  47     -18.910 -16.392  17.169  1.00 29.79           O
ATOM    357  CB  TRP A  47     -18.166 -15.664  20.121  1.00 25.80           C
ATOM    358  CG  TRP A  47     -17.311 -16.791  20.594  1.00 33.81           C
ATOM    359  CD1 TRP A  47     -16.096 -16.703  21.210  1.00 32.06           C
ATOM    360  CD2 TRP A  47     -17.644 -18.182  20.562  1.00 33.38           C
ATOM    361  CE2 TRP A  47     -16.572 -18.882  21.149  1.00 34.18           C
ATOM    362  CE3 TRP A  47     -18.740 -18.904  20.079  1.00 35.50           C
ATOM    363  NE1 TRP A  47     -15.638 -17.957  21.536  1.00 29.56           N
ATOM    364  CZ2 TRP A  47     -16.565 -20.271  21.268  1.00 31.56           C
ATOM    365  CZ3 TRP A  47     -18.729 -20.282  20.196  1.00 42.35           C
ATOM    366  CH2 TRP A  47     -17.647 -20.950  20.787  1.00 34.97           C
ATOM    367  N   MET A  48     -16.668 -16.437  17.179  1.00 32.09           N
ATOM    368  CA  MET A  48     -16.596 -17.326  16.028  1.00 30.89           C
ATOM    369  C   MET A  48     -16.261 -18.755  16.429  1.00 29.94           C
ATOM    370  O   MET A  48     -16.653 -19.705  15.757  1.00 33.43           O
ATOM    371  CB  MET A  48     -15.558 -16.823  15.028  1.00 28.48           C
ATOM    372  CG  MET A  48     -15.790 -15.409  14.538  1.00 33.13           C
ATOM    373  SD  MET A  48     -14.488 -14.924  13.396  1.00 37.93           S
ATOM    374  CE  MET A  48     -14.665 -16.165  12.119  1.00 39.94           C
ATOM    375  N   GLY A  49     -15.511 -18.908  17.511  1.00 33.42           N
ATOM    376  CA  GLY A  49     -15.128 -20.234  17.955  1.00 33.05           C
ATOM    377  C   GLY A  49     -13.878 -20.244  18.806  1.00 34.29           C
ATOM    378  O   GLY A  49     -13.256 -19.202  19.031  1.00 34.24           O
ATOM    379  N   TRP A  50     -13.509 -21.429  19.279  1.00 30.14           N
ATOM    380  CA  TRP A  50     -12.368 -21.562  20.176  1.00 27.60           C
ATOM    381  C   TRP A  50     -11.393 -22.619  19.679  1.00 36.00           C
ATOM    382  O   TRP A  50     -11.758 -23.513  18.915  1.00 26.22           O
ATOM    383  CB  TRP A  50     -12.833 -21.906  21.595  1.00 27.32           C
ATOM    384  CG  TRP A  50     -13.525 -23.240  21.714  1.00 31.33           C
ATOM    385  CD1 TRP A  50     -14.867 -23.479  21.627  1.00 31.09           C
ATOM    386  CD2 TRP A  50     -12.907 -24.513  21.952  1.00 32.23           C
ATOM    387  CE2 TRP A  50     -13.936 -25.476  21.994  1.00 36.04           C
ATOM    388  CE3 TRP A  50     -11.583 -24.932  22.133  1.00 35.42           C
ATOM    389  NE1 TRP A  50     -15.122 -24.819  21.791  1.00 30.64           N
ATOM    390  CZ2 TRP A  50     -13.684 -26.834  22.208  1.00 34.17           C
ATOM    391  CZ3 TRP A  50     -11.334 -26.282  22.347  1.00 33.78           C
ATOM    392  CH2 TRP A  50     -12.379 -27.215  22.381  1.00 34.68           C
ATOM    393  N   MET A  51     -10.147 -22.507  20.120  1.00 29.16           N
ATOM    394  CA  MET A  51      -9.148 -23.507  19.807  1.00 28.07           C
ATOM    395  C   MET A  51      -8.191 -23.679  20.975  1.00 31.55           C
ATOM    396  O   MET A  51      -7.728 -22.696  21.553  1.00 33.21           O
ATOM    397  CB  MET A  51      -8.374 -23.130  18.549  1.00 31.45           C
ATOM    398  CG  MET A  51      -7.420 -24.221  18.093  1.00 37.56           C
ATOM    399  SD  MET A  51      -5.818 -23.586  17.594  1.00 57.24           S
ATOM    400  CE  MET A  51      -5.222 -22.920  19.142  1.00 46.36           C
ATOM    401  N   HIS A  52      -7.902 -24.935  21.305  1.00 27.88           N
ATOM    402  CA  HIS A  52      -6.991 -25.294  22.391  1.00 35.15           C
ATOM    403  C   HIS A  52      -5.615 -25.621  21.816  1.00 35.88           C
ATOM    404  O   HIS A  52      -5.449 -26.650  21.169  1.00 39.53           O
ATOM    405  CB  HIS A  52      -7.557 -26.491  23.173  1.00 31.19           C
ATOM    406  CG  HIS A  52      -6.737 -26.899  24.362  1.00 32.88           C
ATOM    407  CD2 HIS A  52      -6.353 -26.213  25.462  1.00 35.83           C
ATOM    408  ND1 HIS A  52      -6.248 -28.180  24.520  1.00 33.47           N
ATOM    409  CE1 HIS A  52      -5.585 -28.258  25.660  1.00 32.93           C
ATOM    410  NE2 HIS A  52      -5.631 -27.080  26.252  1.00 33.96           N
ATOM    411  N   PRO A  53      -4.629 -24.737  22.035  1.00 36.74           N
ATOM    412  CA  PRO A  53      -3.284 -24.901  21.465  1.00 41.48           C
ATOM    413  C   PRO A  53      -2.619 -26.232  21.802  1.00 43.82           C
ATOM    414  O   PRO A  53      -1.959 -26.811  20.941  1.00 42.27           O
ATOM    415  CB  PRO A  53      -2.497 -23.744  22.088  1.00 37.52           C
ATOM    416  CG  PRO A  53      -3.521 -22.710  22.372  1.00 42.21           C
ATOM    417  CD  PRO A  53      -4.768 -23.456  22.751  1.00 37.85           C
ATOM    418  N   ASN A  54      -2.795 -26.709  23.029  1.00 40.74           N
ATOM    419  CA  ASN A  54      -2.088 -27.903  23.482  1.00 40.42           C
ATOM    420  C   ASN A  54      -2.575 -29.192  22.814  1.00 44.96           C
ATOM    421  O   ASN A  54      -1.848 -30.184  22.781  1.00 53.00           O
ATOM    422  CB  ASN A  54      -2.201 -28.035  25.003  1.00 41.59           C
ATOM    423  CG  ASN A  54      -0.988 -28.704  25.620  1.00 48.60           C
ATOM    424  ND2 ASN A  54      -1.220 -29.565  26.607  1.00 49.53           N
```

```
ATOM    425  OD1 ASN A  54       0.146 -28.456  25.208  1.00 54.90           O
ATOM    426  N   SER A  55      -3.792 -29.179  22.276  1.00 41.51           N
ATOM    427  CA  SER A  55      -4.354 -30.372  21.641  1.00 39.42           C
ATOM    428  C   SER A  55      -4.800 -30.137  20.196  1.00 45.89           C
ATOM    429  O   SER A  55      -4.958 -31.083  19.428  1.00 45.29           O
ATOM    430  CB  SER A  55      -5.544 -30.886  22.444  1.00 40.90           C
ATOM    431  OG  SER A  55      -6.661 -30.030  22.269  1.00 41.20           O
ATOM    432  N   GLY A  56      -5.020 -28.878  19.831  1.00 39.03           N
ATOM    433  CA  GLY A  56      -5.491 -28.550  18.497  1.00 34.31           C
ATOM    434  C   GLY A  56      -6.992 -28.707  18.348  1.00 33.47           C
ATOM    435  O   GLY A  56      -7.551 -28.402  17.298  1.00 35.63           O
ATOM    436  N   ASN A  57      -7.649 -29.185  19.401  1.00 32.07           N
ATOM    437  CA  ASN A  57      -9.099 -29.323  19.384  1.00 35.35           C
ATOM    438  C   ASN A  57      -9.792 -27.972  19.257  1.00 35.99           C
ATOM    439  O   ASN A  57      -9.298 -26.956  19.753  1.00 31.96           O
ATOM    440  CB  ASN A  57      -9.585 -30.042  20.638  1.00 36.70           C
ATOM    441  CG  ASN A  57      -9.149 -31.490  20.679  1.00 51.73           C
ATOM    442  OD1 ASN A  57      -8.193 -31.882  20.005  1.00 51.72           O
ATOM    443  ND2 ASN A  57      -9.851 -32.297  21.467  1.00 40.02           N
ATOM    444  N   THR A  58     -10.938 -27.966  18.585  1.00 32.70           N
ATOM    445  CA  THR A  58     -11.657 -26.728  18.315  1.00 34.35           C
ATOM    446  C   THR A  58     -13.149 -26.874  18.543  1.00 36.07           C
ATOM    447  O   THR A  58     -13.664 -27.985  18.682  1.00 35.59           O
ATOM    448  CB  THR A  58     -11.463 -26.251  16.859  1.00 35.50           C
ATOM    449  CG2 THR A  58      -9.986 -26.209  16.474  1.00 29.82           C
ATOM    450  OG1 THR A  58     -12.167 -27.132  15.976  1.00 34.89           O
ATOM    451  N   GLY A  59     -13.833 -25.735  18.563  1.00 34.36           N
ATOM    452  CA  GLY A  59     -15.283 -25.682  18.542  1.00 31.26           C
ATOM    453  C   GLY A  59     -15.712 -24.404  17.843  1.00 36.02           C
ATOM    454  O   GLY A  59     -15.268 -23.319  18.214  1.00 34.77           O
ATOM    455  N   TYR A  60     -16.561 -24.528  16.826  1.00 38.85           N
ATOM    456  CA  TYR A  60     -17.004 -23.374  16.045  1.00 36.79           C
ATOM    457  C   TYR A  60     -18.467 -23.041  16.310  1.00 43.76           C
ATOM    458  O   TYR A  60     -19.269 -23.933  16.581  1.00 40.31           O
ATOM    459  CB  TYR A  60     -16.818 -23.630  14.546  1.00 40.99           C
ATOM    460  CG  TYR A  60     -15.446 -24.123  14.157  1.00 40.11           C
ATOM    461  CD1 TYR A  60     -14.305 -23.583  14.729  1.00 37.87           C
ATOM    462  CD2 TYR A  60     -15.292 -25.132  13.213  1.00 40.09           C
ATOM    463  CE1 TYR A  60     -13.050 -24.031  14.374  1.00 39.91           C
ATOM    464  CE2 TYR A  60     -14.037 -25.587  12.851  1.00 40.87           C
ATOM    465  CZ  TYR A  60     -12.920 -25.030  13.436  1.00 42.40           C
ATOM    466  OH  TYR A  60     -11.666 -25.467  13.091  1.00 41.60           O
ATOM    467  N   ALA A  61     -18.816 -21.760  16.223  1.00 32.46           N
ATOM    468  CA  ALA A  61     -20.219 -21.370  16.223  1.00 39.25           C
ATOM    469  C   ALA A  61     -20.873 -21.880  14.940  1.00 40.91           C
ATOM    470  O   ALA A  61     -20.228 -21.916  13.891  1.00 43.24           O
ATOM    471  CB  ALA A  61     -20.363 -19.856  16.343  1.00 34.62           C
ATOM    472  N   GLN A  62     -22.140 -22.280  15.030  1.00 45.76           N
ATOM    473  CA  GLN A  62     -22.878 -22.825  13.887  1.00 53.88           C
ATOM    474  C   GLN A  62     -22.795 -21.937  12.646  1.00 47.20           C
ATOM    475  O   GLN A  62     -22.716 -22.431  11.522  1.00 48.71           O
ATOM    476  CB  GLN A  62     -24.349 -23.042  14.258  1.00 52.36           C
ATOM    477  CG  GLN A  62     -24.596 -24.209  15.206  1.00 79.57           C
ATOM    478  CD  GLN A  62     -24.422 -25.562  14.534  1.00 86.89           C
ATOM    479  NE2 GLN A  62     -24.222 -26.603  15.339  1.00 75.39           N
ATOM    480  OE1 GLN A  62     -24.468 -25.670  13.306  1.00 81.01           O
ATOM    481  N   LYS A  63     -22.804 -20.626  12.865  1.00 48.15           N
ATOM    482  CA  LYS A  63     -22.788 -19.644  11.787  1.00 42.61           C
ATOM    483  C   LYS A  63     -21.524 -19.723  10.919  1.00 43.90           C
ATOM    484  O   LYS A  63     -21.540 -19.325   9.756  1.00 41.77           O
ATOM    485  CB  LYS A  63     -22.936 -18.235  12.377  1.00 45.82           C
ATOM    486  CG  LYS A  63     -23.079 -17.120  11.353  1.00 50.01           C
ATOM    487  CD  LYS A  63     -23.154 -15.753  12.024  1.00 52.82           C
ATOM    488  CE  LYS A  63     -23.046 -14.631  10.996  1.00 50.15           C
ATOM    489  NZ  LYS A  63     -23.127 -13.283  11.624  1.00 61.30           N
ATOM    490  N   PHE A  64     -20.435 -20.246  11.478  1.00 41.78           N
ATOM    491  CA  PHE A  64     -19.156 -20.267  10.768  1.00 39.68           C
ATOM    492  C   PHE A  64     -18.656 -21.675  10.456  1.00 44.13           C
ATOM    493  O   PHE A  64     -17.611 -21.836   9.821  1.00 46.68           O
ATOM    494  CB  PHE A  64     -18.094 -19.513  11.574  1.00 35.08           C
ATOM    495  CG  PHE A  64     -18.454 -18.086  11.848  1.00 41.60           C
```

```
ATOM    496  CD1 PHE A  64     -18.254 -17.109  10.885  1.00 42.81           C
ATOM    497  CD2 PHE A  64     -19.008 -17.720  13.062  1.00 34.34           C
ATOM    498  CE1 PHE A  64     -18.593 -15.790  11.135  1.00 34.56           C
ATOM    499  CE2 PHE A  64     -19.350 -16.405  13.313  1.00 40.22           C
ATOM    500  CZ  PHE A  64     -19.142 -15.441  12.348  1.00 32.48           C
ATOM    501  N   GLN A  65     -19.389 -22.689  10.907  1.00 49.73           N
ATOM    502  CA  GLN A  65     -19.066 -24.069  10.552  1.00 46.28           C
ATOM    503  C   GLN A  65     -19.116 -24.231   9.040  1.00 44.61           C
ATOM    504  O   GLN A  65     -20.120 -23.905   8.408  1.00 45.36           O
ATOM    505  CB  GLN A  65     -20.024 -25.051  11.229  1.00 47.60           C
ATOM    506  CG  GLN A  65     -19.573 -25.483  12.619  1.00 59.40           C
ATOM    507  CD  GLN A  65     -20.692 -26.096  13.442  1.00 69.19           C
ATOM    508  NE2 GLN A  65     -20.460 -26.234  14.745  1.00 55.87           N
ATOM    509  OE1 GLN A  65     -21.754 -26.434  12.916  1.00 71.81           O
ATOM    510  N   GLY A  66     -18.019 -24.711   8.464  1.00 39.34           N
ATOM    511  CA  GLY A  66     -17.919 -24.856   7.026  1.00 46.10           C
ATOM    512  C   GLY A  66     -17.130 -23.748   6.349  1.00 56.88           C
ATOM    513  O   GLY A  66     -16.677 -23.912   5.214  1.00 58.19           O
ATOM    514  N   ARG A  67     -16.966 -22.617   7.031  1.00 44.44           N
ATOM    515  CA  ARG A  67     -16.192 -21.511   6.470  1.00 43.73           C
ATOM    516  C   ARG A  67     -14.935 -21.213   7.280  1.00 45.38           C
ATOM    517  O   ARG A  67     -13.937 -20.745   6.732  1.00 45.99           O
ATOM    518  CB  ARG A  67     -17.045 -20.244   6.368  1.00 47.99           C
ATOM    519  CG  ARG A  67     -18.207 -20.359   5.406  1.00 47.03           C
ATOM    520  CD  ARG A  67     -18.570 -19.011   4.793  1.00 47.09           C
ATOM    521  NE  ARG A  67     -19.006 -18.032   5.783  1.00 50.09           N
ATOM    522  CZ  ARG A  67     -18.526 -16.794   5.866  1.00 49.71           C
ATOM    523  NH1 ARG A  67     -17.590 -16.383   5.020  1.00 46.73           N
ATOM    524  NH2 ARG A  67     -18.983 -15.964   6.794  1.00 47.52           N
ATOM    525  N   VAL A  68     -14.979 -21.480   8.582  1.00 39.50           N
ATOM    526  CA  VAL A  68     -13.848 -21.157   9.443  1.00 35.99           C
ATOM    527  C   VAL A  68     -12.994 -22.390   9.737  1.00 39.26           C
ATOM    528  O   VAL A  68     -13.491 -23.514   9.795  1.00 40.40           O
ATOM    529  CB  VAL A  68     -14.314 -20.511  10.777  1.00 43.31           C
ATOM    530  CG1 VAL A  68     -14.925 -21.554  11.709  1.00 44.00           C
ATOM    531  CG2 VAL A  68     -13.155 -19.793  11.461  1.00 36.66           C
ATOM    532  N   THR A  69     -11.694 -22.167   9.893  1.00 34.83           N
ATOM    533  CA  THR A  69     -10.772 -23.220  10.282  1.00 37.94           C
ATOM    534  C   THR A  69      -9.749 -22.651  11.247  1.00 36.48           C
ATOM    535  O   THR A  69      -9.020 -21.722  10.905  1.00 39.14           O
ATOM    536  CB  THR A  69     -10.049 -23.833   9.069  1.00 38.15           C
ATOM    537  CG2 THR A  69      -9.167 -24.998   9.508  1.00 36.65           C
ATOM    538  OG1 THR A  69     -11.015 -24.297   8.120  1.00 40.71           O
ATOM    539  N   LEU A  70      -9.705 -23.202  12.454  1.00 32.50           N
ATOM    540  CA  LEU A  70      -8.759 -22.746  13.463  1.00 32.88           C
ATOM    541  C   LEU A  70      -7.647 -23.769  13.633  1.00 41.47           C
ATOM    542  O   LEU A  70      -7.911 -24.942  13.900  1.00 41.36           O
ATOM    543  CB  LEU A  70      -9.465 -22.501  14.797  1.00 32.92           C
ATOM    544  CG  LEU A  70     -10.682 -21.573  14.763  1.00 41.37           C
ATOM    545  CD1 LEU A  70     -11.203 -21.301  16.178  1.00 36.02           C
ATOM    546  CD2 LEU A  70     -10.360 -20.271  14.047  1.00 32.82           C
ATOM    547  N   THR A  71      -6.405 -23.324  13.465  1.00 33.46           N
ATOM    548  CA  THR A  71      -5.250 -24.204  13.587  1.00 35.36           C
ATOM    549  C   THR A  71      -4.166 -23.523  14.409  1.00 39.68           C
ATOM    550  O   THR A  71      -4.299 -22.357  14.775  1.00 38.29           O
ATOM    551  CB  THR A  71      -4.684 -24.607  12.203  1.00 40.98           C
ATOM    552  CG2 THR A  71      -5.679 -25.475  11.451  1.00 37.98           C
ATOM    553  OG1 THR A  71      -4.413 -23.432  11.427  1.00 44.28           O
ATOM    554  N   ARG A  72      -3.097 -24.250  14.713  1.00 41.13           N
ATOM    555  CA  ARG A  72      -1.996 -23.659  15.460  1.00 41.98           C
ATOM    556  C   ARG A  72      -0.644 -24.252  15.077  1.00 44.70           C
ATOM    557  O   ARG A  72      -0.566 -25.292  14.429  1.00 41.56           O
ATOM    558  CB  ARG A  72      -2.231 -23.811  16.970  1.00 44.74           C
ATOM    559  CG  ARG A  72      -2.599 -25.216  17.439  1.00 46.36           C
ATOM    560  CD  ARG A  72      -1.366 -26.056  17.691  1.00 52.55           C
ATOM    561  NE  ARG A  72      -1.653 -27.299  18.401  1.00 45.44           N
ATOM    562  CZ  ARG A  72      -2.105 -28.406  17.824  1.00 51.24           C
ATOM    563  NH1 ARG A  72      -2.353 -28.429  16.522  1.00 53.24           N
ATOM    564  NH2 ARG A  72      -2.319 -29.492  18.553  1.00 55.87           N
ATOM    565  N   ASP A  73       0.413 -23.563  15.488  1.00 44.00           N
ATOM    566  CA  ASP A  73       1.779 -24.033  15.331  1.00 45.95           C
```

```
ATOM    567  C   ASP A  73       2.510 -23.807  16.652  1.00 45.15           C
ATOM    568  O   ASP A  73       3.010 -22.710  16.916  1.00 46.41           O
ATOM    569  CB  ASP A  73       2.473 -23.305  14.175  1.00 52.61           C
ATOM    570  CG  ASP A  73       3.922 -23.728  13.995  1.00 58.41           C
ATOM    571  OD1 ASP A  73       4.345 -24.730  14.609  1.00 57.08           O
ATOM    572  OD2 ASP A  73       4.639 -23.059  13.220  1.00 60.43           O
ATOM    573  N   THR A  74       2.560 -24.847  17.480  1.00 46.17           N
ATOM    574  CA  THR A  74       3.082 -24.726  18.841  1.00 48.47           C
ATOM    575  C   THR A  74       4.559 -24.346  18.884  1.00 46.89           C
ATOM    576  O   THR A  74       5.012 -23.723  19.842  1.00 53.90           O
ATOM    577  CB  THR A  74       2.888 -26.035  19.636  1.00 54.20           C
ATOM    578  CG2 THR A  74       1.439 -26.185  20.072  1.00 48.42           C
ATOM    579  OG1 THR A  74       3.250 -27.155  18.817  1.00 60.06           O
ATOM    580  N   SER A  75       5.303 -24.710  17.845  1.00 51.70           N
ATOM    581  CA  SER A  75       6.737 -24.436  17.801  1.00 54.91           C
ATOM    582  C   SER A  75       7.036 -22.937  17.815  1.00 55.26           C
ATOM    583  O   SER A  75       8.114 -22.515  18.237  1.00 49.86           O
ATOM    584  CB  SER A  75       7.365 -25.088  16.568  1.00 55.81           C
ATOM    585  OG  SER A  75       6.713 -24.668  15.382  1.00 60.43           O
ATOM    586  N   ILE A  76       6.077 -22.136  17.359  1.00 52.63           N
ATOM    587  CA  ILE A  76       6.224 -20.684  17.386  1.00 47.56           C
ATOM    588  C   ILE A  76       5.090 -20.021  18.170  1.00 50.56           C
ATOM    589  O   ILE A  76       4.920 -18.802  18.109  1.00 52.59           O
ATOM    590  CB  ILE A  76       6.271 -20.093  15.962  1.00 50.46           C
ATOM    591  CG1 ILE A  76       5.040 -20.521  15.163  1.00 47.49           C
ATOM    592  CG2 ILE A  76       7.536 -20.531  15.248  1.00 46.69           C
ATOM    593  CD1 ILE A  76       4.922 -19.840  13.817  1.00 48.75           C
ATOM    594  N   SER A  77       4.324 -20.834  18.896  1.00 49.81           N
ATOM    595  CA  SER A  77       3.229 -20.357  19.744  1.00 45.00           C
ATOM    596  C   SER A  77       2.246 -19.470  18.988  1.00 46.19           C
ATOM    597  O   SER A  77       1.894 -18.387  19.456  1.00 40.30           O
ATOM    598  CB  SER A  77       3.781 -19.591  20.951  1.00 43.85           C
ATOM    599  OG  SER A  77       4.716 -20.370  21.673  1.00 63.87           O
ATOM    600  N   THR A  78       1.800 -19.925  17.822  1.00 39.04           N
ATOM    601  CA  THR A  78       0.956 -19.090  16.979  1.00 37.69           C
ATOM    602  C   THR A  78      -0.337 -19.788  16.575  1.00 37.97           C
ATOM    603  O   THR A  78      -0.325 -20.930  16.115  1.00 39.48           O
ATOM    604  CB  THR A  78       1.718 -18.641  15.712  1.00 38.64           C
ATOM    605  CG2 THR A  78       0.810 -17.840  14.787  1.00 38.64           C
ATOM    606  OG1 THR A  78       2.828 -17.822  16.094  1.00 35.01           O
ATOM    607  N   ALA A  79      -1.454 -19.093  16.765  1.00 33.81           N
ATOM    608  CA  ALA A  79      -2.756 -19.592  16.336  1.00 34.16           C
ATOM    609  C   ALA A  79      -3.165 -18.934  15.023  1.00 34.47           C
ATOM    610  O   ALA A  79      -2.748 -17.815  14.720  1.00 33.95           O
ATOM    611  CB  ALA A  79      -3.805 -19.340  17.403  1.00 24.34           C
ATOM    612  N   TYR A  80      -3.990 -19.631  14.252  1.00 31.73           N
ATOM    613  CA  TYR A  80      -4.432 -19.135  12.958  1.00 37.57           C
ATOM    614  C   TYR A  80      -5.942 -19.198  12.810  1.00 39.18           C
ATOM    615  O   TYR A  80      -6.598 -20.132  13.278  1.00 37.02           O
ATOM    616  CB  TYR A  80      -3.786 -19.929  11.819  1.00 36.79           C
ATOM    617  CG  TYR A  80      -2.281 -19.862  11.797  1.00 40.36           C
ATOM    618  CD1 TYR A  80      -1.621 -18.821  11.158  1.00 37.20           C
ATOM    619  CD2 TYR A  80      -1.517 -20.847  12.413  1.00 38.74           C
ATOM    620  CE1 TYR A  80      -0.238 -18.761  11.135  1.00 37.53           C
ATOM    621  CE2 TYR A  80      -0.140 -20.797  12.395  1.00 37.97           C
ATOM    622  CZ  TYR A  80       0.497 -19.755  11.756  1.00 43.48           C
ATOM    623  OH  TYR A  80       1.872 -19.708  11.742  1.00 41.36           O
ATOM    624  N   MET A  81      -6.486 -18.195  12.141  1.00 31.97           N
ATOM    625  CA  MET A  81      -7.895 -18.185  11.803  1.00 37.08           C
ATOM    626  C   MET A  81      -7.999 -18.062  10.297  1.00 34.14           C
ATOM    627  O   MET A  81      -7.505 -17.096   9.717  1.00 38.01           O
ATOM    628  CB  MET A  81      -8.619 -17.036  12.509  1.00 39.39           C
ATOM    629  CG  MET A  81     -10.137 -17.099  12.445  1.00 43.17           C
ATOM    630  SD  MET A  81     -10.835 -16.468  10.907  1.00 56.54           S
ATOM    631  CE  MET A  81     -10.224 -14.782  10.930  1.00 40.20           C
ATOM    632  N   GLU A  82      -8.606 -19.054   9.659  1.00 36.27           N
ATOM    633  CA  GLU A  82      -8.825 -18.989   8.222  1.00 37.25           C
ATOM    634  C   GLU A  82     -10.310 -18.963   7.908  1.00 38.89           C
ATOM    635  O   GLU A  82     -11.064 -19.831   8.343  1.00 42.10           O
ATOM    636  CB  GLU A  82      -8.159 -20.161   7.504  1.00 34.97           C
ATOM    637  CG  GLU A  82      -8.406 -20.149   6.003  1.00 48.29           C
```

```
ATOM    638  CD  GLU A  82      -7.374 -20.946   5.228  1.00 61.14           C
ATOM    639  OE1 GLU A  82      -6.617 -21.717   5.858  1.00 70.53           O
ATOM    640  OE2 GLU A  82      -7.313 -20.793   3.989  1.00 62.98           O
ATOM    641  N   LEU A  83     -10.726 -17.946   7.161  1.00 41.14           N
ATOM    642  CA  LEU A  83     -12.118 -17.807   6.766  1.00 40.75           C
ATOM    643  C   LEU A  83     -12.204 -17.828   5.246  1.00 42.77           C
ATOM    644  O   LEU A  83     -11.572 -17.017   4.569  1.00 46.85           O
ATOM    645  CB  LEU A  83     -12.716 -16.519   7.336  1.00 38.47           C
ATOM    646  CG  LEU A  83     -14.233 -16.359   7.216  1.00 41.96           C
ATOM    647  CD1 LEU A  83     -14.956 -17.499   7.919  1.00 40.57           C
ATOM    648  CD2 LEU A  83     -14.677 -15.015   7.776  1.00 38.68           C
ATOM    649  N   SER A  84     -12.974 -18.769   4.711  1.00 41.64           N
ATOM    650  CA  SER A  84     -13.079 -18.936   3.267  1.00 42.87           C
ATOM    651  C   SER A  84     -14.426 -18.442   2.740  1.00 44.92           C
ATOM    652  O   SER A  84     -15.304 -18.067   3.522  1.00 44.37           O
ATOM    653  CB  SER A  84     -12.868 -20.402   2.888  1.00 39.46           C
ATOM    654  OG  SER A  84     -13.903 -21.211   3.416  1.00 44.27           O
ATOM    655  N   SER A  85     -14.572 -18.454   1.414  1.00 47.43           N
ATOM    656  CA  SER A  85     -15.769 -17.960   0.732  1.00 41.86           C
ATOM    657  C   SER A  85     -16.189 -16.591   1.245  1.00 43.45           C
ATOM    658  O   SER A  85     -17.337 -16.392   1.652  1.00 44.70           O
ATOM    659  CB  SER A  85     -16.922 -18.952   0.882  1.00 45.07           C
ATOM    660  OG  SER A  85     -16.674 -20.125   0.128  1.00 51.48           O
ATOM    661  N   LEU A  86     -15.249 -15.650   1.223  1.00 43.44           N
ATOM    662  CA  LEU A  86     -15.457 -14.338   1.826  1.00 41.57           C
ATOM    663  C   LEU A  86     -16.526 -13.526   1.104  1.00 46.59           C
ATOM    664  O   LEU A  86     -16.551 -13.456  -0.128  1.00 40.39           O
ATOM    665  CB  LEU A  86     -14.142 -13.557   1.858  1.00 40.33           C
ATOM    666  CG  LEU A  86     -13.076 -14.119   2.800  1.00 41.08           C
ATOM    667  CD1 LEU A  86     -11.732 -13.444   2.573  1.00 39.92           C
ATOM    668  CD2 LEU A  86     -13.527 -13.966   4.241  1.00 33.71           C
ATOM    669  N   ARG A  87     -17.420 -12.933   1.888  1.00 37.30           N
ATOM    670  CA  ARG A  87     -18.411 -12.002   1.371  1.00 42.71           C
ATOM    671  C   ARG A  87     -18.086 -10.616   1.905  1.00 44.74           C
ATOM    672  O   ARG A  87     -17.304 -10.483   2.846  1.00 42.11           O
ATOM    673  CB  ARG A  87     -19.828 -12.418   1.774  1.00 47.73           C
ATOM    674  CG  ARG A  87     -20.231 -13.806   1.298  1.00 57.87           C
ATOM    675  CD  ARG A  87     -21.702 -14.088   1.577  1.00 78.50           C
ATOM    676  NE  ARG A  87     -22.154 -15.318   0.928  1.00 98.72           N
ATOM    677  CZ  ARG A  87     -23.391 -15.800   1.009  1.00102.44           C
ATOM    678  NH1 ARG A  87     -24.311 -15.158   1.716  1.00100.96           N
ATOM    679  NH2 ARG A  87     -23.708 -16.927   0.384  1.00 94.73           N
ATOM    680  N   SER A  88     -18.682  -9.586   1.315  1.00 48.46           N
ATOM    681  CA  SER A  88     -18.426  -8.221   1.759  1.00 47.83           C
ATOM    682  C   SER A  88     -18.871  -8.035   3.212  1.00 43.27           C
ATOM    683  O   SER A  88     -18.315  -7.210   3.935  1.00 45.67           O
ATOM    684  CB  SER A  88     -19.126  -7.209   0.843  1.00 46.62           C
ATOM    685  OG  SER A  88     -20.530  -7.399   0.826  1.00 56.66           O
ATOM    686  N   GLU A  89     -19.857  -8.823   3.638  1.00 43.65           N
ATOM    687  CA  GLU A  89     -20.347  -8.780   5.012  1.00 42.47           C
ATOM    688  C   GLU A  89     -19.332  -9.323   6.015  1.00 42.20           C
ATOM    689  O   GLU A  89     -19.508  -9.163   7.224  1.00 44.31           O
ATOM    690  CB  GLU A  89     -21.658  -9.562   5.146  1.00 48.07           C
ATOM    691  CG  GLU A  89     -22.881  -8.844   4.594  1.00 69.24           C
ATOM    692  CD  GLU A  89     -22.970  -8.904   3.079  1.00 77.53           C
ATOM    693  OE1 GLU A  89     -22.301  -9.773   2.476  1.00 65.90           O
ATOM    694  OE2 GLU A  89     -23.710  -8.081   2.493  1.00 76.65           O
ATOM    695  N   ASP A  90     -18.279  -9.969   5.519  1.00 36.36           N
ATOM    696  CA  ASP A  90     -17.213 -10.463   6.388  1.00 34.38           C
ATOM    697  C   ASP A  90     -16.197  -9.364   6.709  1.00 39.43           C
ATOM    698  O   ASP A  90     -15.250  -9.589   7.463  1.00 38.18           O
ATOM    699  CB  ASP A  90     -16.494 -11.658   5.751  1.00 38.88           C
ATOM    700  CG  ASP A  90     -17.361 -12.903   5.681  1.00 42.31           C
ATOM    701  OD1 ASP A  90     -18.157 -13.146   6.616  1.00 37.56           O
ATOM    702  OD2 ASP A  90     -17.237 -13.646   4.683  1.00 47.30           O
ATOM    703  N   THR A  91     -16.389  -8.183   6.127  1.00 34.63           N
ATOM    704  CA  THR A  91     -15.525  -7.042   6.418  1.00 35.67           C
ATOM    705  C   THR A  91     -15.661  -6.663   7.887  1.00 34.77           C
ATOM    706  O   THR A  91     -16.743  -6.285   8.340  1.00 34.99           O
ATOM    707  CB  THR A  91     -15.858  -5.818   5.532  1.00 37.50           C
ATOM    708  CG2 THR A  91     -15.075  -4.591   5.994  1.00 34.40           C
```

```
ATOM    709  OG1 THR A  91     -15.529  -6.104   4.164  1.00 40.03           O
ATOM    710  N   ALA A  92     -14.562  -6.772   8.626  1.00 29.62           N
ATOM    711  CA  ALA A  92     -14.588  -6.570  10.070  1.00 32.67           C
ATOM    712  C   ALA A  92     -13.190  -6.544  10.665  1.00 27.73           C
ATOM    713  O   ALA A  92     -12.209  -6.882  10.001  1.00 29.29           O
ATOM    714  CB  ALA A  92     -15.416  -7.671  10.746  1.00 33.43           C
ATOM    715  N   VAL A  93     -13.112  -6.143  11.929  1.00 30.17           N
ATOM    716  CA  VAL A  93     -11.897  -6.308  12.704  1.00 26.67           C
ATOM    717  C   VAL A  93     -11.959  -7.652  13.424  1.00 29.85           C
ATOM    718  O   VAL A  93     -12.911  -7.934  14.154  1.00 32.54           O
ATOM    719  CB  VAL A  93     -11.705  -5.169  13.726  1.00 31.84           C
ATOM    720  CG1 VAL A  93     -10.539  -5.475  14.653  1.00 24.37           C
ATOM    721  CG2 VAL A  93     -11.487  -3.842  13.009  1.00 25.26           C
ATOM    722  N   TYR A  94     -10.948  -8.484  13.207  1.00 26.52           N
ATOM    723  CA  TYR A  94     -10.911  -9.806  13.816  1.00 31.35           C
ATOM    724  C   TYR A  94      -9.961  -9.826  15.005  1.00 33.59           C
ATOM    725  O   TYR A  94      -8.769  -9.546  14.867  1.00 31.79           O
ATOM    726  CB  TYR A  94     -10.518 -10.861  12.774  1.00 25.00           C
ATOM    727  CG  TYR A  94     -11.629 -11.105  11.781  1.00 27.22           C
ATOM    728  CD1 TYR A  94     -11.863 -10.216  10.739  1.00 30.50           C
ATOM    729  CD2 TYR A  94     -12.469 -12.207  11.906  1.00 23.97           C
ATOM    730  CE1 TYR A  94     -12.893 -10.423   9.842  1.00 27.95           C
ATOM    731  CE2 TYR A  94     -13.492 -12.423  11.022  1.00 26.58           C
ATOM    732  CZ  TYR A  94     -13.703 -11.527   9.989  1.00 32.87           C
ATOM    733  OH  TYR A  94     -14.730 -11.739   9.104  1.00 30.47           O
ATOM    734  N   TYR A  95     -10.511 -10.135  16.177  1.00 24.85           N
ATOM    735  CA  TYR A  95      -9.731 -10.215  17.406  1.00 28.45           C
ATOM    736  C   TYR A  95      -9.474 -11.661  17.805  1.00 27.62           C
ATOM    737  O   TYR A  95     -10.356 -12.508  17.688  1.00 28.27           O
ATOM    738  CB  TYR A  95     -10.450  -9.512  18.564  1.00 24.54           C
ATOM    739  CG  TYR A  95     -10.626  -8.019  18.419  1.00 26.81           C
ATOM    740  CD1 TYR A  95      -9.580  -7.148  18.692  1.00 27.26           C
ATOM    741  CD2 TYR A  95     -11.847  -7.481  18.036  1.00 28.58           C
ATOM    742  CE1 TYR A  95      -9.737  -5.778  18.571  1.00 27.06           C
ATOM    743  CE2 TYR A  95     -12.017  -6.113  17.913  1.00 27.13           C
ATOM    744  CZ  TYR A  95     -10.960  -5.269  18.184  1.00 27.27           C
ATOM    745  OH  TYR A  95     -11.125  -3.911  18.060  1.00 31.79           O
ATOM    746  N   CYS A  96      -8.274 -11.945  18.289  1.00 23.92           N
ATOM    747  CA  CYS A  96      -8.073 -13.182  19.025  1.00 30.30           C
ATOM    748  C   CYS A  96      -8.115 -12.829  20.505  1.00 27.04           C
ATOM    749  O   CYS A  96      -7.708 -11.736  20.899  1.00 28.05           O
ATOM    750  CB  CYS A  96      -6.758 -13.877  18.645  1.00 33.84           C
ATOM    751  SG  CYS A  96      -5.246 -13.010  19.099  1.00 48.82           S
ATOM    752  N   ALA A  97      -8.634 -13.742  21.316  1.00 28.58           N
ATOM    753  CA  ALA A  97      -8.783 -13.497  22.743  1.00 26.57           C
ATOM    754  C   ALA A  97      -8.768 -14.816  23.507  1.00 32.11           C
ATOM    755  O   ALA A  97      -9.409 -15.780  23.091  1.00 30.87           O
ATOM    756  CB  ALA A  97     -10.065 -12.736  23.016  1.00 26.61           C
ATOM    757  N   SER A  98      -8.042 -14.864  24.621  1.00 27.25           N
ATOM    758  CA  SER A  98      -7.888 -16.121  25.348  1.00 32.20           C
ATOM    759  C   SER A  98      -8.839 -16.275  26.532  1.00 29.23           C
ATOM    760  O   SER A  98      -9.249 -15.294  27.153  1.00 25.23           O
ATOM    761  CB  SER A  98      -6.453 -16.280  25.845  1.00 33.45           C
ATOM    762  OG  SER A  98      -6.155 -15.337  26.856  1.00 45.41           O
ATOM    763  N   SER A  99      -9.169 -17.528  26.833  1.00 29.87           N
ATOM    764  CA  SER A  99      -9.971 -17.885  28.001  1.00 30.05           C
ATOM    765  C   SER A  99      -9.348 -19.099  28.689  1.00 35.19           C
ATOM    766  O   SER A  99      -8.528 -19.794  28.086  1.00 30.60           O
ATOM    767  CB  SER A  99     -11.417 -18.171  27.596  1.00 26.53           C
ATOM    768  OG  SER A  99     -11.485 -19.129  26.552  1.00 29.62           O
ATOM    769  N   SER A 100      -9.738 -19.355  29.938  1.00 33.90           N
ATOM    770  CA  SER A 100      -9.099 -20.396  30.749  1.00 39.84           C
ATOM    771  C   SER A 100     -10.060 -21.427  31.338  1.00 33.23           C
ATOM    772  O   SER A 100      -9.932 -21.793  32.506  1.00 40.18           O
ATOM    773  CB  SER A 100      -8.319 -19.758  31.900  1.00 32.53           C
ATOM    774  OG  SER A 100      -7.194 -19.048  31.424  1.00 49.78           O
ATOM    775  O   GLY A 101     -14.315 -23.137  30.676  1.00 40.43           O
ATOM    776  N   GLY A 101     -11.017 -21.899  30.547  1.00 31.28           N
ATOM    777  CA  GLY A 101     -11.974 -22.868  31.048  1.00 28.36           C
ATOM    778  C   GLY A 101     -13.406 -22.374  30.999  1.00 32.57           C
ATOM    779  O   TRP A 102     -13.530 -18.918  29.800  1.00 32.97           O
```

```
ATOM    780  N   TRP A 102     -13.617 -21.110  31.357  1.00 23.41           N
ATOM    781  CA  TRP A 102     -14.879 -20.435  31.059  1.00 26.91           C
ATOM    782  C   TRP A 102     -14.626 -19.471  29.916  1.00 30.14           C
ATOM    783  CB  TRP A 102     -15.432 -19.683  32.271  1.00 27.64           C
ATOM    784  CG  TRP A 102     -15.721 -20.553  33.447  1.00 28.49           C
ATOM    785  CD1 TRP A 102     -16.761 -21.428  33.587  1.00 25.22           C
ATOM    786  CD2 TRP A 102     -14.972 -20.618  34.664  1.00 25.37           C
ATOM    787  NE1 TRP A 102     -16.701 -22.038  34.818  1.00 26.75           N
ATOM    788  CE2 TRP A 102     -15.611 -21.559  35.498  1.00 23.51           C
ATOM    789  CE3 TRP A 102     -13.819 -19.977  35.128  1.00 23.78           C
ATOM    790  CZ2 TRP A 102     -15.134 -21.874  36.772  1.00 27.12           C
ATOM    791  CZ3 TRP A 102     -13.346 -20.291  36.396  1.00 31.84           C
ATOM    792  CH2 TRP A 102     -14.003 -21.232  37.202  1.00 24.60           C
ATOM    793  O   TYR A 103     -16.560 -16.374  27.434  1.00 35.87           O
ATOM    794  N   TYR A 103     -15.628 -19.268  29.071  1.00 23.62           N
ATOM    795  CA  TYR A 103     -15.441 -18.444  27.884  1.00 33.88           C
ATOM    796  C   TYR A 103     -15.723 -16.960  28.117  1.00 34.03           C
ATOM    797  CB  TYR A 103     -16.321 -18.949  26.742  1.00 27.85           C
ATOM    798  CG  TYR A 103     -15.988 -20.342  26.265  1.00 32.69           C
ATOM    799  CD1 TYR A 103     -14.804 -20.601  25.588  1.00 31.32           C
ATOM    800  CD2 TYR A 103     -16.866 -21.396  26.478  1.00 31.92           C
ATOM    801  CE1 TYR A 103     -14.498 -21.879  25.143  1.00 32.07           C
ATOM    802  CE2 TYR A 103     -16.571 -22.673  26.036  1.00 31.82           C
ATOM    803  CZ  TYR A 103     -15.385 -22.908  25.370  1.00 34.61           C
ATOM    804  OH  TYR A 103     -15.090 -24.176  24.931  1.00 37.00           O
ATOM    805  N   TYR A 104     -15.035 -16.359  29.085  1.00 30.47           N
ATOM    806  CA  TYR A 104     -14.929 -14.904  29.133  1.00 34.52           C
ATOM    807  C   TYR A 104     -13.452 -14.557  28.940  1.00 37.81           C
ATOM    808  O   TYR A 104     -12.571 -15.311  29.359  1.00 33.63           O
ATOM    809  CB  TYR A 104     -15.488 -14.328  30.439  1.00 28.01           C
ATOM    810  CG  TYR A 104     -14.762 -14.755  31.690  1.00 29.48           C
ATOM    811  CD2 TYR A 104     -15.209 -15.837  32.442  1.00 31.05           C
ATOM    812  CD1 TYR A 104     -13.639 -14.068  32.132  1.00 33.84           C
ATOM    813  CE2 TYR A 104     -14.547 -16.227  33.600  1.00 31.77           C
ATOM    814  CE1 TYR A 104     -12.968 -14.452  33.282  1.00 38.93           C
ATOM    815  CZ  TYR A 104     -13.424 -15.530  34.009  1.00 35.52           C
ATOM    816  OH  TYR A 104     -12.751 -15.905  35.147  1.00 47.88           O
ATOM    817  N   PHE A 105     -13.180 -13.423  28.308  1.00 34.39           N
ATOM    818  CA  PHE A 105     -11.862 -13.201  27.718  1.00 31.85           C
ATOM    819  C   PHE A 105     -11.046 -12.124  28.419  1.00 31.30           C
ATOM    820  O   PHE A 105     -11.367 -10.938  28.347  1.00 33.02           O
ATOM    821  CB  PHE A 105     -12.046 -12.872  26.240  1.00 27.43           C
ATOM    822  CG  PHE A 105     -13.093 -13.719  25.583  1.00 32.14           C
ATOM    823  CD1 PHE A 105     -12.894 -15.083  25.423  1.00 32.34           C
ATOM    824  CD2 PHE A 105     -14.292 -13.168  25.166  1.00 33.77           C
ATOM    825  CE1 PHE A 105     -13.866 -15.879  24.840  1.00 28.51           C
ATOM    826  CE2 PHE A 105     -15.267 -13.959  24.577  1.00 36.93           C
ATOM    827  CZ  PHE A 105     -15.052 -15.317  24.413  1.00 31.65           C
ATOM    828  N   ASP A 106      -9.981 -12.543  29.097  1.00 31.31           N
ATOM    829  CA  ASP A 106      -9.205 -11.614  29.914  1.00 33.51           C
ATOM    830  C   ASP A 106      -8.015 -11.014  29.167  1.00 32.69           C
ATOM    831  O   ASP A 106      -7.485  -9.983  29.578  1.00 38.29           O
ATOM    832  CB  ASP A 106      -8.734 -12.298  31.206  1.00 37.27           C
ATOM    833  CG  ASP A 106      -8.078 -13.645  30.962  1.00 44.11           C
ATOM    834  OD1 ASP A 106      -8.298 -14.243  29.886  1.00 44.95           O
ATOM    835  OD2 ASP A 106      -7.347 -14.114  31.860  1.00 39.24           O
ATOM    836  N   TYR A 107      -7.604 -11.645  28.069  1.00 33.81           N
ATOM    837  CA  TYR A 107      -6.550 -11.085  27.220  1.00 31.46           C
ATOM    838  C   TYR A 107      -6.967 -11.061  25.752  1.00 27.21           C
ATOM    839  O   TYR A 107      -7.565 -12.015  25.256  1.00 27.70           O
ATOM    840  CB  TYR A 107      -5.250 -11.870  27.388  1.00 34.62           C
ATOM    841  CG  TYR A 107      -4.719 -11.830  28.802  1.00 39.20           C
ATOM    842  CD1 TYR A 107      -4.065 -10.705  29.284  1.00 44.79           C
ATOM    843  CD2 TYR A 107      -4.882 -12.912  29.659  1.00 42.77           C
ATOM    844  CE1 TYR A 107      -3.584 -10.658  30.583  1.00 57.22           C
ATOM    845  CE2 TYR A 107      -4.403 -12.875  30.957  1.00 50.96           C
ATOM    846  CZ  TYR A 107      -3.758 -11.746  31.414  1.00 48.15           C
ATOM    847  OH  TYR A 107      -3.279 -11.702  32.703  1.00 71.00           O
ATOM    848  N   TRP A 108      -6.638  -9.967  25.066  1.00 27.81           N
ATOM    849  CA  TRP A 108      -7.055  -9.741  23.679  1.00 21.18           C
ATOM    850  C   TRP A 108      -5.892  -9.324  22.782  1.00 26.32           C
```

```
ATOM    851  O   TRP A 108      -4.984  -8.615  23.218  1.00 29.92           O
ATOM    852  CB  TRP A 108      -8.132  -8.654  23.610  1.00 21.90           C
ATOM    853  CG  TRP A 108      -9.444  -9.007  24.233  1.00 27.98           C
ATOM    854  CD1 TRP A 108      -9.700  -9.207  25.560  1.00 27.08           C
ATOM    855  CD2 TRP A 108     -10.693  -9.171  23.554  1.00 27.01           C
ATOM    856  CE2 TRP A 108     -11.663  -9.484  24.530  1.00 25.58           C
ATOM    857  CE3 TRP A 108     -11.085  -9.093  22.212  1.00 25.64           C
ATOM    858  NE1 TRP A 108     -11.032  -9.500  25.746  1.00 24.70           N
ATOM    859  CZ2 TRP A 108     -12.999  -9.715  24.208  1.00 25.47           C
ATOM    860  CZ3 TRP A 108     -12.414  -9.322  21.893  1.00 32.29           C
ATOM    861  CH2 TRP A 108     -13.355  -9.630  22.889  1.00 32.24           C
ATOM    862  N   GLY A 109      -5.928  -9.748  21.523  1.00 27.02           N
ATOM    863  CA  GLY A 109      -5.002  -9.227  20.531  1.00 28.74           C
ATOM    864  C   GLY A 109      -5.415  -7.812  20.159  1.00 31.88           C
ATOM    865  O   GLY A 109      -6.476  -7.346  20.584  1.00 26.79           O
ATOM    866  N   GLN A 110      -4.595  -7.120  19.373  1.00 28.50           N
ATOM    867  CA  GLN A 110      -4.878  -5.721  19.055  1.00 29.47           C
ATOM    868  C   GLN A 110      -5.904  -5.611  17.928  1.00 30.21           C
ATOM    869  O   GLN A 110      -6.432  -4.532  17.659  1.00 36.00           O
ATOM    870  CB  GLN A 110      -3.591  -4.966  18.683  1.00 23.57           C
ATOM    871  CG  GLN A 110      -3.125  -5.156  17.239  1.00 29.23           C
ATOM    872  CD  GLN A 110      -2.309  -6.419  17.032  1.00 33.10           C
ATOM    873  NE2 GLN A 110      -1.568  -6.467  15.929  1.00 31.73           N
ATOM    874  OE1 GLN A 110      -2.343  -7.342  17.850  1.00 35.23           O
ATOM    875  N   GLY A 111      -6.192  -6.733  17.277  1.00 31.62           N
ATOM    876  CA  GLY A 111      -7.188  -6.760  16.225  1.00 31.32           C
ATOM    877  C   GLY A 111      -6.604  -6.675  14.831  1.00 34.22           C
ATOM    878  O   GLY A 111      -5.561  -6.059  14.612  1.00 31.13           O
ATOM    879  N   THR A 112      -7.291  -7.299  13.882  1.00 29.50           N
ATOM    880  CA  THR A 112      -6.858  -7.300  12.494  1.00 30.89           C
ATOM    881  C   THR A 112      -8.008  -6.901  11.587  1.00 30.69           C
ATOM    882  O   THR A 112      -9.035  -7.577  11.551  1.00 28.68           O
ATOM    883  CB  THR A 112      -6.334  -8.683  12.064  1.00 34.70           C
ATOM    884  CG2 THR A 112      -5.960  -8.683  10.584  1.00 33.17           C
ATOM    885  OG1 THR A 112      -5.182  -9.025  12.846  1.00 39.75           O
ATOM    886  N   LEU A 113      -7.842  -5.804  10.859  1.00 28.77           N
ATOM    887  CA  LEU A 113      -8.868  -5.372   9.917  1.00 26.18           C
ATOM    888  C   LEU A 113      -8.801  -6.203   8.635  1.00 32.80           C
ATOM    889  O   LEU A 113      -7.769  -6.263   7.968  1.00 31.11           O
ATOM    890  CB  LEU A 113      -8.721  -3.883   9.587  1.00 26.67           C
ATOM    891  CG  LEU A 113      -9.680  -3.339   8.518  1.00 32.26           C
ATOM    892  CD1 LEU A 113     -11.139  -3.581   8.899  1.00 29.02           C
ATOM    893  CD2 LEU A 113      -9.437  -1.855   8.262  1.00 32.24           C
ATOM    894  N   VAL A 114      -9.904  -6.859   8.305  1.00 28.44           N
ATOM    895  CA  VAL A 114     -10.009  -7.566   7.036  1.00 30.93           C
ATOM    896  C   VAL A 114     -11.076  -6.899   6.188  1.00 30.62           C
ATOM    897  O   VAL A 114     -12.233  -6.788   6.601  1.00 29.64           O
ATOM    898  CB  VAL A 114     -10.353  -9.058   7.225  1.00 31.72           C
ATOM    899  CG1 VAL A 114     -10.535  -9.740   5.869  1.00 33.36           C
ATOM    900  CG2 VAL A 114      -9.265  -9.750   8.042  1.00 32.90           C
ATOM    901  N   THR A 115     -10.676  -6.436   5.009  1.00 35.29           N
ATOM    902  CA  THR A 115     -11.604  -5.788   4.100  1.00 34.33           C
ATOM    903  C   THR A 115     -11.863  -6.700   2.912  1.00 36.39           C
ATOM    904  O   THR A 115     -10.929  -7.156   2.251  1.00 35.90           O
ATOM    905  CB  THR A 115     -11.068  -4.426   3.610  1.00 36.40           C
ATOM    906  CG2 THR A 115     -12.038  -3.785   2.628  1.00 34.46           C
ATOM    907  OG1 THR A 115     -10.890  -3.552   4.730  1.00 37.23           O
ATOM    908  N   VAL A 116     -13.136  -6.976   2.657  1.00 39.45           N
ATOM    909  CA  VAL A 116     -13.527  -7.775   1.504  1.00 34.84           C
ATOM    910  C   VAL A 116     -14.212  -6.875   0.490  1.00 38.13           C
ATOM    911  O   VAL A 116     -15.289  -6.339   0.755  1.00 35.45           O
ATOM    912  CB  VAL A 116     -14.475  -8.932   1.886  1.00 39.24           C
ATOM    913  CG1 VAL A 116     -14.679  -9.864   0.693  1.00 39.66           C
ATOM    914  CG2 VAL A 116     -13.924  -9.705   3.075  1.00 38.07           C
ATOM    915  N   SER A 117     -13.589  -6.706  -0.671  1.00 34.44           N
ATOM    916  CA  SER A 117     -14.126  -5.795  -1.671  1.00 40.89           C
ATOM    917  C   SER A 117     -13.687  -6.131  -3.091  1.00 40.89           C
ATOM    918  O   SER A 117     -12.598  -6.661  -3.313  1.00 38.45           O
ATOM    919  CB  SER A 117     -13.716  -4.359  -1.345  1.00 34.47           C
ATOM    920  OG  SER A 117     -14.224  -3.460  -2.318  1.00 43.36           O
ATOM    921  O   SER A 118     -12.636  -4.911  -6.922  1.00 43.31           O
```

```
ATOM    922  N   SER A 118     -14.546  -5.795  -4.047  1.00 42.01           N
ATOM    923  CA  SER A 118     -14.232  -5.940  -5.462  1.00 52.20           C
ATOM    924  C   SER A 118     -13.391  -4.770  -5.963  1.00 47.46           C
ATOM    925  CB  SER A 118     -15.516  -6.046  -6.287  1.00 44.49           C
ATOM    926  OG  SER A 118     -16.364  -7.057  -5.772  1.00 64.31           O
ATOM    927  O   ALA A 119     -10.794  -3.378  -5.023  1.00 46.60           O
ATOM    928  N   ALA A 119     -13.530  -3.617  -5.311  1.00 44.58           N
ATOM    929  CA  ALA A 119     -12.862  -2.393  -5.753  1.00 40.93           C
ATOM    930  C   ALA A 119     -11.342  -2.520  -5.714  1.00 45.33           C
ATOM    931  CB  ALA A 119     -13.312  -1.211  -4.908  1.00 36.58           C
ATOM    932  N   SER A 120     -10.666  -1.656  -6.462  1.00 46.47           N
ATOM    933  CA  SER A 120      -9.215  -1.709  -6.568  1.00 45.38           C
ATOM    934  C   SER A 120      -8.519  -1.011  -5.404  1.00 40.94           C
ATOM    935  O   SER A 120      -8.988   0.011  -4.907  1.00 41.57           O
ATOM    936  CB  SER A 120      -8.765  -1.087  -7.888  1.00 48.55           C
ATOM    937  OG  SER A 120      -9.353  -1.760  -8.986  1.00 60.18           O
ATOM    938  N   THR A 121      -7.396  -1.579  -4.977  1.00 34.74           N
ATOM    939  CA  THR A 121      -6.548  -0.974  -3.960  1.00 32.02           C
ATOM    940  C   THR A 121      -5.820   0.246  -4.520  1.00 36.76           C
ATOM    941  O   THR A 121      -5.170   0.163  -5.560  1.00 38.97           O
ATOM    942  CB  THR A 121      -5.515  -1.984  -3.424  1.00 34.58           C
ATOM    943  CG2 THR A 121      -4.467  -1.287  -2.564  1.00 34.08           C
ATOM    944  OG1 THR A 121      -6.183  -2.982  -2.643  1.00 35.30           O
ATOM    945  N   LYS A 122      -5.925   1.374  -3.822  1.00 38.80           N
ATOM    946  CA  LYS A 122      -5.311   2.619  -4.276  1.00 33.51           C
ATOM    947  C   LYS A 122      -4.612   3.348  -3.137  1.00 34.96           C
ATOM    948  O   LYS A 122      -5.217   3.618  -2.103  1.00 36.45           O
ATOM    949  CB  LYS A 122      -6.364   3.533  -4.907  1.00 31.35           C
ATOM    950  CG  LYS A 122      -5.799   4.818  -5.474  1.00 41.47           C
ATOM    951  CD  LYS A 122      -6.894   5.726  -6.013  1.00 44.52           C
ATOM    952  CE  LYS A 122      -6.300   6.975  -6.653  1.00 45.34           C
ATOM    953  NZ  LYS A 122      -5.380   7.695  -5.723  1.00 52.67           N
ATOM    954  N   GLY A 123      -3.336   3.665  -3.328  1.00 34.17           N
ATOM    955  CA  GLY A 123      -2.581   4.418  -2.344  1.00 31.92           C
ATOM    956  C   GLY A 123      -2.957   5.889  -2.359  1.00 38.36           C
ATOM    957  O   GLY A 123      -3.423   6.403  -3.375  1.00 39.10           O
ATOM    958  N   PRO A 124      -2.747   6.578  -1.228  1.00 35.34           N
ATOM    959  CA  PRO A 124      -3.181   7.963  -1.024  1.00 33.85           C
ATOM    960  C   PRO A 124      -2.245   9.021  -1.600  1.00 38.95           C
ATOM    961  O   PRO A 124      -1.036   8.809  -1.689  1.00 33.76           O
ATOM    962  CB  PRO A 124      -3.209   8.084   0.497  1.00 31.61           C
ATOM    963  CG  PRO A 124      -2.100   7.184   0.944  1.00 31.80           C
ATOM    964  CD  PRO A 124      -2.095   6.024  -0.026  1.00 35.65           C
ATOM    965  N   SER A 125      -2.817  10.160  -1.974  1.00 31.51           N
ATOM    966  CA  SER A 125      -2.038  11.366  -2.216  1.00 34.17           C
ATOM    967  C   SER A 125      -2.015  12.176  -0.926  1.00 32.77           C
ATOM    968  O   SER A 125      -3.041  12.315  -0.261  1.00 38.58           O
ATOM    969  CB  SER A 125      -2.631  12.189  -3.362  1.00 40.17           C
ATOM    970  OG  SER A 125      -2.812  11.397  -4.524  1.00 45.30           O
ATOM    971  N   VAL A 126      -0.851  12.695  -0.557  1.00 28.64           N
ATOM    972  CA  VAL A 126      -0.734  13.466   0.674  1.00 28.98           C
ATOM    973  C   VAL A 126      -0.444  14.927   0.363  1.00 33.93           C
ATOM    974  O   VAL A 126       0.556  15.244  -0.279  1.00 37.76           O
ATOM    975  CB  VAL A 126       0.367  12.905   1.593  1.00 28.89           C
ATOM    976  CG1 VAL A 126       0.374  13.641   2.930  1.00 28.32           C
ATOM    977  CG2 VAL A 126       0.169  11.413   1.797  1.00 24.48           C
ATOM    978  N   PHE A 127      -1.325  15.809   0.825  1.00 29.15           N
ATOM    979  CA  PHE A 127      -1.212  17.236   0.557  1.00 31.17           C
ATOM    980  C   PHE A 127      -1.034  18.028   1.850  1.00 38.80           C
ATOM    981  O   PHE A 127      -1.578  17.657   2.892  1.00 31.26           O
ATOM    982  CB  PHE A 127      -2.448  17.739  -0.198  1.00 29.74           C
ATOM    983  CG  PHE A 127      -2.709  17.013  -1.484  1.00 32.93           C
ATOM    984  CD1 PHE A 127      -1.798  17.076  -2.529  1.00 36.91           C
ATOM    985  CD2 PHE A 127      -3.869  16.275  -1.657  1.00 33.66           C
ATOM    986  CE1 PHE A 127      -2.033  16.407  -3.718  1.00 30.94           C
ATOM    987  CE2 PHE A 127      -4.114  15.605  -2.848  1.00 38.29           C
ATOM    988  CZ  PHE A 127      -3.194  15.670  -3.878  1.00 33.93           C
ATOM    989  N   PRO A 128      -0.278  19.134   1.785  1.00 38.69           N
ATOM    990  CA  PRO A 128      -0.029  19.931   2.990  1.00 31.44           C
ATOM    991  C   PRO A 128      -1.230  20.772   3.410  1.00 34.99           C
ATOM    992  O   PRO A 128      -1.930  21.318   2.562  1.00 36.42           O
```

```
ATOM    993  CB  PRO A 128       1.136  20.832   2.575  1.00 35.21           C
ATOM    994  CG  PRO A 128       0.966  20.997   1.104  1.00 31.99           C
ATOM    995  CD  PRO A 128       0.395  19.694   0.598  1.00 31.14           C
ATOM    996  N   LEU A 129      -1.470  20.845   4.714  1.00 31.68           N
ATOM    997  CA  LEU A 129      -2.354  21.853   5.280  1.00 32.81           C
ATOM    998  C   LEU A 129      -1.451  22.903   5.908  1.00 29.54           C
ATOM    999  O   LEU A 129      -1.054  22.777   7.063  1.00 28.79           O
ATOM   1000  CB  LEU A 129      -3.309  21.249   6.314  1.00 28.35           C
ATOM   1001  CG  LEU A 129      -4.272  20.181   5.787  1.00 32.12           C
ATOM   1002  CD1 LEU A 129      -5.104  19.577   6.917  1.00 27.87           C
ATOM   1003  CD2 LEU A 129      -5.170  20.762   4.700  1.00 27.99           C
ATOM   1004  N   ALA A 130      -1.106  23.923   5.130  1.00 30.89           N
ATOM   1005  CA  ALA A 130      -0.044  24.853   5.509  1.00 38.77           C
ATOM   1006  C   ALA A 130      -0.484  25.820   6.595  1.00 37.50           C
ATOM   1007  O   ALA A 130      -1.576  26.378   6.524  1.00 41.37           O
ATOM   1008  CB  ALA A 130       0.445  25.624   4.286  1.00 37.41           C
ATOM   1009  N   PRO A 131       0.381  26.031   7.599  1.00 45.74           N
ATOM   1010  CA  PRO A 131       0.059  26.928   8.714  1.00 46.02           C
ATOM   1011  C   PRO A 131      -0.111  28.370   8.245  1.00 52.71           C
ATOM   1012  O   PRO A 131       0.650  28.845   7.397  1.00 47.91           O
ATOM   1013  CB  PRO A 131       1.264  26.778   9.647  1.00 40.81           C
ATOM   1014  CG  PRO A 131       2.376  26.354   8.764  1.00 45.92           C
ATOM   1015  CD  PRO A 131       1.751  25.499   7.694  1.00 43.34           C
ATOM   1016  N   SER A 132      -1.117  29.043   8.793  1.00 55.56           N
ATOM   1017  CA  SER A 132      -1.473  30.396   8.380  1.00 71.89           C
ATOM   1018  C   SER A 132      -0.309  31.371   8.517  1.00 74.46           C
ATOM   1019  O   SER A 132       0.408  31.364   9.518  1.00 79.24           O
ATOM   1020  CB  SER A 132      -2.670  30.896   9.198  1.00 76.95           C
ATOM   1021  OG  SER A 132      -3.053  32.204   8.811  1.00 77.97           O
ATOM   1022  N   SER A 133      -0.120  32.201   7.496  1.00 80.68           N
ATOM   1023  CA  SER A 133       0.838  33.296   7.575  1.00 89.81           C
ATOM   1024  C   SER A 133       0.309  34.331   8.560  1.00 95.47           C
ATOM   1025  O   SER A 133       1.072  35.087   9.166  1.00 92.23           O
ATOM   1026  CB  SER A 133       1.075  33.922   6.198  1.00 81.20           C
ATOM   1027  OG  SER A 133      -0.144  34.340   5.609  1.00 74.80           O
ATOM   1028  N   LYS A 134      -1.012  34.343   8.717  1.00 93.18           N
ATOM   1029  CA  LYS A 134      -1.678  35.224   9.665  1.00 90.77           C
ATOM   1030  C   LYS A 134      -1.923  34.525  11.001  1.00 94.50           C
ATOM   1031  O   LYS A 134      -2.896  34.825  11.696  1.00 94.00           O
ATOM   1032  CB  LYS A 134      -3.003  35.729   9.089  1.00 86.16           C
ATOM   1033  CG  LYS A 134      -2.852  36.635   7.879  1.00 83.75           C
ATOM   1034  CD  LYS A 134      -4.135  37.409   7.614  1.00 91.56           C
ATOM   1035  CE  LYS A 134      -3.926  38.492   6.567  1.00 95.47           C
ATOM   1036  NZ  LYS A 134      -5.110  39.389   6.446  1.00 88.66           N
ATOM   1037  N   SER A 135      -1.045  33.588  11.353  1.00 96.11           N
ATOM   1038  CA  SER A 135      -1.111  32.936  12.658  1.00 97.73           C
ATOM   1039  C   SER A 135      -0.885  33.973  13.753  1.00102.54           C
ATOM   1040  O   SER A 135      -0.148  34.941  13.555  1.00102.52           O
ATOM   1041  CB  SER A 135      -0.077  31.810  12.768  1.00 83.08           C
ATOM   1042  OG  SER A 135      -0.335  30.775  11.834  1.00 78.24           O
ATOM   1043  N   THR A 136      -1.524  33.775  14.901  1.00102.47           N
ATOM   1044  CA  THR A 136      -1.399  34.717  16.009  1.00105.40           C
ATOM   1045  C   THR A 136       0.030  34.741  16.550  1.00104.11           C
ATOM   1046  O   THR A 136       0.518  33.744  17.085  1.00 99.44           O
ATOM   1047  CB  THR A 136      -2.377  34.379  17.154  1.00 99.90           C
ATOM   1048  CG2 THR A 136      -3.817  34.548  16.692  1.00100.80           C
ATOM   1049  OG1 THR A 136      -2.173  33.027  17.582  1.00 97.52           O
ATOM   1050  N   SER A 137       0.696  35.883  16.395  1.00105.35           N
ATOM   1051  CA  SER A 137       2.071  36.049  16.858  1.00104.45           C
ATOM   1052  C   SER A 137       2.168  35.866  18.370  1.00102.60           C
ATOM   1053  O   SER A 137       1.517  36.580  19.135  1.00 98.58           O
ATOM   1054  CB  SER A 137       2.610  37.424  16.456  1.00105.78           C
ATOM   1055  OG  SER A 137       2.624  37.578  15.047  1.00 96.80           O
ATOM   1056  N   GLY A 138       2.981  34.902  18.790  1.00 97.35           N
ATOM   1057  CA  GLY A 138       3.115  34.571  20.197  1.00 98.58           C
ATOM   1058  C   GLY A 138       1.978  33.692  20.685  1.00 99.72           C
ATOM   1059  O   GLY A 138       1.816  33.480  21.888  1.00 98.83           O
ATOM   1060  N   GLY A 139       1.188  33.180  19.744  1.00 93.81           N
ATOM   1061  CA  GLY A 139       0.044  32.348  20.066  1.00 77.07           C
ATOM   1062  C   GLY A 139       0.181  30.926  19.557  1.00 70.80           C
ATOM   1063  O   GLY A 139       1.247  30.316  19.662  1.00 65.42           O
```

```
ATOM   1064  N   THR A 140      -0.904  30.398  18.998  1.00 65.95           N
ATOM   1065  CA  THR A 140      -0.941  29.012  18.541  1.00 60.59           C
ATOM   1066  C   THR A 140      -1.281  28.906  17.053  1.00 54.28           C
ATOM   1067  O   THR A 140      -2.238  29.520  16.580  1.00 54.81           O
ATOM   1068  CB  THR A 140      -1.963  28.189  19.360  1.00 57.65           C
ATOM   1069  CG2 THR A 140      -2.218  26.832  18.719  1.00 45.39           C
ATOM   1070  OG1 THR A 140      -1.463  27.993  20.689  1.00 65.11           O
ATOM   1071  N   ALA A 141      -0.488  28.129  16.321  1.00 41.19           N
ATOM   1072  CA  ALA A 141      -0.767  27.862  14.914  1.00 47.82           C
ATOM   1073  C   ALA A 141      -1.193  26.410  14.708  1.00 39.86           C
ATOM   1074  O   ALA A 141      -0.881  25.541  15.521  1.00 42.63           O
ATOM   1075  CB  ALA A 141       0.447  28.181  14.059  1.00 33.31           C
ATOM   1076  N   ALA A 142      -1.911  26.151  13.621  1.00 35.54           N
ATOM   1077  CA  ALA A 142      -2.279  24.787  13.265  1.00 32.56           C
ATOM   1078  C   ALA A 142      -1.747  24.446  11.885  1.00 30.50           C
ATOM   1079  O   ALA A 142      -1.761  25.276  10.978  1.00 39.38           O
ATOM   1080  CB  ALA A 142      -3.791  24.600  13.317  1.00 33.11           C
ATOM   1081  N   LEU A 143      -1.267  23.220  11.735  1.00 29.03           N
ATOM   1082  CA  LEU A 143      -0.827  22.726  10.447  1.00 27.15           C
ATOM   1083  C   LEU A 143      -1.214  21.263  10.343  1.00 29.85           C
ATOM   1084  O   LEU A 143      -1.577  20.643  11.340  1.00 30.37           O
ATOM   1085  CB  LEU A 143       0.681  22.922  10.267  1.00 31.63           C
ATOM   1086  CG  LEU A 143       1.648  22.236  11.232  1.00 36.90           C
ATOM   1087  CD1 LEU A 143       2.145  20.915  10.665  1.00 35.87           C
ATOM   1088  CD2 LEU A 143       2.817  23.154  11.551  1.00 37.42           C
ATOM   1089  N   GLY A 144      -1.155  20.708   9.140  1.00 25.86           N
ATOM   1090  CA  GLY A 144      -1.542  19.327   8.968  1.00 28.52           C
ATOM   1091  C   GLY A 144      -1.254  18.715   7.615  1.00 24.81           C
ATOM   1092  O   GLY A 144      -0.577  19.300   6.774  1.00 28.21           O
ATOM   1093  N   CYS A 145      -1.779  17.511   7.428  1.00 23.50           N
ATOM   1094  CA  CYS A 145      -1.680  16.777   6.178  1.00 26.22           C
ATOM   1095  C   CYS A 145      -3.059  16.307   5.759  1.00 29.48           C
ATOM   1096  O   CYS A 145      -3.828  15.820   6.587  1.00 28.29           O
ATOM   1097  CB  CYS A 145      -0.745  15.567   6.317  1.00 32.48           C
ATOM   1098  SG  CYS A 145       1.014  15.968   6.295  1.00 53.28           S
ATOM   1099  N   LEU A 146      -3.364  16.447   4.475  1.00 31.34           N
ATOM   1100  CA  LEU A 146      -4.579  15.883   3.911  1.00 25.63           C
ATOM   1101  C   LEU A 146      -4.235  14.603   3.157  1.00 30.29           C
ATOM   1102  O   LEU A 146      -3.490  14.627   2.177  1.00 34.41           O
ATOM   1103  CB  LEU A 146      -5.265  16.895   2.991  1.00 30.65           C
ATOM   1104  CG  LEU A 146      -6.575  16.493   2.311  1.00 36.27           C
ATOM   1105  CD1 LEU A 146      -7.664  16.170   3.329  1.00 29.24           C
ATOM   1106  CD2 LEU A 146      -7.027  17.607   1.378  1.00 36.45           C
ATOM   1107  N   VAL A 147      -4.772  13.485   3.628  1.00 30.39           N
ATOM   1108  CA  VAL A 147      -4.504  12.182   3.033  1.00 27.86           C
ATOM   1109  C   VAL A 147      -5.700  11.750   2.184  1.00 27.94           C
ATOM   1110  O   VAL A 147      -6.718  11.321   2.711  1.00 33.43           O
ATOM   1111  CB  VAL A 147      -4.209  11.143   4.123  1.00 30.05           C
ATOM   1112  CG1 VAL A 147      -3.807   9.811   3.509  1.00 31.17           C
ATOM   1113  CG2 VAL A 147      -3.116  11.661   5.053  1.00 29.02           C
ATOM   1114  N   LYS A 148      -5.579  11.870   0.866  1.00 32.05           N
ATOM   1115  CA  LYS A 148      -6.760  11.820   0.010  1.00 38.00           C
ATOM   1116  C   LYS A 148      -6.740  10.696  -1.026  1.00 35.47           C
ATOM   1117  O   LYS A 148      -5.685  10.328  -1.539  1.00 38.98           O
ATOM   1118  CB  LYS A 148      -6.935  13.172  -0.697  1.00 39.17           C
ATOM   1119  CG  LYS A 148      -8.280  13.343  -1.383  1.00 47.97           C
ATOM   1120  CD  LYS A 148      -8.527  14.785  -1.779  1.00 41.88           C
ATOM   1121  CE  LYS A 148      -9.901  14.951  -2.417  1.00 51.38           C
ATOM   1122  NZ  LYS A 148     -10.035  14.191  -3.688  1.00 52.46           N
ATOM   1123  N   ASP A 149      -7.929  10.160  -1.309  1.00 39.61           N
ATOM   1124  CA  ASP A 149      -8.162   9.206  -2.398  1.00 36.49           C
ATOM   1125  C   ASP A 149      -7.423   7.886  -2.225  1.00 40.38           C
ATOM   1126  O   ASP A 149      -6.620   7.499  -3.076  1.00 38.28           O
ATOM   1127  CB  ASP A 149      -7.779   9.829  -3.748  1.00 35.81           C
ATOM   1128  CG  ASP A 149      -8.690  10.975  -4.139  1.00 44.23           C
ATOM   1129  OD1 ASP A 149      -9.834  11.014  -3.642  1.00 45.39           O
ATOM   1130  OD2 ASP A 149      -8.265  11.835  -4.940  1.00 51.78           O
ATOM   1131  N   TYR A 150      -7.702   7.185  -1.133  1.00 28.61           N
ATOM   1132  CA  TYR A 150      -7.115   5.872  -0.950  1.00 31.03           C
ATOM   1133  C   TYR A 150      -8.197   4.827  -0.728  1.00 38.37           C
ATOM   1134  O   TYR A 150      -9.354   5.159  -0.456  1.00 36.04           O
```

```
ATOM   1135  CB  TYR A 150      -6.113   5.872   0.212  1.00 29.48           C
ATOM   1136  CG  TYR A 150      -6.713   6.143   1.571  1.00 32.63           C
ATOM   1137  CD1 TYR A 150      -6.837   7.439   2.051  1.00 31.16           C
ATOM   1138  CD2 TYR A 150      -7.145   5.100   2.380  1.00 34.56           C
ATOM   1139  CE1 TYR A 150      -7.381   7.689   3.295  1.00 26.37           C
ATOM   1140  CE2 TYR A 150      -7.691   5.340   3.625  1.00 30.49           C
ATOM   1141  CZ  TYR A 150      -7.804   6.633   4.079  1.00 32.92           C
ATOM   1142  OH  TYR A 150      -8.347   6.865   5.322  1.00 33.53           O
ATOM   1143  N   PHE A 151      -7.807   3.565  -0.866  1.00 30.04           N
ATOM   1144  CA  PHE A 151      -8.699   2.437  -0.650  1.00 32.42           C
ATOM   1145  C   PHE A 151      -7.861   1.173  -0.518  1.00 32.34           C
ATOM   1146  O   PHE A 151      -6.895   0.992  -1.258  1.00 38.41           O
ATOM   1147  CB  PHE A 151      -9.708   2.298  -1.799  1.00 32.75           C
ATOM   1148  CG  PHE A 151     -10.788   1.287  -1.535  1.00 35.46           C
ATOM   1149  CD2 PHE A 151     -11.978   1.669  -0.936  1.00 38.75           C
ATOM   1150  CD1 PHE A 151     -10.605  -0.047  -1.863  1.00 36.37           C
ATOM   1151  CE2 PHE A 151     -12.969   0.743  -0.676  1.00 37.03           C
ATOM   1152  CE1 PHE A 151     -11.595  -0.981  -1.605  1.00 36.99           C
ATOM   1153  CZ  PHE A 151     -12.777  -0.584  -1.013  1.00 38.87           C
ATOM   1154  N   PRO A 152      -8.207   0.307   0.446  1.00 36.93           N
ATOM   1155  CA  PRO A 152      -9.241   0.535   1.456  1.00 33.39           C
ATOM   1156  C   PRO A 152      -8.638   1.119   2.726  1.00 36.06           C
ATOM   1157  O   PRO A 152      -7.493   1.579   2.706  1.00 30.72           O
ATOM   1158  CB  PRO A 152      -9.775  -0.869   1.707  1.00 35.39           C
ATOM   1159  CG  PRO A 152      -8.534  -1.711   1.609  1.00 34.66           C
ATOM   1160  CD  PRO A 152      -7.652  -1.056   0.552  1.00 34.24           C
ATOM   1161  N   GLU A 153      -9.400   1.095   3.816  1.00 31.54           N
ATOM   1162  CA  GLU A 153      -8.855   1.413   5.132  1.00 35.20           C
ATOM   1163  C   GLU A 153      -7.853   0.323   5.528  1.00 30.90           C
ATOM   1164  O   GLU A 153      -7.918  -0.790   5.012  1.00 30.88           O
ATOM   1165  CB  GLU A 153      -9.979   1.531   6.170  1.00 34.19           C
ATOM   1166  CG  GLU A 153     -10.884   2.735   5.978  1.00 30.47           C
ATOM   1167  CD  GLU A 153     -10.607   3.838   6.980  1.00 49.19           C
ATOM   1168  OE1 GLU A 153     -11.550   4.226   7.705  1.00 56.79           O
ATOM   1169  OE2 GLU A 153      -9.452   4.323   7.042  1.00 53.78           O
ATOM   1170  N   PRO A 154      -6.923   0.634   6.444  1.00 31.40           N
ATOM   1171  CA  PRO A 154      -6.719   1.915   7.118  1.00 33.58           C
ATOM   1172  C   PRO A 154      -5.436   2.624   6.692  1.00 34.09           C
ATOM   1173  O   PRO A 154      -4.576   2.024   6.047  1.00 33.03           O
ATOM   1174  CB  PRO A 154      -6.614   1.494   8.576  1.00 27.86           C
ATOM   1175  CG  PRO A 154      -5.808   0.210   8.476  1.00 30.94           C
ATOM   1176  CD  PRO A 154      -6.178  -0.435   7.133  1.00 33.22           C
ATOM   1177  N   VAL A 155      -5.306   3.892   7.059  1.00 34.38           N
ATOM   1178  CA  VAL A 155      -4.006   4.540   7.013  1.00 35.85           C
ATOM   1179  C   VAL A 155      -3.648   4.982   8.420  1.00 35.04           C
ATOM   1180  O   VAL A 155      -4.525   5.310   9.219  1.00 34.51           O
ATOM   1181  CB  VAL A 155      -3.966   5.755   6.060  1.00 36.38           C
ATOM   1182  CG1 VAL A 155      -4.367   5.351   4.656  1.00 37.19           C
ATOM   1183  CG2 VAL A 155      -4.850   6.870   6.572  1.00 41.10           C
ATOM   1184  N   THR A 156      -2.358   4.966   8.730  1.00 32.78           N
ATOM   1185  CA  THR A 156      -1.887   5.503   9.994  1.00 29.21           C
ATOM   1186  C   THR A 156      -1.074   6.759   9.733  1.00 35.34           C
ATOM   1187  O   THR A 156      -0.448   6.916   8.675  1.00 29.04           O
ATOM   1188  CB  THR A 156      -1.034   4.487  10.785  1.00 34.00           C
ATOM   1189  CG2 THR A 156      -1.843   3.230  11.088  1.00 33.80           C
ATOM   1190  OG1 THR A 156       0.132   4.140  10.028  1.00 35.62           O
ATOM   1191  N   VAL A 157      -1.099   7.665  10.700  1.00 27.89           N
ATOM   1192  CA  VAL A 157      -0.375   8.916  10.582  1.00 33.47           C
ATOM   1193  C   VAL A 157       0.370   9.197  11.867  1.00 28.46           C
ATOM   1194  O   VAL A 157      -0.216   9.168  12.949  1.00 36.97           O
ATOM   1195  CB  VAL A 157      -1.319  10.100  10.276  1.00 28.34           C
ATOM   1196  CG1 VAL A 157      -0.523  11.395  10.154  1.00 28.04           C
ATOM   1197  CG2 VAL A 157      -2.120   9.833   9.011  1.00 26.05           C
ATOM   1198  N   SER A 158       1.665   9.455  11.752  1.00 30.73           N
ATOM   1199  CA  SER A 158       2.429   9.964  12.880  1.00 36.51           C
ATOM   1200  C   SER A 158       3.087  11.267  12.461  1.00 32.08           C
ATOM   1201  O   SER A 158       3.162  11.571  11.270  1.00 30.98           O
ATOM   1202  CB  SER A 158       3.476   8.951  13.347  1.00 35.17           C
ATOM   1203  OG  SER A 158       4.538   8.848  12.419  1.00 40.81           O
ATOM   1204  N   TRP A 159       3.546  12.040  13.440  1.00 27.85           N
ATOM   1205  CA  TRP A 159       4.263  13.276  13.166  1.00 30.67           C
```

```
ATOM   1206  C   TRP A 159       5.684  13.207  13.707  1.00 31.39           C
ATOM   1207  O   TRP A 159       5.900  12.792  14.845  1.00 30.84           O
ATOM   1208  CB  TRP A 159       3.519  14.470  13.761  1.00 28.15           C
ATOM   1209  CG  TRP A 159       2.278  14.795  13.004  1.00 35.31           C
ATOM   1210  CD1 TRP A 159       1.049  14.237  13.170  1.00 31.91           C
ATOM   1211  CD2 TRP A 159       2.149  15.745  11.942  1.00 33.46           C
ATOM   1212  CE2 TRP A 159       0.807  15.716  11.518  1.00 32.34           C
ATOM   1213  CE3 TRP A 159       3.038  16.620  11.310  1.00 33.99           C
ATOM   1214  NE1 TRP A 159       0.157  14.784  12.283  1.00 31.36           N
ATOM   1215  CZ2 TRP A 159       0.331  16.526  10.489  1.00 30.53           C
ATOM   1216  CZ3 TRP A 159       2.565  17.423  10.289  1.00 30.89           C
ATOM   1217  CH2 TRP A 159       1.223  17.372   9.890  1.00 33.28           C
ATOM   1218  N   ASN A 160       6.639  13.617  12.875  1.00 26.79           N
ATOM   1219  CA  ASN A 160       8.061  13.584  13.208  1.00 28.03           C
ATOM   1220  C   ASN A 160       8.491  12.236  13.778  1.00 33.44           C
ATOM   1221  O   ASN A 160       9.200  12.171  14.784  1.00 32.52           O
ATOM   1222  CB  ASN A 160       8.405  14.708  14.185  1.00 27.50           C
ATOM   1223  CG  ASN A 160       8.269  16.078  13.559  1.00 30.24           C
ATOM   1224  ND2 ASN A 160       8.292  17.119  14.385  1.00 34.83           N
ATOM   1225  OD1 ASN A 160       8.153  16.199  12.342  1.00 37.06           O
ATOM   1226  N   SER A 161       8.026  11.168  13.135  1.00 32.54           N
ATOM   1227  CA  SER A 161       8.394   9.801  13.492  1.00 38.63           C
ATOM   1228  C   SER A 161       7.988   9.425  14.916  1.00 37.84           C
ATOM   1229  O   SER A 161       8.601   8.556  15.530  1.00 36.85           O
ATOM   1230  CB  SER A 161       9.901   9.598  13.310  1.00 33.00           C
ATOM   1231  OG  SER A 161      10.292   9.901  11.983  1.00 36.60           O
ATOM   1232  N   GLY A 162       6.951  10.074  15.434  1.00 33.46           N
ATOM   1233  CA  GLY A 162       6.456   9.771  16.764  1.00 33.72           C
ATOM   1234  C   GLY A 162       7.005  10.686  17.843  1.00 35.30           C
ATOM   1235  O   GLY A 162       6.639  10.568  19.011  1.00 42.69           O
ATOM   1236  N   ALA A 163       7.885  11.602  17.457  1.00 37.22           N
ATOM   1237  CA  ALA A 163       8.439  12.561  18.405  1.00 36.88           C
ATOM   1238  C   ALA A 163       7.428  13.661  18.725  1.00 41.59           C
ATOM   1239  O   ALA A 163       7.524  14.318  19.762  1.00 40.49           O
ATOM   1240  CB  ALA A 163       9.725  13.165  17.865  1.00 30.59           C
ATOM   1241  N   LEU A 164       6.460  13.858  17.833  1.00 36.52           N
ATOM   1242  CA  LEU A 164       5.423  14.863  18.052  1.00 35.71           C
ATOM   1243  C   LEU A 164       4.089  14.180  18.333  1.00 36.12           C
ATOM   1244  O   LEU A 164       3.517  13.513  17.468  1.00 35.37           O
ATOM   1245  CB  LEU A 164       5.316  15.802  16.849  1.00 30.79           C
ATOM   1246  CG  LEU A 164       4.328  16.965  16.961  1.00 36.59           C
ATOM   1247  CD1 LEU A 164       4.537  17.756  18.256  1.00 36.35           C
ATOM   1248  CD2 LEU A 164       4.450  17.875  15.752  1.00 33.18           C
ATOM   1249  N   THR A 165       3.601  14.359  19.555  1.00 33.05           N
ATOM   1250  CA  THR A 165       2.442  13.623  20.048  1.00 39.48           C
ATOM   1251  C   THR A 165       1.347  14.555  20.562  1.00 39.43           C
ATOM   1252  O   THR A 165       0.164  14.353  20.285  1.00 39.07           O
ATOM   1253  CB  THR A 165       2.864  12.646  21.174  1.00 34.92           C
ATOM   1254  CG2 THR A 165       1.693  12.309  22.089  1.00 52.65           C
ATOM   1255  OG1 THR A 165       3.367  11.442  20.588  1.00 50.23           O
ATOM   1256  N   SER A 166       1.750  15.577  21.308  1.00 33.38           N
ATOM   1257  CA  SER A 166       0.804  16.495  21.930  1.00 35.48           C
ATOM   1258  C   SER A 166       0.202  17.452  20.915  1.00 34.11           C
ATOM   1259  O   SER A 166       0.920  18.061  20.123  1.00 37.38           O
ATOM   1260  CB  SER A 166       1.487  17.285  23.047  1.00 37.23           C
ATOM   1261  OG  SER A 166       2.094  16.406  23.982  1.00 58.12           O
ATOM   1262  N   GLY A 167      -1.120  17.583  20.945  1.00 36.94           N
ATOM   1263  CA  GLY A 167      -1.809  18.532  20.090  1.00 35.05           C
ATOM   1264  C   GLY A 167      -2.196  17.943  18.750  1.00 38.60           C
ATOM   1265  O   GLY A 167      -2.701  18.650  17.879  1.00 38.31           O
ATOM   1266  N   VAL A 168      -1.965  16.643  18.586  1.00 35.11           N
ATOM   1267  CA  VAL A 168      -2.262  15.968  17.328  1.00 34.52           C
ATOM   1268  C   VAL A 168      -3.690  15.438  17.297  1.00 33.72           C
ATOM   1269  O   VAL A 168      -4.145  14.801  18.242  1.00 33.06           O
ATOM   1270  CB  VAL A 168      -1.295  14.792  17.074  1.00 34.33           C
ATOM   1271  CG1 VAL A 168      -1.662  14.059  15.783  1.00 32.11           C
ATOM   1272  CG2 VAL A 168       0.141  15.285  17.027  1.00 30.55           C
ATOM   1273  N   HIS A 169      -4.392  15.712  16.203  1.00 34.59           N
ATOM   1274  CA  HIS A 169      -5.693  15.108  15.953  1.00 33.15           C
ATOM   1275  C   HIS A 169      -5.701  14.463  14.577  1.00 34.43           C
ATOM   1276  O   HIS A 169      -5.556  15.147  13.561  1.00 32.61           O
```

```
ATOM   1277  CB  HIS A 169      -6.822  16.140  16.039  1.00 33.41           C
ATOM   1278  CG  HIS A 169      -7.036  16.702  17.409  1.00 38.03           C
ATOM   1279  CD2 HIS A 169      -6.891  17.961  17.887  1.00 35.39           C
ATOM   1280  ND1 HIS A 169      -7.482  15.940  18.467  1.00 45.83           N
ATOM   1281  CE1 HIS A 169      -7.592  16.702  19.541  1.00 37.15           C
ATOM   1282  NE2 HIS A 169      -7.240  17.933  19.215  1.00 39.39           N
ATOM   1283  N   THR A 170      -5.857  13.145  14.551  1.00 33.36           N
ATOM   1284  CA  THR A 170      -6.059  12.424  13.304  1.00 31.63           C
ATOM   1285  C   THR A 170      -7.525  12.030  13.217  1.00 32.95           C
ATOM   1286  O   THR A 170      -8.032  11.288  14.056  1.00 37.08           O
ATOM   1287  CB  THR A 170      -5.168  11.178  13.200  1.00 35.35           C
ATOM   1288  CG2 THR A 170      -5.437  10.439  11.895  1.00 29.64           C
ATOM   1289  OG1 THR A 170      -3.792  11.576  13.246  1.00 35.66           O
ATOM   1290  N   PHE A 171      -8.202  12.553  12.204  1.00 30.34           N
ATOM   1291  CA  PHE A 171      -9.641  12.398  12.076  1.00 30.60           C
ATOM   1292  C   PHE A 171     -10.036  11.082  11.422  1.00 29.79           C
ATOM   1293  O   PHE A 171      -9.297  10.551  10.597  1.00 31.35           O
ATOM   1294  CB  PHE A 171     -10.214  13.574  11.286  1.00 23.31           C
ATOM   1295  CG  PHE A 171     -10.141  14.874  12.024  1.00 25.50           C
ATOM   1296  CD2 PHE A 171     -11.197  15.295  12.810  1.00 29.91           C
ATOM   1297  CD1 PHE A 171      -9.004  15.662  11.957  1.00 31.55           C
ATOM   1298  CE2 PHE A 171     -11.133  16.488  13.502  1.00 30.68           C
ATOM   1299  CE1 PHE A 171      -8.931  16.856  12.647  1.00 36.15           C
ATOM   1300  CZ  PHE A 171     -10.001  17.269  13.422  1.00 30.59           C
ATOM   1301  N   PRO A 172     -11.204  10.546  11.805  1.00 35.35           N
ATOM   1302  CA  PRO A 172     -11.781   9.388  11.117  1.00 36.50           C
ATOM   1303  C   PRO A 172     -11.928   9.670   9.627  1.00 36.86           C
ATOM   1304  O   PRO A 172     -12.265  10.794   9.253  1.00 33.48           O
ATOM   1305  CB  PRO A 172     -13.151   9.225  11.784  1.00 32.84           C
ATOM   1306  CG  PRO A 172     -12.979   9.826  13.137  1.00 36.13           C
ATOM   1307  CD  PRO A 172     -12.018  10.968  12.961  1.00 33.84           C
ATOM   1308  N   ALA A 173     -11.661   8.675   8.791  1.00 32.35           N
ATOM   1309  CA  ALA A 173     -11.783   8.850   7.349  1.00 35.00           C
ATOM   1310  C   ALA A 173     -13.237   9.021   6.930  1.00 34.52           C
ATOM   1311  O   ALA A 173     -14.132   8.415   7.516  1.00 37.71           O
ATOM   1312  CB  ALA A 173     -11.168   7.666   6.618  1.00 34.54           C
ATOM   1313  N   VAL A 174     -13.473   9.849   5.920  1.00 33.54           N
ATOM   1314  CA  VAL A 174     -14.792   9.909   5.307  1.00 33.28           C
ATOM   1315  C   VAL A 174     -14.737   9.250   3.939  1.00 35.09           C
ATOM   1316  O   VAL A 174     -13.734   9.348   3.223  1.00 34.87           O
ATOM   1317  CB  VAL A 174     -15.320  11.360   5.171  1.00 32.47           C
ATOM   1318  CG1 VAL A 174     -15.378  12.032   6.534  1.00 40.37           C
ATOM   1319  CG2 VAL A 174     -14.469  12.168   4.196  1.00 37.12           C
ATOM   1320  N   LEU A 175     -15.809   8.550   3.591  1.00 40.76           N
ATOM   1321  CA  LEU A 175     -15.921   7.932   2.280  1.00 38.53           C
ATOM   1322  C   LEU A 175     -16.501   8.941   1.300  1.00 37.30           C
ATOM   1323  O   LEU A 175     -17.605   9.447   1.494  1.00 43.25           O
ATOM   1324  CB  LEU A 175     -16.788   6.669   2.344  1.00 37.54           C
ATOM   1325  CG  LEU A 175     -16.905   5.864   1.047  1.00 40.58           C
ATOM   1326  CD1 LEU A 175     -15.529   5.519   0.504  1.00 37.07           C
ATOM   1327  CD2 LEU A 175     -17.733   4.598   1.258  1.00 43.41           C
ATOM   1328  N   GLN A 176     -15.744   9.239   0.252  1.00 44.15           N
ATOM   1329  CA  GLN A 176     -16.163  10.211  -0.746  1.00 37.45           C
ATOM   1330  C   GLN A 176     -17.095   9.569  -1.769  1.00 44.09           C
ATOM   1331  O   GLN A 176     -17.298   8.356  -1.756  1.00 44.31           O
ATOM   1332  CB  GLN A 176     -14.941  10.815  -1.439  1.00 39.61           C
ATOM   1333  CG  GLN A 176     -13.940  11.448  -0.480  1.00 41.98           C
ATOM   1334  CD  GLN A 176     -12.634  11.818  -1.160  1.00 45.48           C
ATOM   1335  NE2 GLN A 176     -11.917  10.813  -1.655  1.00 33.19           N
ATOM   1336  OE1 GLN A 176     -12.270  12.993  -1.231  1.00 52.08           O
ATOM   1337  N   SER A 177     -17.655  10.390  -2.655  1.00 43.50           N
ATOM   1338  CA  SER A 177     -18.571   9.913  -3.690  1.00 44.39           C
ATOM   1339  C   SER A 177     -17.886   8.978  -4.679  1.00 42.75           C
ATOM   1340  O   SER A 177     -18.534   8.157  -5.323  1.00 48.60           O
ATOM   1341  CB  SER A 177     -19.180  11.096  -4.443  1.00 49.14           C
ATOM   1342  OG  SER A 177     -19.961  11.895  -3.575  1.00 52.77           O
ATOM   1343  N   SER A 178     -16.571   9.116  -4.793  1.00 39.08           N
ATOM   1344  CA  SER A 178     -15.780   8.312  -5.714  1.00 38.13           C
ATOM   1345  C   SER A 178     -15.542   6.890  -5.215  1.00 39.53           C
ATOM   1346  O   SER A 178     -14.972   6.064  -5.930  1.00 46.28           O
ATOM   1347  CB  SER A 178     -14.435   8.991  -5.957  1.00 43.23           C
```

```
ATOM   1348  OG  SER A 178     -13.792   9.255  -4.720  1.00 49.71           O
ATOM   1349  N   GLY A 179     -15.960   6.608  -3.985  1.00 41.09           N
ATOM   1350  CA  GLY A 179     -15.696   5.317  -3.379  1.00 35.99           C
ATOM   1351  C   GLY A 179     -14.316   5.259  -2.746  1.00 41.20           C
ATOM   1352  O   GLY A 179     -13.882   4.210  -2.266  1.00 37.34           O
ATOM   1353  N   LEU A 180     -13.623   6.393  -2.742  1.00 37.81           N
ATOM   1354  CA  LEU A 180     -12.302   6.482  -2.127  1.00 39.78           C
ATOM   1355  C   LEU A 180     -12.370   7.247  -0.808  1.00 38.81           C
ATOM   1356  O   LEU A 180     -13.165   8.179  -0.659  1.00 34.97           O
ATOM   1357  CB  LEU A 180     -11.310   7.152  -3.082  1.00 38.31           C
ATOM   1358  CG  LEU A 180     -11.181   6.507  -4.470  1.00 38.11           C
ATOM   1359  CD1 LEU A 180     -10.351   7.381  -5.408  1.00 33.95           C
ATOM   1360  CD2 LEU A 180     -10.577   5.119  -4.359  1.00 35.65           C
ATOM   1361  N   TYR A 181     -11.534   6.849   0.147  1.00 33.32           N
ATOM   1362  CA  TYR A 181     -11.492   7.494   1.457  1.00 34.27           C
ATOM   1363  C   TYR A 181     -10.628   8.746   1.466  1.00 36.24           C
ATOM   1364  O   TYR A 181      -9.805   8.964   0.573  1.00 31.81           O
ATOM   1365  CB  TYR A 181     -10.969   6.527   2.524  1.00 29.72           C
ATOM   1366  CG  TYR A 181     -11.916   5.396   2.837  1.00 35.89           C
ATOM   1367  CD1 TYR A 181     -12.985   5.582   3.707  1.00 33.01           C
ATOM   1368  CD2 TYR A 181     -11.743   4.140   2.267  1.00 31.28           C
ATOM   1369  CE1 TYR A 181     -13.859   4.547   4.002  1.00 34.04           C
ATOM   1370  CE2 TYR A 181     -12.614   3.095   2.560  1.00 35.99           C
ATOM   1371  CZ  TYR A 181     -13.669   3.306   3.427  1.00 35.87           C
ATOM   1372  OH  TYR A 181     -14.539   2.278   3.721  1.00 42.84           O
ATOM   1373  N   SER A 182     -10.815   9.555   2.503  1.00 33.72           N
ATOM   1374  CA  SER A 182      -9.993  10.731   2.727  1.00 30.09           C
ATOM   1375  C   SER A 182      -9.965  11.071   4.214  1.00 35.24           C
ATOM   1376  O   SER A 182     -10.975  10.941   4.907  1.00 35.29           O
ATOM   1377  CB  SER A 182     -10.521  11.913   1.917  1.00 35.11           C
ATOM   1378  OG  SER A 182      -9.824  13.099   2.239  1.00 44.24           O
ATOM   1379  N   LEU A 183      -8.809  11.488   4.713  1.00 24.60           N
ATOM   1380  CA  LEU A 183      -8.745  11.992   6.077  1.00 33.42           C
ATOM   1381  C   LEU A 183      -7.713  13.095   6.223  1.00 28.32           C
ATOM   1382  O   LEU A 183      -6.855  13.293   5.365  1.00 35.46           O
ATOM   1383  CB  LEU A 183      -8.455  10.858   7.075  1.00 32.60           C
ATOM   1384  CG  LEU A 183      -7.132  10.092   7.186  1.00 38.46           C
ATOM   1385  CD1 LEU A 183      -6.003  10.910   7.815  1.00 32.89           C
ATOM   1386  CD2 LEU A 183      -7.377   8.845   8.013  1.00 35.96           C
ATOM   1387  N   SER A 184      -7.801  13.812   7.329  1.00 28.07           N
ATOM   1388  CA  SER A 184      -6.803  14.806   7.644  1.00 30.87           C
ATOM   1389  C   SER A 184      -6.202  14.512   9.009  1.00 36.19           C
ATOM   1390  O   SER A 184      -6.846  13.908   9.869  1.00 32.31           O
ATOM   1391  CB  SER A 184      -7.411  16.198   7.619  1.00 27.57           C
ATOM   1392  OG  SER A 184      -8.437  16.292   8.586  1.00 37.02           O
ATOM   1393  N   SER A 185      -4.958  14.930   9.190  1.00 29.68           N
ATOM   1394  CA  SER A 185      -4.309  14.883  10.487  1.00 27.58           C
ATOM   1395  C   SER A 185      -3.733  16.254  10.747  1.00 29.16           C
ATOM   1396  O   SER A 185      -3.023  16.799   9.908  1.00 34.94           O
ATOM   1397  CB  SER A 185      -3.211  13.822  10.533  1.00 29.89           C
ATOM   1398  OG  SER A 185      -2.506  13.889  11.762  1.00 33.01           O
ATOM   1399  N   VAL A 186      -4.051  16.825  11.898  1.00 31.07           N
ATOM   1400  CA  VAL A 186      -3.573  18.158  12.209  1.00 32.17           C
ATOM   1401  C   VAL A 186      -2.863  18.166  13.545  1.00 30.53           C
ATOM   1402  O   VAL A 186      -3.002  17.244  14.347  1.00 29.86           O
ATOM   1403  CB  VAL A 186      -4.719  19.179  12.231  1.00 30.64           C
ATOM   1404  CG1 VAL A 186      -5.443  19.180  10.890  1.00 27.44           C
ATOM   1405  CG2 VAL A 186      -5.684  18.868  13.369  1.00 31.93           C
ATOM   1406  N   VAL A 187      -2.082  19.211  13.765  1.00 28.24           N
ATOM   1407  CA  VAL A 187      -1.402  19.397  15.028  1.00 29.57           C
ATOM   1408  C   VAL A 187      -1.341  20.894  15.298  1.00 33.56           C
ATOM   1409  O   VAL A 187      -1.156  21.689  14.377  1.00 33.65           O
ATOM   1410  CB  VAL A 187       0.013  18.764  15.013  1.00 32.42           C
ATOM   1411  CG1 VAL A 187       0.854  19.335  13.875  1.00 35.03           C
ATOM   1412  CG2 VAL A 187       0.712  18.946  16.361  1.00 32.60           C
ATOM   1413  N   THR A 188      -1.553  21.282  16.549  1.00 31.74           N
ATOM   1414  CA  THR A 188      -1.405  22.674  16.943  1.00 36.08           C
ATOM   1415  C   THR A 188      -0.048  22.862  17.608  1.00 40.20           C
ATOM   1416  O   THR A 188       0.332  22.092  18.488  1.00 42.98           O
ATOM   1417  CB  THR A 188      -2.526  23.122  17.898  1.00 35.80           C
ATOM   1418  CG2 THR A 188      -3.810  23.379  17.124  1.00 36.31           C
```

```
ATOM   1419  OG1 THR A 188      -2.765  22.093  18.865  1.00 43.98           O
ATOM   1420  N   VAL A 189       0.685  23.878  17.166  1.00 34.48           N
ATOM   1421  CA  VAL A 189       2.034  24.144  17.655  1.00 36.93           C
ATOM   1422  C   VAL A 189       2.205  25.642  17.918  1.00 45.71           C
ATOM   1423  O   VAL A 189       1.428  26.453  17.409  1.00 48.89           O
ATOM   1424  CB  VAL A 189       3.105  23.673  16.645  1.00 39.16           C
ATOM   1425  CG1 VAL A 189       2.983  22.178  16.378  1.00 36.29           C
ATOM   1426  CG2 VAL A 189       2.999  24.470  15.354  1.00 30.72           C
ATOM   1427  N   PRO A 190       3.216  26.018  18.719  1.00 45.89           N
ATOM   1428  CA  PRO A 190       3.473  27.449  18.936  1.00 50.63           C
ATOM   1429  C   PRO A 190       3.852  28.173  17.644  1.00 48.93           C
ATOM   1430  O   PRO A 190       4.637  27.643  16.858  1.00 44.98           O
ATOM   1431  CB  PRO A 190       4.645  27.450  19.924  1.00 48.82           C
ATOM   1432  CG  PRO A 190       4.553  26.131  20.620  1.00 46.27           C
ATOM   1433  CD  PRO A 190       4.067  25.170  19.574  1.00 42.43           C
ATOM   1434  N   SER A 191       3.297  29.364  17.433  1.00 48.29           N
ATOM   1435  CA  SER A 191       3.581  30.147  16.231  1.00 50.08           C
ATOM   1436  C   SER A 191       5.068  30.440  16.074  1.00 50.39           C
ATOM   1437  O   SER A 191       5.585  30.495  14.959  1.00 44.82           O
ATOM   1438  CB  SER A 191       2.802  31.463  16.249  1.00 57.90           C
ATOM   1439  OG  SER A 191       1.415  31.239  16.078  1.00 74.28           O
ATOM   1440  N   SER A 192       5.753  30.618  17.200  1.00 46.04           N
ATOM   1441  CA  SER A 192       7.169  30.965  17.193  1.00 48.53           C
ATOM   1442  C   SER A 192       8.062  29.808  16.739  1.00 53.82           C
ATOM   1443  O   SER A 192       9.241  30.009  16.445  1.00 58.88           O
ATOM   1444  CB  SER A 192       7.598  31.447  18.582  1.00 52.00           C
ATOM   1445  OG  SER A 192       7.184  30.541  19.592  1.00 49.57           O
ATOM   1446  N   SER A 193       7.507  28.601  16.671  1.00 54.17           N
ATOM   1447  CA  SER A 193       8.299  27.443  16.260  1.00 50.73           C
ATOM   1448  C   SER A 193       8.291  27.260  14.741  1.00 50.16           C
ATOM   1449  O   SER A 193       9.128  26.541  14.197  1.00 53.54           O
ATOM   1450  CB  SER A 193       7.795  26.168  16.944  1.00 44.93           C
ATOM   1451  OG  SER A 193       6.626  25.670  16.317  1.00 46.77           O
ATOM   1452  N   LEU A 194       7.349  27.907  14.060  1.00 45.24           N
ATOM   1453  CA  LEU A 194       7.292  27.842  12.602  1.00 46.01           C
ATOM   1454  C   LEU A 194       8.520  28.519  12.007  1.00 55.53           C
ATOM   1455  O   LEU A 194       8.857  29.643  12.376  1.00 62.86           O
ATOM   1456  CB  LEU A 194       6.021  28.502  12.073  1.00 39.49           C
ATOM   1457  CG  LEU A 194       4.678  28.001  12.599  1.00 46.53           C
ATOM   1458  CD1 LEU A 194       3.550  28.840  12.024  1.00 43.35           C
ATOM   1459  CD2 LEU A 194       4.476  26.535  12.261  1.00 44.15           C
ATOM   1460  N   GLY A 195       9.195  27.832  11.091  1.00 59.38           N
ATOM   1461  CA  GLY A 195      10.422  28.355  10.519  1.00 62.95           C
ATOM   1462  C   GLY A 195      11.653  27.847  11.246  1.00 59.76           C
ATOM   1463  O   GLY A 195      12.729  27.733  10.660  1.00 64.18           O
ATOM   1464  N   THR A 196      11.493  27.540  12.529  1.00 59.45           N
ATOM   1465  CA  THR A 196      12.570  26.958  13.320  1.00 58.51           C
ATOM   1466  C   THR A 196      12.448  25.434  13.387  1.00 60.43           C
ATOM   1467  O   THR A 196      13.414  24.713  13.138  1.00 61.86           O
ATOM   1468  CB  THR A 196      12.583  27.522  14.754  1.00 61.27           C
ATOM   1469  CG2 THR A 196      13.706  26.891  15.568  1.00 57.43           C
ATOM   1470  OG1 THR A 196      12.767  28.942  14.708  1.00 68.83           O
ATOM   1471  N   GLN A 197      11.254  24.954  13.725  1.00 49.07           N
ATOM   1472  CA  GLN A 197      11.009  23.525  13.894  1.00 41.26           C
ATOM   1473  C   GLN A 197      10.473  22.872  12.619  1.00 42.46           C
ATOM   1474  O   GLN A 197       9.577  23.400  11.963  1.00 40.55           O
ATOM   1475  CB  GLN A 197      10.030  23.290  15.049  1.00 44.12           C
ATOM   1476  CG  GLN A 197       9.629  21.833  15.242  1.00 47.27           C
ATOM   1477  CD  GLN A 197      10.769  20.968  15.751  1.00 57.04           C
ATOM   1478  NE2 GLN A 197      10.939  19.790  15.150  1.00 43.31           N
ATOM   1479  OE1 GLN A 197      11.490  21.354  16.673  1.00 51.73           O
ATOM   1480  N   THR A 198      11.034  21.719  12.273  1.00 41.32           N
ATOM   1481  CA  THR A 198      10.577  20.958  11.121  1.00 35.03           C
ATOM   1482  C   THR A 198       9.365  20.113  11.502  1.00 36.05           C
ATOM   1483  O   THR A 198       9.359  19.468  12.550  1.00 35.98           O
ATOM   1484  CB  THR A 198      11.705  20.058  10.565  1.00 33.49           C
ATOM   1485  CG2 THR A 198      11.153  19.010   9.620  1.00 33.33           C
ATOM   1486  OG1 THR A 198      12.644  20.870   9.848  1.00 47.14           O
ATOM   1487  N   TYR A 199       8.334  20.141  10.660  1.00 34.82           N
ATOM   1488  CA  TYR A 199       7.135  19.338  10.882  1.00 33.85           C
ATOM   1489  C   TYR A 199       6.877  18.409   9.704  1.00 31.69           C
```

```
ATOM   1490  O   TYR A 199       6.644  18.859   8.582  1.00 34.22           O
ATOM   1491  CB  TYR A 199       5.924  20.238  11.129  1.00 28.42           C
ATOM   1492  CG  TYR A 199       6.043  21.030  12.407  1.00 33.72           C
ATOM   1493  CD1 TYR A 199       5.935  20.405  13.640  1.00 27.74           C
ATOM   1494  CD2 TYR A 199       6.288  22.398  12.385  1.00 27.12           C
ATOM   1495  CE1 TYR A 199       6.058  21.120  14.822  1.00 37.15           C
ATOM   1496  CE2 TYR A 199       6.412  23.122  13.561  1.00 35.98           C
ATOM   1497  CZ  TYR A 199       6.294  22.477  14.776  1.00 33.49           C
ATOM   1498  OH  TYR A 199       6.414  23.184  15.948  1.00 40.19           O
ATOM   1499  N   ILE A 200       6.935  17.108   9.969  1.00 30.26           N
ATOM   1500  CA  ILE A 200       6.768  16.097   8.933  1.00 31.27           C
ATOM   1501  C   ILE A 200       5.710  15.089   9.347  1.00 33.53           C
ATOM   1502  O   ILE A 200       5.768  14.546  10.452  1.00 32.98           O
ATOM   1503  CB  ILE A 200       8.093  15.352   8.644  1.00 32.27           C
ATOM   1504  CG1 ILE A 200       9.164  16.333   8.160  1.00 37.70           C
ATOM   1505  CG2 ILE A 200       7.880  14.236   7.619  1.00 26.84           C
ATOM   1506  CD1 ILE A 200      10.495  15.689   7.860  1.00 36.87           C
ATOM   1507  N   CYS A 201       4.739  14.842   8.470  1.00 28.73           N
ATOM   1508  CA  CYS A 201       3.747  13.812   8.746  1.00 31.40           C
ATOM   1509  C   CYS A 201       4.129  12.523   8.032  1.00 31.76           C
ATOM   1510  O   CYS A 201       4.442  12.518   6.837  1.00 30.36           O
ATOM   1511  CB  CYS A 201       2.338  14.264   8.341  1.00 29.40           C
ATOM   1512  SG  CYS A 201       1.974  14.198   6.581  1.00 46.24           S
ATOM   1513  N   ASN A 202       4.123  11.434   8.788  1.00 32.10           N
ATOM   1514  CA  ASN A 202       4.479  10.126   8.262  1.00 32.09           C
ATOM   1515  C   ASN A 202       3.216   9.332   7.990  1.00 30.31           C
ATOM   1516  O   ASN A 202       2.476   8.990   8.908  1.00 34.67           O
ATOM   1517  CB  ASN A 202       5.384   9.380   9.243  1.00 31.62           C
ATOM   1518  CG  ASN A 202       6.445  10.276   9.849  1.00 34.57           C
ATOM   1519  ND2 ASN A 202       7.425  10.661   9.041  1.00 31.78           N
ATOM   1520  OD1 ASN A 202       6.382  10.621  11.030  1.00 37.73           O
ATOM   1521  N   VAL A 203       2.958   9.057   6.722  1.00 31.29           N
ATOM   1522  CA  VAL A 203       1.730   8.384   6.341  1.00 29.99           C
ATOM   1523  C   VAL A 203       2.037   6.982   5.860  1.00 29.95           C
ATOM   1524  O   VAL A 203       2.962   6.775   5.079  1.00 32.94           O
ATOM   1525  CB  VAL A 203       0.981   9.163   5.243  1.00 35.04           C
ATOM   1526  CG1 VAL A 203      -0.314   8.459   4.876  1.00 28.65           C
ATOM   1527  CG2 VAL A 203       0.710  10.592   5.707  1.00 26.66           C
ATOM   1528  N   ASN A 204       1.264   6.019   6.345  1.00 29.35           N
ATOM   1529  CA  ASN A 204       1.449   4.631   5.961  1.00 31.31           C
ATOM   1530  C   ASN A 204       0.127   4.003   5.525  1.00 33.24           C
ATOM   1531  O   ASN A 204      -0.888   4.112   6.214  1.00 34.37           O
ATOM   1532  CB  ASN A 204       2.073   3.843   7.117  1.00 37.45           C
ATOM   1533  CG  ASN A 204       2.259   2.373   6.789  1.00 54.72           C
ATOM   1534  ND2 ASN A 204       3.039   2.091   5.754  1.00 50.83           N
ATOM   1535  OD1 ASN A 204       1.698   1.501   7.455  1.00 73.44           O
ATOM   1536  N   HIS A 205       0.141   3.373   4.358  1.00 31.18           N
ATOM   1537  CA  HIS A 205      -1.028   2.675   3.844  1.00 37.56           C
ATOM   1538  C   HIS A 205      -0.605   1.286   3.413  1.00 34.89           C
ATOM   1539  O   HIS A 205      -0.256   1.068   2.253  1.00 36.52           O
ATOM   1540  CB  HIS A 205      -1.658   3.433   2.675  1.00 27.77           C
ATOM   1541  CG  HIS A 205      -2.917   2.803   2.155  1.00 35.56           C
ATOM   1542  CD2 HIS A 205      -4.104   2.562   2.753  1.00 33.13           C
ATOM   1543  ND1 HIS A 205      -3.037   2.344   0.859  1.00 35.44           N
ATOM   1544  CE1 HIS A 205      -4.248   1.846   0.686  1.00 33.94           C
ATOM   1545  NE2 HIS A 205      -4.919   1.967   1.815  1.00 29.56           N
ATOM   1546  N   LYS A 206      -0.623   0.353   4.358  1.00 34.52           N
ATOM   1547  CA  LYS A 206      -0.155  -1.008   4.104  1.00 41.43           C
ATOM   1548  C   LYS A 206      -0.833  -1.754   2.942  1.00 35.74           C
ATOM   1549  O   LYS A 206      -0.155  -2.493   2.231  1.00 39.67           O
ATOM   1550  CB  LYS A 206      -0.277  -1.846   5.379  1.00 47.00           C
ATOM   1551  CG  LYS A 206       0.830  -1.575   6.386  1.00 57.13           C
ATOM   1552  CD  LYS A 206       0.895  -2.659   7.452  1.00 81.12           C
ATOM   1553  CE  LYS A 206       2.103  -2.473   8.361  1.00 81.79           C
ATOM   1554  NZ  LYS A 206       2.106  -1.138   9.024  1.00 63.36           N
ATOM   1555  N   PRO A 207      -2.158  -1.589   2.748  1.00 37.38           N
ATOM   1556  CA  PRO A 207      -2.759  -2.328   1.624  1.00 32.27           C
ATOM   1557  C   PRO A 207      -2.137  -2.030   0.252  1.00 38.84           C
ATOM   1558  O   PRO A 207      -2.064  -2.930  -0.578  1.00 37.23           O
ATOM   1559  CB  PRO A 207      -4.218  -1.876   1.655  1.00 34.91           C
ATOM   1560  CG  PRO A 207      -4.471  -1.559   3.085  1.00 40.39           C
```

```
ATOM   1561  CD  PRO A 207      -3.192  -0.955   3.590  1.00 32.89           C
ATOM   1562  N   SER A 208      -1.696  -0.797   0.020  1.00 38.69           N
ATOM   1563  CA  SER A 208      -1.064  -0.446  -1.250  1.00 34.52           C
ATOM   1564  C   SER A 208       0.454  -0.414  -1.115  1.00 40.84           C
ATOM   1565  O   SER A 208       1.157  -0.044  -2.056  1.00 41.36           O
ATOM   1566  CB  SER A 208      -1.565   0.911  -1.751  1.00 37.36           C
ATOM   1567  OG  SER A 208      -1.111   1.961  -0.912  1.00 32.83           O
ATOM   1568  N   ASN A 209       0.942  -0.792   0.065  1.00 38.90           N
ATOM   1569  CA  ASN A 209       2.367  -0.729   0.389  1.00 42.99           C
ATOM   1570  C   ASN A 209       2.941   0.680   0.177  1.00 43.61           C
ATOM   1571  O   ASN A 209       4.051   0.841  -0.327  1.00 47.92           O
ATOM   1572  CB  ASN A 209       3.147  -1.756  -0.441  1.00 48.09           C
ATOM   1573  CG  ASN A 209       4.502  -2.086   0.159  1.00 71.77           C
ATOM   1574  ND2 ASN A 209       5.502  -2.260  -0.700  1.00 76.92           N
ATOM   1575  OD1 ASN A 209       4.649  -2.177   1.379  1.00 76.40           O
ATOM   1576  N   THR A 210       2.174   1.692   0.575  1.00 40.46           N
ATOM   1577  CA  THR A 210       2.546   3.090   0.371  1.00 38.21           C
ATOM   1578  C   THR A 210       3.020   3.766   1.656  1.00 38.99           C
ATOM   1579  O   THR A 210       2.320   3.746   2.670  1.00 38.40           O
ATOM   1580  CB  THR A 210       1.361   3.901  -0.200  1.00 38.96           C
ATOM   1581  CG2 THR A 210       1.720   5.376  -0.316  1.00 37.56           C
ATOM   1582  OG1 THR A 210       1.006   3.395  -1.494  1.00 42.32           O
ATOM   1583  N   LYS A 211       4.214   4.353   1.607  1.00 32.28           N
ATOM   1584  CA  LYS A 211       4.716   5.195   2.693  1.00 35.66           C
ATOM   1585  C   LYS A 211       5.072   6.573   2.155  1.00 33.89           C
ATOM   1586  O   LYS A 211       5.786   6.698   1.158  1.00 32.27           O
ATOM   1587  CB  LYS A 211       5.940   4.569   3.370  1.00 36.77           C
ATOM   1588  CG  LYS A 211       5.624   3.421   4.316  1.00 45.64           C
ATOM   1589  CD  LYS A 211       6.864   2.974   5.086  1.00 52.89           C
ATOM   1590  CE  LYS A 211       7.970   2.513   4.143  1.00 58.66           C
ATOM   1591  NZ  LYS A 211       9.223   2.152   4.870  1.00 61.89           N
ATOM   1592  N   VAL A 212       4.564   7.608   2.811  1.00 27.70           N
ATOM   1593  CA  VAL A 212       4.861   8.978   2.416  1.00 34.14           C
ATOM   1594  C   VAL A 212       5.294   9.800   3.623  1.00 33.04           C
ATOM   1595  O   VAL A 212       4.657   9.748   4.677  1.00 34.67           O
ATOM   1596  CB  VAL A 212       3.640   9.659   1.741  1.00 28.22           C
ATOM   1597  CG1 VAL A 212       3.944  11.111   1.424  1.00 26.60           C
ATOM   1598  CG2 VAL A 212       3.236   8.911   0.475  1.00 33.62           C
ATOM   1599  N   ASP A 213       6.387  10.544   3.469  1.00 31.96           N
ATOM   1600  CA  ASP A 213       6.802  11.535   4.460  1.00 31.89           C
ATOM   1601  C   ASP A 213       6.622  12.935   3.886  1.00 34.24           C
ATOM   1602  O   ASP A 213       7.286  13.306   2.918  1.00 32.65           O
ATOM   1603  CB  ASP A 213       8.258  11.323   4.883  1.00 35.66           C
ATOM   1604  CG  ASP A 213       8.479   9.985   5.572  1.00 47.44           C
ATOM   1605  OD1 ASP A 213       7.659   9.616   6.445  1.00 42.96           O
ATOM   1606  OD2 ASP A 213       9.475   9.302   5.238  1.00 43.88           O
ATOM   1607  N   LYS A 214       5.728  13.708   4.492  1.00 33.17           N
ATOM   1608  CA  LYS A 214       5.361  15.016   3.967  1.00 30.01           C
ATOM   1609  C   LYS A 214       5.791  16.138   4.906  1.00 30.73           C
ATOM   1610  O   LYS A 214       5.254  16.286   6.004  1.00 29.64           O
ATOM   1611  CB  LYS A 214       3.849  15.082   3.727  1.00 28.75           C
ATOM   1612  CG  LYS A 214       3.356  16.407   3.174  1.00 34.59           C
ATOM   1613  CD  LYS A 214       3.879  16.624   1.767  1.00 33.64           C
ATOM   1614  CE  LYS A 214       3.468  17.978   1.222  1.00 44.70           C
ATOM   1615  NZ  LYS A 214       4.102  18.251  -0.100  1.00 46.18           N
ATOM   1616  N   LYS A 215       6.760  16.932   4.469  1.00 31.30           N
ATOM   1617  CA  LYS A 215       7.181  18.086   5.247  1.00 29.47           C
ATOM   1618  C   LYS A 215       6.197  19.230   5.031  1.00 34.25           C
ATOM   1619  O   LYS A 215       5.887  19.587   3.895  1.00 30.95           O
ATOM   1620  CB  LYS A 215       8.597  18.521   4.870  1.00 32.87           C
ATOM   1621  CG  LYS A 215       9.076  19.731   5.657  1.00 32.92           C
ATOM   1622  CD  LYS A 215      10.523  20.071   5.351  1.00 42.60           C
ATOM   1623  CE  LYS A 215      10.950  21.339   6.087  1.00 41.79           C
ATOM   1624  NZ  LYS A 215      12.411  21.587   5.969  1.00 52.69           N
ATOM   1625  N   VAL A 216       5.697  19.798   6.121  1.00 27.91           N
ATOM   1626  CA  VAL A 216       4.736  20.883   6.011  1.00 31.50           C
ATOM   1627  C   VAL A 216       5.346  22.189   6.512  1.00 35.76           C
ATOM   1628  O   VAL A 216       5.803  22.282   7.654  1.00 31.10           O
ATOM   1629  CB  VAL A 216       3.443  20.567   6.782  1.00 32.04           C
ATOM   1630  CG1 VAL A 216       2.447  21.716   6.650  1.00 29.56           C
ATOM   1631  CG2 VAL A 216       2.833  19.265   6.271  1.00 28.39           C
```

```
ATOM   1632  N   GLU A 217       5.357  23.187   5.634  1.00 39.92           N
ATOM   1633  CA  GLU A 217       5.937  24.497   5.924  1.00 46.47           C
ATOM   1634  C   GLU A 217       4.917  25.604   5.714  1.00 44.08           C
ATOM   1635  O   GLU A 217       3.980  25.443   4.933  1.00 41.16           O
ATOM   1636  CB  GLU A 217       7.149  24.764   5.026  1.00 44.32           C
ATOM   1637  CG  GLU A 217       8.396  23.976   5.365  1.00 58.93           C
ATOM   1638  CD  GLU A 217       9.501  24.188   4.344  1.00 64.35           C
ATOM   1639  OE1 GLU A 217      10.678  24.300   4.750  1.00 75.54           O
ATOM   1640  OE2 GLU A 217       9.192  24.239   3.135  1.00 64.80           O
ATOM   1641  N   PRO A 218       5.099  26.740   6.406  1.00 48.25           N
ATOM   1642  CA  PRO A 218       4.315  27.925   6.039  1.00 50.69           C
ATOM   1643  C   PRO A 218       4.667  28.339   4.615  1.00 57.06           C
ATOM   1644  O   PRO A 218       5.822  28.177   4.218  1.00 55.63           O
ATOM   1645  CB  PRO A 218       4.757  28.979   7.060  1.00 50.18           C
ATOM   1646  CG  PRO A 218       6.087  28.500   7.561  1.00 50.76           C
ATOM   1647  CD  PRO A 218       6.027  27.005   7.521  1.00 42.82           C
ATOM   1648  N   LYS A 219       3.703  28.834   3.846  1.00 55.24           N
ATOM   1649  CA  LYS A 219       3.998  29.214   2.468  1.00 72.58           C
ATOM   1650  C   LYS A 219       4.426  30.679   2.392  1.00 77.04           C
ATOM   1651  O   LYS A 219       3.946  31.522   3.156  1.00 71.74           O
ATOM   1652  CB  LYS A 219       2.796  28.952   1.553  1.00 66.67           C
ATOM   1653  CG  LYS A 219       3.147  29.002   0.068  1.00 73.26           C
ATOM   1654  CD  LYS A 219       2.190  28.182  -0.790  1.00 78.60           C
ATOM   1655  CE  LYS A 219       0.862  28.890  -1.001  1.00 76.20           C
ATOM   1656  NZ  LYS A 219       0.010  28.168  -1.992  1.00 70.66           N
ATOM   1657  N   SER A 220       5.346  30.969   1.477  1.00 78.80           N
ATOM   1658  CA  SER A 220       5.870  32.319   1.306  1.00 86.14           C
ATOM   1659  C   SER A 220       5.245  33.004   0.096  1.00 76.66           C
ATOM   1660  O   SER A 220       4.778  32.339  -0.829  1.00 76.17           O
ATOM   1661  CB  SER A 220       7.394  32.284   1.164  1.00 88.61           C
ATOM   1662  OG  SER A 220       7.787  31.375   0.150  1.00 79.58           O
TER
ATOM   1663  N   ASP B   1     -30.071 -19.770  21.044  1.00 55.86           N
ATOM   1664  CA  ASP B   1     -28.959 -18.907  21.429  1.00 51.10           C
ATOM   1665  C   ASP B   1     -29.427 -17.792  22.359  1.00 49.42           C
ATOM   1666  O   ASP B   1     -30.475 -17.185  22.139  1.00 43.10           O
ATOM   1667  CB  ASP B   1     -28.287 -18.316  20.190  1.00 44.13           C
ATOM   1668  CG  ASP B   1     -27.652 -19.377  19.308  1.00 61.47           C
ATOM   1669  OD2 ASP B   1     -26.859 -19.009  18.415  1.00 60.15           O
ATOM   1670  OD1 ASP B   1     -27.951 -20.577  19.503  1.00 63.76           O
ATOM   1671  N   ILE B   2     -28.649 -17.533  23.404  1.00 43.87           N
ATOM   1672  CA  ILE B   2     -29.004 -16.506  24.372  1.00 42.91           C
ATOM   1673  C   ILE B   2     -28.769 -15.115  23.794  1.00 45.05           C
ATOM   1674  O   ILE B   2     -27.663 -14.787  23.359  1.00 46.40           O
ATOM   1675  CB  ILE B   2     -28.207 -16.666  25.675  1.00 39.78           C
ATOM   1676  CG1 ILE B   2     -28.476 -18.041  26.288  1.00 37.36           C
ATOM   1677  CG2 ILE B   2     -28.563 -15.558  26.659  1.00 35.94           C
ATOM   1678  CD1 ILE B   2     -27.665 -18.321  27.537  1.00 32.11           C
ATOM   1679  N   VAL B   3     -29.824 -14.306  23.783  1.00 41.92           N
ATOM   1680  CA  VAL B   3     -29.759 -12.953  23.249  1.00 38.55           C
ATOM   1681  C   VAL B   3     -29.539 -11.943  24.372  1.00 39.90           C
ATOM   1682  O   VAL B   3     -30.258 -11.945  25.372  1.00 40.51           O
ATOM   1683  CB  VAL B   3     -31.042 -12.599  22.476  1.00 39.53           C
ATOM   1684  CG1 VAL B   3     -30.987 -11.169  21.965  1.00 34.86           C
ATOM   1685  CG2 VAL B   3     -31.241 -13.570  21.324  1.00 38.27           C
ATOM   1686  N   MET B   4     -28.528 -11.094  24.214  1.00 35.54           N
ATOM   1687  CA  MET B   4     -28.248 -10.063  25.208  1.00 37.31           C
ATOM   1688  C   MET B   4     -28.677  -8.695  24.687  1.00 34.89           C
ATOM   1689  O   MET B   4     -28.362  -8.327  23.559  1.00 35.92           O
ATOM   1690  CB  MET B   4     -26.760 -10.043  25.570  1.00 29.00           C
ATOM   1691  CG  MET B   4     -26.173 -11.410  25.886  1.00 32.64           C
ATOM   1692  SD  MET B   4     -26.854 -12.116  27.401  1.00 36.18           S
ATOM   1693  CE  MET B   4     -26.247 -10.945  28.614  1.00 29.96           C
ATOM   1694  N   THR B   5     -29.405  -7.953  25.510  1.00 36.75           N
ATOM   1695  CA  THR B   5     -29.788  -6.591  25.170  1.00 36.17           C
ATOM   1696  C   THR B   5     -29.273  -5.640  26.238  1.00 38.85           C
ATOM   1697  O   THR B   5     -29.080  -6.029  27.392  1.00 40.10           O
ATOM   1698  CB  THR B   5     -31.315  -6.436  25.040  1.00 33.68           C
ATOM   1699  CG2 THR B   5     -31.853  -7.309  23.910  1.00 30.80           C
ATOM   1700  OG1 THR B   5     -31.938  -6.816  26.270  1.00 36.62           O
ATOM   1701  N   GLN B   6     -29.038  -4.394  25.848  1.00 33.36           N
```

```
ATOM   1702  CA  GLN B   6     -28.602  -3.376  26.788  1.00 33.06           C
ATOM   1703  C   GLN B   6     -29.438  -2.119  26.620  1.00 31.88           C
ATOM   1704  O   GLN B   6     -30.040  -1.899  25.571  1.00 35.73           O
ATOM   1705  CB  GLN B   6     -27.116  -3.048  26.599  1.00 33.60           C
ATOM   1706  CG  GLN B   6     -26.169  -4.214  26.870  1.00 36.92           C
ATOM   1707  CD  GLN B   6     -24.721  -3.883  26.533  1.00 38.24           C
ATOM   1708  NE2 GLN B   6     -24.272  -2.702  26.941  1.00 30.52           N
ATOM   1709  OE1 GLN B   6     -24.017  -4.682  25.915  1.00 36.39           O
ATOM   1710  N   SER B   7     -29.470  -1.302  27.665  1.00 32.38           N
ATOM   1711  CA  SER B   7     -30.103   0.006  27.606  1.00 37.23           C
ATOM   1712  C   SER B   7     -29.416   0.933  28.601  1.00 36.04           C
ATOM   1713  O   SER B   7     -28.976   0.485  29.662  1.00 39.38           O
ATOM   1714  CB  SER B   7     -31.602  -0.096  27.901  1.00 37.67           C
ATOM   1715  OG  SER B   7     -31.826  -0.591  29.208  1.00 50.24           O
ATOM   1716  N   PRO B   8     -29.296   2.226  28.258  1.00 38.41           N
ATOM   1717  CA  PRO B   8     -29.712   2.835  26.989  1.00 38.28           C
ATOM   1718  C   PRO B   8     -28.708   2.568  25.872  1.00 44.42           C
ATOM   1719  O   PRO B   8     -27.687   1.924  26.117  1.00 41.31           O
ATOM   1720  CB  PRO B   8     -29.766   4.326  27.325  1.00 41.32           C
ATOM   1721  CG  PRO B   8     -28.725   4.492  28.383  1.00 37.24           C
ATOM   1722  CD  PRO B   8     -28.754   3.226  29.197  1.00 31.36           C
ATOM   1723  N   ASP B   9     -28.994   3.049  24.667  1.00 42.66           N
ATOM   1724  CA  ASP B   9     -28.037   2.952  23.570  1.00 44.47           C
ATOM   1725  C   ASP B   9     -26.850   3.863  23.842  1.00 46.92           C
ATOM   1726  O   ASP B   9     -25.699   3.503  23.588  1.00 38.54           O
ATOM   1727  CB  ASP B   9     -28.687   3.322  22.236  1.00 44.64           C
ATOM   1728  CG  ASP B   9     -29.773   2.349  21.827  1.00 70.41           C
ATOM   1729  OD1 ASP B   9     -29.730   1.181  22.272  1.00 74.55           O
ATOM   1730  OD2 ASP B   9     -30.671   2.753  21.057  1.00 80.56           O
ATOM   1731  N   SER B  10     -27.150   5.044  24.371  1.00 42.57           N
ATOM   1732  CA  SER B  10     -26.146   6.061  24.628  1.00 39.96           C
ATOM   1733  C   SER B  10     -26.395   6.721  25.978  1.00 42.60           C
ATOM   1734  O   SER B  10     -27.522   6.742  26.475  1.00 43.39           O
ATOM   1735  CB  SER B  10     -26.149   7.110  23.515  1.00 29.15           C
ATOM   1736  OG  SER B  10     -25.012   7.943  23.611  1.00 55.37           O
ATOM   1737  N   LEU B  11     -25.342   7.286  26.553  1.00 38.86           N
ATOM   1738  CA  LEU B  11     -25.384   7.756  27.927  1.00 39.26           C
ATOM   1739  C   LEU B  11     -24.310   8.819  28.132  1.00 33.06           C
ATOM   1740  O   LEU B  11     -23.172   8.636  27.709  1.00 43.59           O
ATOM   1741  CB  LEU B  11     -25.186   6.564  28.875  1.00 46.93           C
ATOM   1742  CG  LEU B  11     -25.354   6.653  30.391  1.00 40.86           C
ATOM   1743  CD1 LEU B  11     -24.122   7.245  31.054  1.00 49.46           C
ATOM   1744  CD2 LEU B  11     -26.602   7.452  30.735  1.00 58.72           C
ATOM   1745  N   ALA B  12     -24.668   9.930  28.768  1.00 34.90           N
ATOM   1746  CA  ALA B  12     -23.695  10.979  29.078  1.00 32.04           C
ATOM   1747  C   ALA B  12     -23.942  11.565  30.460  1.00 35.38           C
ATOM   1748  O   ALA B  12     -25.070  11.894  30.813  1.00 40.40           O
ATOM   1749  CB  ALA B  12     -23.733  12.076  28.027  1.00 39.73           C
ATOM   1750  N   VAL B  13     -22.874  11.709  31.235  1.00 38.02           N
ATOM   1751  CA  VAL B  13     -22.987  12.114  32.629  1.00 32.52           C
ATOM   1752  C   VAL B  13     -21.794  12.994  33.009  1.00 41.29           C
ATOM   1753  O   VAL B  13     -20.707  12.841  32.450  1.00 40.66           O
ATOM   1754  CB  VAL B  13     -23.098  10.856  33.537  1.00 47.79           C
ATOM   1755  CG1 VAL B  13     -22.187  10.934  34.752  1.00 44.21           C
ATOM   1756  CG2 VAL B  13     -24.548  10.619  33.939  1.00 43.75           C
ATOM   1757  N   SER B  14     -21.999  13.933  33.931  1.00 41.23           N
ATOM   1758  CA  SER B  14     -20.938  14.857  34.333  1.00 36.91           C
ATOM   1759  C   SER B  14     -19.862  14.158  35.162  1.00 39.93           C
ATOM   1760  O   SER B  14     -20.125  13.118  35.766  1.00 42.44           O
ATOM   1761  CB  SER B  14     -21.528  16.030  35.121  1.00 46.50           C
ATOM   1762  OG  SER B  14     -22.570  16.660  34.393  1.00 52.97           O
ATOM   1763  N   LEU B  15     -18.656  14.729  35.182  1.00 35.81           N
ATOM   1764  CA  LEU B  15     -17.549  14.188  35.975  1.00 41.19           C
ATOM   1765  C   LEU B  15     -17.949  13.897  37.417  1.00 46.73           C
ATOM   1766  O   LEU B  15     -18.711  14.651  38.022  1.00 44.31           O
ATOM   1767  CB  LEU B  15     -16.356  15.148  35.990  1.00 42.78           C
ATOM   1768  CG  LEU B  15     -15.368  15.192  34.825  1.00 60.55           C
ATOM   1769  CD1 LEU B  15     -15.877  16.103  33.716  1.00 58.51           C
ATOM   1770  CD2 LEU B  15     -13.996  15.648  35.316  1.00 59.55           C
ATOM   1771  N   GLY B  16     -17.431  12.800  37.960  1.00 41.51           N
ATOM   1772  CA  GLY B  16     -17.639  12.466  39.355  1.00 38.32           C
```

```
ATOM   1773  C   GLY B  16     -19.048  12.012  39.675  1.00 37.62           C
ATOM   1774  O   GLY B  16     -19.362  11.730  40.829  1.00 45.46           O
ATOM   1775  N   GLU B  17     -19.902  11.938  38.661  1.00 40.92           N
ATOM   1776  CA  GLU B  17     -21.273  11.496  38.876  1.00 41.65           C
ATOM   1777  C   GLU B  17     -21.458  10.032  38.491  1.00 45.71           C
ATOM   1778  O   GLU B  17     -20.568   9.404  37.912  1.00 38.54           O
ATOM   1779  CB  GLU B  17     -22.256  12.378  38.104  1.00 42.09           C
ATOM   1780  CG  GLU B  17     -22.365  13.791  38.659  1.00 48.23           C
ATOM   1781  CD  GLU B  17     -23.478  14.596  38.011  1.00 66.55           C
ATOM   1782  OE1 GLU B  17     -23.909  14.234  36.894  1.00 71.11           O
ATOM   1783  OE2 GLU B  17     -23.923  15.591  38.624  1.00 74.03           O
ATOM   1784  N   ARG B  18     -22.627   9.500  38.823  1.00 45.65           N
ATOM   1785  CA  ARG B  18     -22.899   8.077  38.701  1.00 45.58           C
ATOM   1786  C   ARG B  18     -23.508   7.729  37.346  1.00 40.92           C
ATOM   1787  O   ARG B  18     -24.379   8.436  36.843  1.00 38.35           O
ATOM   1788  CB  ARG B  18     -23.826   7.638  39.838  1.00 43.55           C
ATOM   1789  CG  ARG B  18     -24.162   6.165  39.879  1.00 54.20           C
ATOM   1790  CD  ARG B  18     -24.969   5.853  41.132  1.00 66.41           C
ATOM   1791  NE  ARG B  18     -25.394   4.459  41.181  1.00 84.38           N
ATOM   1792  CZ  ARG B  18     -26.076   3.921  42.186  1.00 83.62           C
ATOM   1793  NH1 ARG B  18     -26.412   4.662  43.234  1.00 81.35           N
ATOM   1794  NH2 ARG B  18     -26.420   2.640  42.142  1.00 85.37           N
ATOM   1795  N   ALA B  19     -23.030   6.643  36.751  1.00 35.20           N
ATOM   1796  CA  ALA B  19     -23.584   6.161  35.491  1.00 34.46           C
ATOM   1797  C   ALA B  19     -23.980   4.696  35.617  1.00 39.57           C
ATOM   1798  O   ALA B  19     -23.276   3.904  36.247  1.00 38.45           O
ATOM   1799  CB  ALA B  19     -22.588   6.351  34.356  1.00 36.85           C
ATOM   1800  N   THR B  20     -25.105   4.344  35.004  1.00 33.06           N
ATOM   1801  CA  THR B  20     -25.654   3.001  35.107  1.00 35.98           C
ATOM   1802  C   THR B  20     -26.066   2.452  33.742  1.00 38.75           C
ATOM   1803  O   THR B  20     -26.762   3.118  32.979  1.00 37.55           O
ATOM   1804  CB  THR B  20     -26.866   2.987  36.062  1.00 38.02           C
ATOM   1805  CG2 THR B  20     -27.718   1.757  35.842  1.00 44.22           C
ATOM   1806  OG1 THR B  20     -26.398   3.008  37.419  1.00 45.86           O
ATOM   1807  N   ILE B  21     -25.622   1.235  33.441  1.00 37.58           N
ATOM   1808  CA  ILE B  21     -25.973   0.559  32.196  1.00 35.14           C
ATOM   1809  C   ILE B  21     -26.661  -0.765  32.507  1.00 37.66           C
ATOM   1810  O   ILE B  21     -26.193  -1.527  33.350  1.00 32.81           O
ATOM   1811  CB  ILE B  21     -24.733   0.284  31.326  1.00 38.29           C
ATOM   1812  CG1 ILE B  21     -23.964   1.573  31.057  1.00 37.46           C
ATOM   1813  CG2 ILE B  21     -25.127  -0.395  30.018  1.00 45.60           C
ATOM   1814  CD1 ILE B  21     -22.717   1.348  30.238  1.00 41.15           C
ATOM   1815  N   ASN B  22     -27.761  -1.046  31.819  1.00 30.24           N
ATOM   1816  CA  ASN B  22     -28.521  -2.260  32.084  1.00 37.10           C
ATOM   1817  C   ASN B  22     -28.270  -3.358  31.050  1.00 40.28           C
ATOM   1818  O   ASN B  22     -28.041  -3.081  29.870  1.00 35.19           O
ATOM   1819  CB  ASN B  22     -30.013  -1.932  32.157  1.00 36.20           C
ATOM   1820  CG  ASN B  22     -30.308  -0.788  33.121  1.00 60.60           C
ATOM   1821  OD1 ASN B  22     -30.309  -0.974  34.341  1.00 57.11           O
ATOM   1822  ND2 ASN B  22     -30.547   0.407  32.576  1.00 55.17           N
ATOM   1823  N   CYS B  23     -28.315  -4.604  31.509  1.00 36.70           N
ATOM   1824  CA  CYS B  23     -28.121  -5.762  30.647  1.00 34.30           C
ATOM   1825  C   CYS B  23     -29.231  -6.791  30.872  1.00 38.13           C
ATOM   1826  O   CYS B  23     -29.570  -7.107  32.012  1.00 40.38           O
ATOM   1827  CB  CYS B  23     -26.748  -6.391  30.913  1.00 37.80           C
ATOM   1828  SG  CYS B  23     -26.222  -7.657  29.735  1.00 53.67           S
ATOM   1829  N   LYS B  24     -29.794  -7.312  29.786  1.00 33.98           N
ATOM   1830  CA  LYS B  24     -30.813  -8.356  29.871  1.00 36.97           C
ATOM   1831  C   LYS B  24     -30.440  -9.564  29.024  1.00 42.52           C
ATOM   1832  O   LYS B  24     -29.979  -9.419  27.890  1.00 38.82           O
ATOM   1833  CB  LYS B  24     -32.181  -7.831  29.425  1.00 43.72           C
ATOM   1834  CG  LYS B  24     -33.084  -7.356  30.550  1.00 55.35           C
ATOM   1835  CD  LYS B  24     -34.508  -7.143  30.045  1.00 61.25           C
ATOM   1836  CE  LYS B  24     -35.433  -6.673  31.155  1.00 65.56           C
ATOM   1837  NZ  LYS B  24     -35.055  -5.323  31.656  1.00 61.27           N
ATOM   1838  N   SER B  25     -30.644 -10.755  29.580  1.00 37.96           N
ATOM   1839  CA  SER B  25     -30.438 -11.991  28.835  1.00 41.49           C
ATOM   1840  C   SER B  25     -31.782 -12.646  28.540  1.00 40.87           C
ATOM   1841  O   SER B  25     -32.677 -12.640  29.379  1.00 42.24           O
ATOM   1842  CB  SER B  25     -29.524 -12.949  29.603  1.00 33.20           C
ATOM   1843  OG  SER B  25     -29.974 -13.149  30.931  1.00 36.26           O
```

```
ATOM   1844  N   SER B  26     -31.915 -13.209  27.342  1.00 38.29           N
ATOM   1845  CA  SER B  26     -33.176 -13.790  26.895  1.00 38.35           C
ATOM   1846  C   SER B  26     -33.605 -14.975  27.759  1.00 43.66           C
ATOM   1847  O   SER B  26     -34.760 -15.394  27.720  1.00 40.54           O
ATOM   1848  CB  SER B  26     -33.067 -14.224  25.434  1.00 35.59           C
ATOM   1849  OG  SER B  26     -32.037 -15.182  25.272  1.00 38.41           O
ATOM   1850  N   GLN B  27     -32.666 -15.519  28.527  1.00 42.85           N
ATOM   1851  CA  GLN B  27     -32.979 -16.560  29.498  1.00 39.30           C
ATOM   1852  C   GLN B  27     -32.004 -16.465  30.660  1.00 43.02           C
ATOM   1853  O   GLN B  27     -31.011 -15.745  30.581  1.00 38.87           O
ATOM   1854  CB  GLN B  27     -32.926 -17.946  28.858  1.00 40.88           C
ATOM   1855  CG  GLN B  27     -31.538 -18.387  28.447  1.00 44.20           C
ATOM   1856  CD  GLN B  27     -31.549 -19.707  27.705  1.00 51.33           C
ATOM   1857  NE2 GLN B  27     -31.158 -20.776  28.393  1.00 42.28           N
ATOM   1858  OE1 GLN B  27     -31.906 -19.769  26.525  1.00 47.83           O
ATOM   1859  N   SER B  28     -32.291 -17.187  31.738  1.00 40.20           N
ATOM   1860  CA  SER B  28     -31.473 -17.109  32.941  1.00 36.91           C
ATOM   1861  C   SER B  28     -30.065 -17.631  32.699  1.00 41.10           C
ATOM   1862  O   SER B  28     -29.871 -18.659  32.048  1.00 36.62           O
ATOM   1863  CB  SER B  28     -32.120 -17.889  34.087  1.00 41.70           C
ATOM   1864  OG  SER B  28     -31.399 -17.700  35.294  1.00 42.03           O
ATOM   1865  N   ILE B  29     -29.084 -16.906  33.227  1.00 36.07           N
ATOM   1866  CA  ILE B  29     -27.692 -17.320  33.149  1.00 34.98           C
ATOM   1867  C   ILE B  29     -27.143 -17.474  34.564  1.00 36.30           C
ATOM   1868  O   ILE B  29     -25.934 -17.400  34.795  1.00 34.45           O
ATOM   1869  CB  ILE B  29     -26.846 -16.316  32.344  1.00 31.71           C
ATOM   1870  CG1 ILE B  29     -26.947 -14.916  32.949  1.00 29.95           C
ATOM   1871  CG2 ILE B  29     -27.310 -16.276  30.898  1.00 29.61           C
ATOM   1872  CD1 ILE B  29     -26.198 -13.855  32.145  1.00 31.42           C
ATOM   1873  O   LEU B  30     -28.655 -20.230  36.655  1.00 44.52           O
ATOM   1874  N   LEU B  30     -28.058 -17.672  35.508  1.00 33.91           N
ATOM   1875  CA  LEU B  30     -27.709 -18.044  36.873  1.00 39.31           C
ATOM   1876  C   LEU B  30     -27.673 -19.563  36.977  1.00 38.06           C
ATOM   1877  CB  LEU B  30     -28.716 -17.465  37.872  1.00 37.18           C
ATOM   1878  CG  LEU B  30     -28.589 -17.932  39.327  1.00 39.11           C
ATOM   1879  CD2 LEU B  30     -29.827 -17.558  40.128  1.00 36.35           C
ATOM   1880  CD1 LEU B  30     -27.331 -17.378  39.987  1.00 36.12           C
ATOM   1881  O   HIS B  31     -26.681 -21.536  39.965  1.00 38.61           O
ATOM   1882  N   HIS B  31     -26.546 -20.117  37.411  1.00 33.48           N
ATOM   1883  CA  HIS B  31     -26.464 -21.562  37.580  1.00 38.93           C
ATOM   1884  C   HIS B  31     -27.113 -21.968  38.897  1.00 39.33           C
ATOM   1885  CB  HIS B  31     -25.018 -22.046  37.533  1.00 38.09           C
ATOM   1886  CG  HIS B  31     -24.889 -23.538  37.446  1.00 39.11           C
ATOM   1887  ND1 HIS B  31     -24.604 -24.190  36.272  1.00 42.93           N
ATOM   1888  CD2 HIS B  31     -25.028 -24.496  38.394  1.00 37.40           C
ATOM   1889  CE1 HIS B  31     -24.560 -25.497  36.497  1.00 40.76           C
ATOM   1890  NE2 HIS B  31     -24.816 -25.705  37.772  1.00 41.52           N
ATOM   1891  O   SER B  32     -28.568 -23.745  42.260  1.00 57.25           O
ATOM   1892  N   SER B  32     -28.140 -22.809  38.812  1.00 43.81           N
ATOM   1893  CA  SER B  32     -28.969 -23.149  39.972  1.00 49.61           C
ATOM   1894  C   SER B  32     -28.209 -23.866  41.089  1.00 43.17           C
ATOM   1895  CB  SER B  32     -30.159 -24.004  39.530  1.00 47.25           C
ATOM   1896  OG  SER B  32     -29.731 -25.115  38.758  1.00 56.93           O
ATOM   1897  O   SER B  33     -25.191 -24.612  43.655  1.00 47.19           O
ATOM   1898  N   SER B  33     -27.155 -24.596  40.737  1.00 40.34           N
ATOM   1899  CA  SER B  33     -26.407 -25.373  41.729  1.00 50.61           C
ATOM   1900  C   SER B  33     -25.300 -24.578  42.428  1.00 46.45           C
ATOM   1901  CB  SER B  33     -25.807 -26.621  41.079  1.00 46.34           C
ATOM   1902  OG  SER B  33     -26.825 -27.469  40.581  1.00 54.71           O
ATOM   1903  O   ASN B  34     -22.973 -20.977  43.235  1.00 37.27           O
ATOM   1904  N   ASN B  34     -24.470 -23.875  41.661  1.00 42.95           N
ATOM   1905  CA  ASN B  34     -23.365 -23.137  42.269  1.00 42.26           C
ATOM   1906  C   ASN B  34     -23.735 -21.686  42.578  1.00 34.30           C
ATOM   1907  CB  ASN B  34     -22.112 -23.195  41.378  1.00 39.81           C
ATOM   1908  CG  ASN B  34     -22.306 -22.519  40.027  1.00 38.01           C
ATOM   1909  OD1 ASN B  34     -22.552 -21.313  39.949  1.00 35.29           O
ATOM   1910  ND2 ASN B  34     -22.163 -23.292  38.952  1.00 32.57           N
ATOM   1911  O   ASN B  35     -24.573 -17.694  42.495  1.00 38.12           O
ATOM   1912  N   ASN B  35     -24.900 -21.256  42.095  1.00 36.64           N
ATOM   1913  CA  ASN B  35     -25.455 -19.936  42.414  1.00 41.38           C
ATOM   1914  C   ASN B  35     -24.612 -18.762  41.888  1.00 38.67           C
```

```
ATOM   1915  CB  ASN B  35     -25.650 -19.805  43.936  1.00 38.07           C
ATOM   1916  CG  ASN B  35     -26.644 -18.719  44.315  1.00 52.73           C
ATOM   1917  OD1 ASN B  35     -27.611 -18.462  43.594  1.00 51.71           O
ATOM   1918  ND2 ASN B  35     -26.403 -18.069  45.452  1.00 46.79           N
ATOM   1919  O   ASN B  36     -24.385 -18.267  38.068  1.00 37.24           O
ATOM   1920  N   ASN B  36     -23.947 -18.955  40.752  1.00 32.67           N
ATOM   1921  CA  ASN B  36     -23.207 -17.863  40.120  1.00 35.30           C
ATOM   1922  C   ASN B  36     -23.838 -17.439  38.801  1.00 30.07           C
ATOM   1923  CB  ASN B  36     -21.743 -18.252  39.888  1.00 30.99           C
ATOM   1924  CG  ASN B  36     -20.922 -18.234  41.165  1.00 39.65           C
ATOM   1925  OD1 ASN B  36     -20.340 -17.210  41.526  1.00 36.59           O
ATOM   1926  ND2 ASN B  36     -20.870 -19.369  41.854  1.00 34.78           N
ATOM   1927  O   ASN B  37     -22.048 -14.928  36.474  1.00 26.67           O
ATOM   1928  N   ASN B  37     -23.761 -16.144  38.510  1.00 28.56           N
ATOM   1929  CA  ASN B  37     -24.222 -15.603  37.237  1.00 32.35           C
ATOM   1930  C   ASN B  37     -23.090 -15.540  36.217  1.00 35.69           C
ATOM   1931  CB  ASN B  37     -24.817 -14.214  37.437  1.00 33.21           C
ATOM   1932  CG  ASN B  37     -25.996 -14.219  38.386  1.00 35.83           C
ATOM   1933  OD1 ASN B  37     -25.854 -13.922  39.573  1.00 39.01           O
ATOM   1934  ND2 ASN B  37     -27.166 -14.566  37.868  1.00 28.90           N
ATOM   1935  N   TYR B  38     -23.306 -16.156  35.059  1.00 26.80           N
ATOM   1936  CA  TYR B  38     -22.251 -16.313  34.063  1.00 31.80           C
ATOM   1937  C   TYR B  38     -22.234 -15.119  33.118  1.00 29.97           C
ATOM   1938  O   TYR B  38     -22.505 -15.241  31.924  1.00 29.53           O
ATOM   1939  CB  TYR B  38     -22.431 -17.628  33.295  1.00 28.25           C
ATOM   1940  CG  TYR B  38     -22.072 -18.859  34.115  1.00 31.67           C
ATOM   1941  CD2 TYR B  38     -21.149 -19.792  33.649  1.00 32.47           C
ATOM   1942  CD1 TYR B  38     -22.656 -19.083  35.358  1.00 26.38           C
ATOM   1943  CE2 TYR B  38     -20.816 -20.912  34.406  1.00 31.96           C
ATOM   1944  CE1 TYR B  38     -22.327 -20.190  36.118  1.00 30.74           C
ATOM   1945  CZ  TYR B  38     -21.414 -21.102  35.639  1.00 32.95           C
ATOM   1946  OH  TYR B  38     -21.096 -22.200  36.403  1.00 33.05           O
ATOM   1947  N   LEU B  39     -21.905 -13.963  33.680  1.00 29.02           N
ATOM   1948  CA  LEU B  39     -21.932 -12.703  32.957  1.00 26.70           C
ATOM   1949  C   LEU B  39     -20.623 -11.945  33.112  1.00 25.80           C
ATOM   1950  O   LEU B  39     -20.043 -11.912  34.202  1.00 29.17           O
ATOM   1951  CB  LEU B  39     -23.082 -11.829  33.457  1.00 30.90           C
ATOM   1952  CG  LEU B  39     -23.219 -10.510  32.698  1.00 33.97           C
ATOM   1953  CD1 LEU B  39     -24.064 -10.714  31.458  1.00 27.79           C
ATOM   1954  CD2 LEU B  39     -23.785  -9.419  33.577  1.00 33.15           C
ATOM   1955  N   ALA B  40     -20.168 -11.330  32.025  1.00 28.13           N
ATOM   1956  CA  ALA B  40     -18.989 -10.470  32.068  1.00 25.92           C
ATOM   1957  C   ALA B  40     -19.287  -9.078  31.501  1.00 26.60           C
ATOM   1958  O   ALA B  40     -20.162  -8.917  30.648  1.00 25.73           O
ATOM   1959  CB  ALA B  40     -17.836 -11.111  31.309  1.00 26.93           C
ATOM   1960  N   TRP B  41     -18.556  -8.079  31.986  1.00 26.55           N
ATOM   1961  CA  TRP B  41     -18.651  -6.720  31.455  1.00 30.35           C
ATOM   1962  C   TRP B  41     -17.325  -6.293  30.832  1.00 29.83           C
ATOM   1963  O   TRP B  41     -16.261  -6.507  31.415  1.00 26.54           O
ATOM   1964  CB  TRP B  41     -19.042  -5.723  32.549  1.00 25.43           C
ATOM   1965  CG  TRP B  41     -20.484  -5.762  32.956  1.00 30.44           C
ATOM   1966  CD1 TRP B  41     -21.014  -6.405  34.039  1.00 30.19           C
ATOM   1967  CD2 TRP B  41     -21.581  -5.116  32.297  1.00 28.45           C
ATOM   1968  CE2 TRP B  41     -22.747  -5.418  33.032  1.00 31.50           C
ATOM   1969  CE3 TRP B  41     -21.692  -4.318  31.154  1.00 33.61           C
ATOM   1970  NE1 TRP B  41     -22.372  -6.204  34.090  1.00 28.08           N
ATOM   1971  CZ2 TRP B  41     -24.008  -4.946  32.664  1.00 32.35           C
ATOM   1972  CZ3 TRP B  41     -22.947  -3.846  30.787  1.00 31.41           C
ATOM   1973  CH2 TRP B  41     -24.087  -4.163  31.541  1.00 36.76           C
ATOM   1974  N   PHE B  42     -17.400  -5.679  29.655  1.00 25.32           N
ATOM   1975  CA  PHE B  42     -16.220  -5.212  28.939  1.00 27.15           C
ATOM   1976  C   PHE B  42     -16.271  -3.715  28.680  1.00 31.54           C
ATOM   1977  O   PHE B  42     -17.338  -3.154  28.431  1.00 31.28           O
ATOM   1978  CB  PHE B  42     -16.073  -5.944  27.601  1.00 23.42           C
ATOM   1979  CG  PHE B  42     -15.772  -7.405  27.739  1.00 26.14           C
ATOM   1980  CD1 PHE B  42     -14.462  -7.847  27.845  1.00 24.13           C
ATOM   1981  CD2 PHE B  42     -16.794  -8.337  27.758  1.00 29.43           C
ATOM   1982  CE1 PHE B  42     -14.181  -9.195  27.976  1.00 28.57           C
ATOM   1983  CE2 PHE B  42     -16.518  -9.690  27.887  1.00 26.26           C
ATOM   1984  CZ  PHE B  42     -15.212 -10.116  27.997  1.00 25.92           C
ATOM   1985  N   GLN B  43     -15.109  -3.076  28.723  1.00 27.61           N
```

```
ATOM   1986  CA  GLN B  43     -14.976  -1.691  28.289  1.00 26.82           C
ATOM   1987  C   GLN B  43     -14.148  -1.643  27.004  1.00 32.12           C
ATOM   1988  O   GLN B  43     -13.062  -2.221  26.945  1.00 29.12           O
ATOM   1989  CB  GLN B  43     -14.317  -0.842  29.375  1.00 23.34           C
ATOM   1990  CG  GLN B  43     -14.190   0.629  29.022  1.00 24.31           C
ATOM   1991  CD  GLN B  43     -13.172   1.345  29.891  1.00 29.32           C
ATOM   1992  NE2 GLN B  43     -13.650   2.131  30.851  1.00 31.37           N
ATOM   1993  OE1 GLN B  43     -11.970   1.192  29.701  1.00 31.73           O
ATOM   1994  N   GLN B  44     -14.656  -0.977  25.972  1.00 20.12           N
ATOM   1995  CA  GLN B  44     -13.869  -0.810  24.754  1.00 26.13           C
ATOM   1996  C   GLN B  44     -13.601   0.662  24.464  1.00 26.14           C
ATOM   1997  O   GLN B  44     -14.477   1.377  23.977  1.00 29.23           O
ATOM   1998  CB  GLN B  44     -14.559  -1.470  23.556  1.00 24.46           C
ATOM   1999  CG  GLN B  44     -13.755  -1.359  22.263  1.00 26.38           C
ATOM   2000  CD  GLN B  44     -14.303  -2.228  21.137  1.00 28.28           C
ATOM   2001  NE2 GLN B  44     -13.407  -2.827  20.355  1.00 28.01           N
ATOM   2002  OE1 GLN B  44     -15.512  -2.363  20.977  1.00 28.62           O
ATOM   2003  N   LYS B  45     -12.388   1.103  24.786  1.00 27.16           N
ATOM   2004  CA  LYS B  45     -11.913   2.448  24.466  1.00 35.42           C
ATOM   2005  C   LYS B  45     -11.696   2.581  22.963  1.00 35.66           C
ATOM   2006  O   LYS B  45     -11.493   1.577  22.281  1.00 35.60           O
ATOM   2007  CB  LYS B  45     -10.602   2.752  25.205  1.00 33.99           C
ATOM   2008  CG  LYS B  45     -10.694   2.701  26.707  1.00 42.68           C
ATOM   2009  CD  LYS B  45      -9.353   3.040  27.351  1.00 41.29           C
ATOM   2010  CE  LYS B  45      -8.230   2.156  26.828  1.00 41.00           C
ATOM   2011  NZ  LYS B  45      -7.078   2.115  27.785  1.00 34.96           N
ATOM   2012  N   PRO B  46     -11.726   3.820  22.440  1.00 38.26           N
ATOM   2013  CA  PRO B  46     -11.508   4.031  21.001  1.00 37.25           C
ATOM   2014  C   PRO B  46     -10.173   3.470  20.504  1.00 36.36           C
ATOM   2015  O   PRO B  46      -9.125   3.762  21.087  1.00 35.60           O
ATOM   2016  CB  PRO B  46     -11.537   5.559  20.865  1.00 41.28           C
ATOM   2017  CG  PRO B  46     -12.362   6.021  22.009  1.00 39.45           C
ATOM   2018  CD  PRO B  46     -12.046   5.080  23.138  1.00 35.28           C
ATOM   2019  N   GLY B  47     -10.225   2.664  19.447  1.00 34.42           N
ATOM   2020  CA  GLY B  47      -9.034   2.100  18.835  1.00 31.31           C
ATOM   2021  C   GLY B  47      -8.501   0.849  19.517  1.00 42.85           C
ATOM   2022  O   GLY B  47      -7.507   0.270  19.074  1.00 30.21           O
ATOM   2023  N   GLN B  48      -9.163   0.425  20.589  1.00 29.62           N
ATOM   2024  CA  GLN B  48      -8.662  -0.672  21.411  1.00 33.47           C
ATOM   2025  C   GLN B  48      -9.588  -1.887  21.411  1.00 33.23           C
ATOM   2026  O   GLN B  48     -10.787  -1.757  21.171  1.00 26.94           O
ATOM   2027  CB  GLN B  48      -8.451  -0.187  22.850  1.00 32.23           C
ATOM   2028  CG  GLN B  48      -7.391   0.893  22.990  1.00 33.96           C
ATOM   2029  CD  GLN B  48      -6.011   0.404  22.590  1.00 43.63           C
ATOM   2030  OE1 GLN B  48      -5.276   1.095  21.885  1.00 42.98           O
ATOM   2031  NE2 GLN B  48      -5.652  -0.796  23.042  1.00 39.16           N
ATOM   2032  N   PRO B  49      -9.032  -3.077  21.691  1.00 30.89           N
ATOM   2033  CA  PRO B  49      -9.885  -4.246  21.918  1.00 26.27           C
ATOM   2034  C   PRO B  49     -10.687  -4.069  23.203  1.00 27.88           C
ATOM   2035  O   PRO B  49     -10.290  -3.264  24.045  1.00 27.50           O
ATOM   2036  CB  PRO B  49      -8.883  -5.396  22.049  1.00 26.15           C
ATOM   2037  CG  PRO B  49      -7.629  -4.740  22.538  1.00 28.99           C
ATOM   2038  CD  PRO B  49      -7.602  -3.394  21.865  1.00 32.59           C
ATOM   2039  N   PRO B  50     -11.803  -4.799  23.351  1.00 25.78           N
ATOM   2040  CA  PRO B  50     -12.539  -4.746  24.621  1.00 23.59           C
ATOM   2041  C   PRO B  50     -11.625  -5.113  25.793  1.00 30.73           C
ATOM   2042  O   PRO B  50     -10.661  -5.859  25.608  1.00 26.96           O
ATOM   2043  CB  PRO B  50     -13.643  -5.791  24.438  1.00 24.85           C
ATOM   2044  CG  PRO B  50     -13.817  -5.908  22.949  1.00 25.66           C
ATOM   2045  CD  PRO B  50     -12.441  -5.694  22.370  1.00 25.19           C
ATOM   2046  N   LYS B  51     -11.909  -4.574  26.972  1.00 27.75           N
ATOM   2047  CA  LYS B  51     -11.131  -4.899  28.158  1.00 25.94           C
ATOM   2048  C   LYS B  51     -12.052  -5.420  29.251  1.00 30.23           C
ATOM   2049  O   LYS B  51     -13.083  -4.818  29.547  1.00 25.89           O
ATOM   2050  CB  LYS B  51     -10.351  -3.680  28.654  1.00 29.25           C
ATOM   2051  CG  LYS B  51      -9.163  -4.045  29.535  1.00 32.02           C
ATOM   2052  CD  LYS B  51      -9.469  -3.859  31.001  1.00 37.80           C
ATOM   2053  CE  LYS B  51      -8.409  -4.533  31.869  1.00 37.22           C
ATOM   2054  NZ  LYS B  51      -8.655  -5.999  32.014  1.00 34.08           N
ATOM   2055  N   LEU B  52     -11.680  -6.547  29.845  1.00 24.57           N
ATOM   2056  CA  LEU B  52     -12.514  -7.177  30.860  1.00 28.11           C
```

```
ATOM   2057  C   LEU B  52     -12.555  -6.335  32.130  1.00 24.97           C
ATOM   2058  O   LEU B  52     -11.514  -5.962  32.663  1.00 30.29           O
ATOM   2059  CB  LEU B  52     -11.998  -8.583  31.172  1.00 26.30           C
ATOM   2060  CG  LEU B  52     -12.775  -9.420  32.190  1.00 32.39           C
ATOM   2061  CD1 LEU B  52     -14.222  -9.597  31.751  1.00 25.02           C
ATOM   2062  CD2 LEU B  52     -12.099 -10.772  32.378  1.00 30.83           C
ATOM   2063  N   LEU B  53     -13.760  -6.030  32.600  1.00 27.61           N
ATOM   2064  CA  LEU B  53     -13.938  -5.297  33.854  1.00 30.52           C
ATOM   2065  C   LEU B  53     -14.434  -6.219  34.956  1.00 31.29           C
ATOM   2066  O   LEU B  53     -13.913  -6.226  36.068  1.00 30.02           O
ATOM   2067  CB  LEU B  53     -14.936  -4.153  33.688  1.00 25.25           C
ATOM   2068  CG  LEU B  53     -14.711  -3.080  32.627  1.00 33.70           C
ATOM   2069  CD1 LEU B  53     -15.917  -2.149  32.611  1.00 26.80           C
ATOM   2070  CD2 LEU B  53     -13.432  -2.308  32.907  1.00 32.50           C
ATOM   2071  N   LEU B  54     -15.460  -6.993  34.631  1.00 28.48           N
ATOM   2072  CA  LEU B  54     -16.169  -7.782  35.623  1.00 30.79           C
ATOM   2073  C   LEU B  54     -16.516  -9.152  35.071  1.00 28.54           C
ATOM   2074  O   LEU B  54     -16.791  -9.294  33.883  1.00 26.65           O
ATOM   2075  CB  LEU B  54     -17.448  -7.055  36.059  1.00 31.42           C
ATOM   2076  CG  LEU B  54     -17.289  -5.722  36.798  1.00 33.30           C
ATOM   2077  CD1 LEU B  54     -18.529  -4.870  36.615  1.00 32.48           C
ATOM   2078  CD2 LEU B  54     -17.052  -5.971  38.268  1.00 34.07           C
ATOM   2079  N   TYR B  55     -16.502 -10.158  35.938  1.00 29.20           N
ATOM   2080  CA  TYR B  55     -17.005 -11.475  35.580  1.00 29.74           C
ATOM   2081  C   TYR B  55     -17.755 -12.043  36.791  1.00 32.63           C
ATOM   2082  O   TYR B  55     -17.726 -11.449  37.872  1.00 31.32           O
ATOM   2083  CB  TYR B  55     -15.869 -12.393  35.101  1.00 28.86           C
ATOM   2084  CG  TYR B  55     -14.714 -12.558  36.065  1.00 30.07           C
ATOM   2085  CD1 TYR B  55     -13.746 -11.572  36.204  1.00 31.15           C
ATOM   2086  CD2 TYR B  55     -14.578 -13.717  36.814  1.00 30.26           C
ATOM   2087  CE1 TYR B  55     -12.686 -11.728  37.088  1.00 34.78           C
ATOM   2088  CE2 TYR B  55     -13.525 -13.886  37.695  1.00 33.93           C
ATOM   2089  CZ  TYR B  55     -12.582 -12.889  37.828  1.00 36.44           C
ATOM   2090  OH  TYR B  55     -11.534 -13.059  38.705  1.00 37.42           O
ATOM   2091  N   TRP B  56     -18.448 -13.165  36.599  1.00 28.09           N
ATOM   2092  CA  TRP B  56     -19.439 -13.657  37.566  1.00 26.67           C
ATOM   2093  C   TRP B  56     -20.387 -12.528  37.984  1.00 27.89           C
ATOM   2094  O   TRP B  56     -20.767 -12.420  39.151  1.00 24.63           O
ATOM   2095  CB  TRP B  56     -18.769 -14.276  38.799  1.00 22.01           C
ATOM   2096  CG  TRP B  56     -17.799 -15.367  38.462  1.00 27.09           C
ATOM   2097  CD1 TRP B  56     -16.475 -15.402  38.777  1.00 26.84           C
ATOM   2098  CD2 TRP B  56     -18.068 -16.569  37.720  1.00 23.97           C
ATOM   2099  NE1 TRP B  56     -15.901 -16.551  38.286  1.00 28.86           N
ATOM   2100  CE2 TRP B  56     -16.857 -17.284  37.633  1.00 25.06           C
ATOM   2101  CE3 TRP B  56     -19.214 -17.112  37.131  1.00 23.47           C
ATOM   2102  CZ2 TRP B  56     -16.758 -18.514  36.983  1.00 28.72           C
ATOM   2103  CZ3 TRP B  56     -19.117 -18.334  36.486  1.00 28.66           C
ATOM   2104  CH2 TRP B  56     -17.896 -19.021  36.414  1.00 29.03           C
ATOM   2105  N   ALA B  57     -20.734 -11.686  37.009  1.00 26.41           N
ATOM   2106  CA  ALA B  57     -21.626 -10.531  37.167  1.00 29.78           C
ATOM   2107  C   ALA B  57     -21.083  -9.421  38.079  1.00 31.22           C
ATOM   2108  O   ALA B  57     -21.331  -8.242  37.817  1.00 35.13           O
ATOM   2109  CB  ALA B  57     -23.008 -10.985  37.667  1.00 27.19           C
ATOM   2110  N   SER B  58     -20.344  -9.767  39.132  1.00 32.27           N
ATOM   2111  CA  SER B  58     -19.992  -8.748  40.125  1.00 31.56           C
ATOM   2112  C   SER B  58     -18.563  -8.741  40.672  1.00 32.07           C
ATOM   2113  O   SER B  58     -18.251  -7.901  41.517  1.00 37.30           O
ATOM   2114  CB  SER B  58     -20.955  -8.849  41.315  1.00 36.25           C
ATOM   2115  OG  SER B  58     -20.817 -10.091  41.985  1.00 37.37           O
ATOM   2116  N   THR B  59     -17.687  -9.640  40.229  1.00 31.17           N
ATOM   2117  CA  THR B  59     -16.319  -9.596  40.759  1.00 29.77           C
ATOM   2118  C   THR B  59     -15.365  -8.910  39.770  1.00 30.97           C
ATOM   2119  O   THR B  59     -15.367  -9.201  38.575  1.00 31.74           O
ATOM   2120  CB  THR B  59     -15.786 -11.014  41.142  1.00 36.77           C
ATOM   2121  OG1 THR B  59     -14.721 -11.403  40.269  1.00 41.80           O
ATOM   2122  CG2 THR B  59     -16.890 -12.053  41.102  1.00 28.98           C
ATOM   2123  N   ARG B  60     -14.565  -7.978  40.284  1.00 32.62           N
ATOM   2124  CA  ARG B  60     -13.693  -7.159  39.449  1.00 36.43           C
ATOM   2125  C   ARG B  60     -12.441  -7.902  39.022  1.00 35.37           C
ATOM   2126  O   ARG B  60     -11.819  -8.588  39.825  1.00 33.08           O
ATOM   2127  CB  ARG B  60     -13.278  -5.877  40.182  1.00 33.09           C
```

```
ATOM   2128  CG  ARG B  60     -14.342  -4.796  40.212  1.00 39.07           C
ATOM   2129  CD  ARG B  60     -13.752  -3.436  40.558  1.00 37.50           C
ATOM   2130  NE  ARG B  60     -12.854  -3.495  41.707  1.00 43.68           N
ATOM   2131  CZ  ARG B  60     -13.259  -3.551  42.971  1.00 51.03           C
ATOM   2132  NH1 ARG B  60     -14.555  -3.560  43.254  1.00 53.34           N
ATOM   2133  NH2 ARG B  60     -12.368  -3.603  43.952  1.00 52.19           N
ATOM   2134  N   GLU B  61     -12.061  -7.747  37.759  1.00 30.40           N
ATOM   2135  CA  GLU B  61     -10.764  -8.235  37.310  1.00 35.70           C
ATOM   2136  C   GLU B  61      -9.659  -7.523  38.077  1.00 35.51           C
ATOM   2137  O   GLU B  61      -9.863  -6.424  38.598  1.00 36.52           O
ATOM   2138  CB  GLU B  61     -10.582  -8.023  35.805  1.00 30.95           C
ATOM   2139  CG  GLU B  61     -10.406  -9.307  35.015  1.00 51.01           C
ATOM   2140  CD  GLU B  61      -9.084 -10.015  35.278  1.00 47.16           C
ATOM   2141  OE1 GLU B  61      -8.884 -10.535  36.397  1.00 57.21           O
ATOM   2142  OE2 GLU B  61      -8.245 -10.063  34.354  1.00 55.45           O
ATOM   2143  N   SER B  62      -8.491  -8.148  38.143  1.00 36.53           N
ATOM   2144  CA  SER B  62      -7.352  -7.559  38.838  1.00 37.86           C
ATOM   2145  C   SER B  62      -6.959  -6.222  38.211  1.00 35.62           C
ATOM   2146  O   SER B  62      -6.919  -6.086  36.992  1.00 34.27           O
ATOM   2147  CB  SER B  62      -6.166  -8.527  38.822  1.00 40.55           C
ATOM   2148  OG  SER B  62      -5.113  -8.060  39.646  1.00 56.20           O
ATOM   2149  N   GLY B  63      -6.690  -5.228  39.049  1.00 32.40           N
ATOM   2150  CA  GLY B  63      -6.280  -3.924  38.561  1.00 32.97           C
ATOM   2151  C   GLY B  63      -7.413  -2.971  38.213  1.00 38.33           C
ATOM   2152  O   GLY B  63      -7.194  -1.767  38.099  1.00 40.50           O
ATOM   2153  N   VAL B  64      -8.624  -3.498  38.045  1.00 31.70           N
ATOM   2154  CA  VAL B  64      -9.780  -2.664  37.711  1.00 30.42           C
ATOM   2155  C   VAL B  64     -10.188  -1.782  38.894  1.00 34.52           C
ATOM   2156  O   VAL B  64     -10.378  -2.279  40.004  1.00 36.24           O
ATOM   2157  CB  VAL B  64     -10.988  -3.525  37.269  1.00 33.44           C
ATOM   2158  CG1 VAL B  64     -12.241  -2.668  37.101  1.00 31.47           C
ATOM   2159  CG2 VAL B  64     -10.668  -4.271  35.985  1.00 30.34           C
ATOM   2160  N   PRO B  65     -10.326  -0.466  38.655  1.00 35.36           N
ATOM   2161  CA  PRO B  65     -10.693   0.500  39.701  1.00 33.81           C
ATOM   2162  C   PRO B  65     -12.039   0.170  40.344  1.00 36.63           C
ATOM   2163  O   PRO B  65     -12.940  -0.301  39.649  1.00 30.63           O
ATOM   2164  CB  PRO B  65     -10.765   1.831  38.946  1.00 31.15           C
ATOM   2165  CG  PRO B  65      -9.947   1.623  37.710  1.00 35.40           C
ATOM   2166  CD  PRO B  65     -10.131   0.182  37.347  1.00 33.17           C
ATOM   2167  N   ASP B  66     -12.177   0.421  41.645  1.00 33.02           N
ATOM   2168  CA  ASP B  66     -13.408   0.069  42.357  1.00 39.73           C
ATOM   2169  C   ASP B  66     -14.599   0.965  41.998  1.00 39.77           C
ATOM   2170  O   ASP B  66     -15.703   0.752  42.499  1.00 35.02           O
ATOM   2171  CB  ASP B  66     -13.180   0.093  43.874  1.00 38.87           C
ATOM   2172  CG  ASP B  66     -12.527   1.374  44.354  1.00 46.60           C
ATOM   2173  OD1 ASP B  66     -12.535   2.376  43.608  1.00 57.95           O
ATOM   2174  OD2 ASP B  66     -12.004   1.377  45.489  1.00 64.41           O
ATOM   2175  N   ARG B  67     -14.376   1.953  41.129  1.00 35.35           N
ATOM   2176  CA  ARG B  67     -15.470   2.752  40.569  1.00 31.85           C
ATOM   2177  C   ARG B  67     -16.456   1.880  39.807  1.00 34.69           C
ATOM   2178  O   ARG B  67     -17.638   2.209  39.698  1.00 35.56           O
ATOM   2179  CB  ARG B  67     -14.947   3.828  39.614  1.00 39.18           C
ATOM   2180  CG  ARG B  67     -13.752   4.611  40.095  1.00 51.83           C
ATOM   2181  CD  ARG B  67     -13.589   5.861  39.242  1.00 57.84           C
ATOM   2182  NE  ARG B  67     -13.490   5.570  37.810  1.00 38.84           N
ATOM   2183  CZ  ARG B  67     -12.335   5.389  37.179  1.00 42.20           C
ATOM   2184  NH1 ARG B  67     -11.197   5.458  37.859  1.00 41.09           N
ATOM   2185  NH2 ARG B  67     -12.314   5.140  35.878  1.00 37.06           N
ATOM   2186  N   PHE B  68     -15.948   0.785  39.245  1.00 28.82           N
ATOM   2187  CA  PHE B  68     -16.759  -0.122  38.443  1.00 36.23           C
ATOM   2188  C   PHE B  68     -17.314  -1.232  39.308  1.00 34.50           C
ATOM   2189  O   PHE B  68     -16.564  -1.931  39.995  1.00 31.34           O
ATOM   2190  CB  PHE B  68     -15.941  -0.727  37.297  1.00 30.38           C
ATOM   2191  CG  PHE B  68     -15.401   0.287  36.337  1.00 34.41           C
ATOM   2192  CD1 PHE B  68     -16.127   0.651  35.215  1.00 31.80           C
ATOM   2193  CD2 PHE B  68     -14.163   0.874  36.551  1.00 34.95           C
ATOM   2194  CE1 PHE B  68     -15.629   1.586  34.328  1.00 29.96           C
ATOM   2195  CE2 PHE B  68     -13.661   1.807  35.666  1.00 35.32           C
ATOM   2196  CZ  PHE B  68     -14.396   2.163  34.554  1.00 31.86           C
ATOM   2197  N   SER B  69     -18.627  -1.408  39.275  1.00 30.82           N
ATOM   2198  CA  SER B  69     -19.228  -2.482  40.044  1.00 30.92           C
```

```
ATOM   2199  C   SER B  69     -20.364  -3.114  39.268  1.00 34.45           C
ATOM   2200  O   SER B  69     -20.998  -2.468  38.430  1.00 35.02           O
ATOM   2201  CB  SER B  69     -19.724  -1.970  41.397  1.00 32.49           C
ATOM   2202  OG  SER B  69     -20.797  -1.062  41.230  1.00 37.05           O
ATOM   2203  N   GLY B  70     -20.610  -4.387  39.550  1.00 30.93           N
ATOM   2204  CA  GLY B  70     -21.673  -5.116  38.896  1.00 28.03           C
ATOM   2205  C   GLY B  70     -22.689  -5.620  39.898  1.00 38.68           C
ATOM   2206  O   GLY B  70     -22.361  -5.887  41.056  1.00 36.13           O
ATOM   2207  N   SER B  71     -23.932  -5.737  39.449  1.00 35.97           N
ATOM   2208  CA  SER B  71     -24.996  -6.282  40.276  1.00 32.81           C
ATOM   2209  C   SER B  71     -26.038  -6.927  39.380  1.00 36.09           C
ATOM   2210  O   SER B  71     -25.980  -6.798  38.157  1.00 36.12           O
ATOM   2211  CB  SER B  71     -25.632  -5.193  41.136  1.00 38.54           C
ATOM   2212  OG  SER B  71     -26.284  -4.232  40.322  1.00 42.67           O
ATOM   2213  N   GLY B  72     -26.996  -7.612  39.992  1.00 35.53           N
ATOM   2214  CA  GLY B  72     -28.054  -8.256  39.242  1.00 32.26           C
ATOM   2215  C   GLY B  72     -28.025  -9.760  39.411  1.00 33.08           C
ATOM   2216  O   GLY B  72     -27.109 -10.312  40.020  1.00 37.03           O
ATOM   2217  N   SER B  73     -29.038 -10.420  38.869  1.00 35.95           N
ATOM   2218  CA  SER B  73     -29.166 -11.861  38.993  1.00 39.04           C
ATOM   2219  C   SER B  73     -30.132 -12.395  37.946  1.00 40.07           C
ATOM   2220  O   SER B  73     -31.042 -11.691  37.512  1.00 40.54           O
ATOM   2221  CB  SER B  73     -29.643 -12.235  40.398  1.00 44.78           C
ATOM   2222  OG  SER B  73     -29.753 -13.638  40.538  1.00 50.73           O
ATOM   2223  N   GLY B  74     -29.920 -13.638  37.531  1.00 41.84           N
ATOM   2224  CA  GLY B  74     -30.816 -14.291  36.597  1.00 37.63           C
ATOM   2225  C   GLY B  74     -30.776 -13.743  35.182  1.00 41.67           C
ATOM   2226  O   GLY B  74     -29.999 -14.211  34.347  1.00 37.99           O
ATOM   2227  N   THR B  75     -31.628 -12.761  34.907  1.00 34.80           N
ATOM   2228  CA  THR B  75     -31.767 -12.239  33.553  1.00 38.56           C
ATOM   2229  C   THR B  75     -31.515 -10.733  33.475  1.00 38.78           C
ATOM   2230  O   THR B  75     -31.439 -10.173  32.384  1.00 44.01           O
ATOM   2231  CB  THR B  75     -33.176 -12.534  32.980  1.00 38.87           C
ATOM   2232  CG2 THR B  75     -33.477 -14.025  33.021  1.00 37.18           C
ATOM   2233  OG1 THR B  75     -34.163 -11.838  33.749  1.00 46.98           O
ATOM   2234  N   ASP B  76     -31.389 -10.083  34.629  1.00 37.55           N
ATOM   2235  CA  ASP B  76     -31.244  -8.628  34.678  1.00 38.55           C
ATOM   2236  C   ASP B  76     -29.989  -8.211  35.414  1.00 30.72           C
ATOM   2237  O   ASP B  76     -29.767  -8.605  36.557  1.00 39.41           O
ATOM   2238  CB  ASP B  76     -32.463  -7.978  35.340  1.00 39.46           C
ATOM   2239  CG  ASP B  76     -33.567  -7.680  34.352  1.00 54.19           C
ATOM   2240  OD2 ASP B  76     -34.444  -8.548  34.149  1.00 61.43           O
ATOM   2241  OD1 ASP B  76     -33.553  -6.575  33.770  1.00 68.17           O
ATOM   2242  N   PHE B  77     -29.173  -7.397  34.756  1.00 32.93           N
ATOM   2243  CA  PHE B  77     -27.890  -6.999  35.314  1.00 34.16           C
ATOM   2244  C   PHE B  77     -27.608  -5.540  35.021  1.00 28.32           C
ATOM   2245  O   PHE B  77     -28.054  -5.005  34.010  1.00 34.43           O
ATOM   2246  CB  PHE B  77     -26.769  -7.870  34.748  1.00 33.65           C
ATOM   2247  CG  PHE B  77     -27.008  -9.340  34.908  1.00 31.73           C
ATOM   2248  CD1 PHE B  77     -26.584 -10.004  36.050  1.00 34.33           C
ATOM   2249  CD2 PHE B  77     -27.663 -10.061  33.924  1.00 30.60           C
ATOM   2250  CE1 PHE B  77     -26.807 -11.363  36.204  1.00 28.94           C
ATOM   2251  CE2 PHE B  77     -27.892 -11.420  34.078  1.00 32.18           C
ATOM   2252  CZ  PHE B  77     -27.463 -12.067  35.215  1.00 28.31           C
ATOM   2253  N   THR B  78     -26.864  -4.894  35.909  1.00 33.91           N
ATOM   2254  CA  THR B  78     -26.454  -3.520  35.673  1.00 36.80           C
ATOM   2255  C   THR B  78     -24.972  -3.332  35.956  1.00 35.53           C
ATOM   2256  O   THR B  78     -24.429  -3.893  36.909  1.00 33.42           O
ATOM   2257  CB  THR B  78     -27.250  -2.514  36.536  1.00 36.13           C
ATOM   2258  CG2 THR B  78     -28.744  -2.790  36.465  1.00 35.39           C
ATOM   2259  OG1 THR B  78     -26.815  -2.600  37.896  1.00 52.08           O
ATOM   2260  N   LEU B  79     -24.321  -2.546  35.108  1.00 33.37           N
ATOM   2261  CA  LEU B  79     -22.978  -2.072  35.382  1.00 32.04           C
ATOM   2262  C   LEU B  79     -23.082  -0.689  36.000  1.00 35.99           C
ATOM   2263  O   LEU B  79     -23.805   0.166  35.494  1.00 30.23           O
ATOM   2264  CB  LEU B  79     -22.138  -2.030  34.105  1.00 32.75           C
ATOM   2265  CG  LEU B  79     -20.814  -1.269  34.215  1.00 31.00           C
ATOM   2266  CD1 LEU B  79     -19.875  -1.948  35.189  1.00 30.67           C
ATOM   2267  CD2 LEU B  79     -20.151  -1.129  32.853  1.00 29.83           C
ATOM   2268  N   THR B  80     -22.379  -0.467  37.102  1.00 37.73           N
ATOM   2269  CA  THR B  80     -22.390   0.852  37.711  1.00 37.01           C
```

```
ATOM   2270  C   THR B  80     -20.999   1.468  37.726  1.00 37.89           C
ATOM   2271  O   THR B  80     -20.044   0.876  38.229  1.00 33.52           O
ATOM   2272  CB  THR B  80     -22.938   0.816  39.152  1.00 47.22           C
ATOM   2273  CG2 THR B  80     -22.815   2.194  39.802  1.00 42.48           C
ATOM   2274  OG1 THR B  80     -24.316   0.427  39.130  1.00 44.17           O
ATOM   2275  N   ILE B  81     -20.893   2.659  37.152  1.00 36.66           N
ATOM   2276  CA  ILE B  81     -19.699   3.464  37.321  1.00 35.94           C
ATOM   2277  C   ILE B  81     -20.013   4.576  38.308  1.00 41.22           C
ATOM   2278  O   ILE B  81     -20.729   5.527  37.984  1.00 39.45           O
ATOM   2279  CB  ILE B  81     -19.206   4.068  35.997  1.00 29.74           C
ATOM   2280  CG1 ILE B  81     -19.077   2.986  34.927  1.00 31.37           C
ATOM   2281  CG2 ILE B  81     -17.875   4.784  36.204  1.00 37.10           C
ATOM   2282  CD1 ILE B  81     -18.674   3.527  33.563  1.00 36.05           C
ATOM   2283  N   SER B  82     -19.506   4.442  39.525  1.00 36.61           N
ATOM   2284  CA  SER B  82     -19.621   5.521  40.489  1.00 47.92           C
ATOM   2285  C   SER B  82     -18.478   6.491  40.221  1.00 54.74           C
ATOM   2286  O   SER B  82     -17.328   6.069  40.079  1.00 68.40           O
ATOM   2287  CB  SER B  82     -19.571   4.991  41.921  1.00 38.83           C
ATOM   2288  OG  SER B  82     -18.240   4.674  42.287  1.00 41.65           O
ATOM   2289  N   SER B  83     -18.803   7.776  40.124  1.00 52.26           N
ATOM   2290  CA  SER B  83     -17.818   8.825  39.853  1.00 47.12           C
ATOM   2291  C   SER B  83     -17.144   8.663  38.481  1.00 47.93           C
ATOM   2292  O   SER B  83     -15.999   8.217  38.381  1.00 37.39           O
ATOM   2293  CB  SER B  83     -16.763   8.864  40.962  1.00 42.74           C
ATOM   2294  OG  SER B  83     -15.929  10.003  40.831  1.00 61.34           O
ATOM   2295  N   LEU B  84     -17.862   9.054  37.432  1.00 39.91           N
ATOM   2296  CA  LEU B  84     -17.373   8.932  36.061  1.00 40.35           C
ATOM   2297  C   LEU B  84     -16.120   9.777  35.825  1.00 43.92           C
ATOM   2298  O   LEU B  84     -16.079  10.954  36.188  1.00 32.91           O
ATOM   2299  CB  LEU B  84     -18.470   9.334  35.072  1.00 36.00           C
ATOM   2300  CG  LEU B  84     -18.281   8.902  33.616  1.00 40.11           C
ATOM   2301  CD1 LEU B  84     -18.455   7.396  33.472  1.00 34.46           C
ATOM   2302  CD2 LEU B  84     -19.246   9.639  32.702  1.00 39.38           C
ATOM   2303  N   GLN B  85     -15.103   9.166  35.221  1.00 35.37           N
ATOM   2304  CA  GLN B  85     -13.839   9.844  34.940  1.00 35.03           C
ATOM   2305  C   GLN B  85     -13.682  10.088  33.432  1.00 35.85           C
ATOM   2306  O   GLN B  85     -14.311   9.400  32.627  1.00 30.69           O
ATOM   2307  CB  GLN B  85     -12.665   9.023  35.484  1.00 33.69           C
ATOM   2308  CG  GLN B  85     -12.719   8.782  36.990  1.00 39.42           C
ATOM   2309  CD  GLN B  85     -12.651  10.069  37.795  1.00 43.01           C
ATOM   2310  NE2 GLN B  85     -13.732  10.386  38.500  1.00 38.02           N
ATOM   2311  OE1 GLN B  85     -11.640  10.772  37.778  1.00 40.65           O
ATOM   2312  N   PRO B  86     -12.857  11.082  33.046  1.00 33.28           N
ATOM   2313  CA  PRO B  86     -12.643  11.413  31.631  1.00 31.64           C
ATOM   2314  C   PRO B  86     -12.220  10.209  30.792  1.00 35.32           C
ATOM   2315  O   PRO B  86     -12.635  10.093  29.641  1.00 30.64           O
ATOM   2316  CB  PRO B  86     -11.520  12.456  31.681  1.00 34.31           C
ATOM   2317  CG  PRO B  86     -11.690  13.108  33.001  1.00 42.02           C
ATOM   2318  CD  PRO B  86     -12.146  12.020  33.936  1.00 35.55           C
ATOM   2319  N   GLU B  87     -11.423   9.316  31.373  1.00 32.17           N
ATOM   2320  CA  GLU B  87     -10.921   8.161  30.637  1.00 31.69           C
ATOM   2321  C   GLU B  87     -11.975   7.063  30.470  1.00 31.13           C
ATOM   2322  O   GLU B  87     -11.744   6.086  29.761  1.00 31.02           O
ATOM   2323  CB  GLU B  87      -9.681   7.583  31.327  1.00 32.83           C
ATOM   2324  CG  GLU B  87      -9.941   6.983  32.703  1.00 34.70           C
ATOM   2325  CD  GLU B  87      -9.628   7.950  33.834  1.00 47.47           C
ATOM   2326  OE1 GLU B  87      -9.890   9.166  33.681  1.00 39.21           O
ATOM   2327  OE2 GLU B  87      -9.111   7.486  34.876  1.00 49.29           O
ATOM   2328  N   ASP B  88     -13.131   7.227  31.108  1.00 28.67           N
ATOM   2329  CA  ASP B  88     -14.175   6.210  31.053  1.00 29.26           C
ATOM   2330  C   ASP B  88     -15.032   6.315  29.787  1.00 31.41           C
ATOM   2331  O   ASP B  88     -15.961   5.532  29.602  1.00 31.09           O
ATOM   2332  CB  ASP B  88     -15.070   6.293  32.295  1.00 32.59           C
ATOM   2333  CG  ASP B  88     -14.287   6.153  33.595  1.00 39.45           C
ATOM   2334  OD1 ASP B  88     -13.166   5.597  33.565  1.00 34.75           O
ATOM   2335  OD2 ASP B  88     -14.794   6.595  34.650  1.00 40.00           O
ATOM   2336  N   VAL B  89     -14.725   7.276  28.920  1.00 27.74           N
ATOM   2337  CA  VAL B  89     -15.437   7.395  27.648  1.00 29.97           C
ATOM   2338  C   VAL B  89     -15.162   6.169  26.783  1.00 26.75           C
ATOM   2339  O   VAL B  89     -14.020   5.928  26.391  1.00 32.52           O
ATOM   2340  CB  VAL B  89     -15.029   8.662  26.862  1.00 36.47           C
```

```
ATOM   2341  CG1 VAL B  89     -15.785   8.732  25.538  1.00 36.88           C
ATOM   2342  CG2 VAL B  89     -15.281   9.908  27.681  1.00 41.88           C
ATOM   2343  N   ALA B  90     -16.209   5.410  26.479  1.00 25.10           N
ATOM   2344  CA  ALA B  90     -16.063   4.149  25.764  1.00 28.51           C
ATOM   2345  C   ALA B  90     -17.410   3.508  25.491  1.00 30.70           C
ATOM   2346  O   ALA B  90     -18.448   3.995  25.943  1.00 27.64           O
ATOM   2347  CB  ALA B  90     -15.185   3.178  26.561  1.00 30.46           C
ATOM   2348  N   VAL B  91     -17.377   2.401  24.755  1.00 29.92           N
ATOM   2349  CA  VAL B  91     -18.539   1.542  24.606  1.00 28.27           C
ATOM   2350  C   VAL B  91     -18.425   0.364  25.573  1.00 33.48           C
ATOM   2351  O   VAL B  91     -17.368  -0.265  25.684  1.00 25.89           O
ATOM   2352  CB  VAL B  91     -18.683   1.024  23.172  1.00 28.97           C
ATOM   2353  CG1 VAL B  91     -19.940   0.178  23.045  1.00 28.55           C
ATOM   2354  CG2 VAL B  91     -18.723   2.194  22.196  1.00 29.32           C
ATOM   2355  N   TYR B  92     -19.511   0.077  26.281  1.00 29.51           N
ATOM   2356  CA  TYR B  92     -19.509  -0.993  27.267  1.00 29.47           C
ATOM   2357  C   TYR B  92     -20.379  -2.148  26.793  1.00 33.18           C
ATOM   2358  O   TYR B  92     -21.477  -1.945  26.267  1.00 29.29           O
ATOM   2359  CB  TYR B  92     -19.978  -0.472  28.630  1.00 23.56           C
ATOM   2360  CG  TYR B  92     -19.010   0.510  29.254  1.00 27.95           C
ATOM   2361  CD2 TYR B  92     -18.114   0.104  30.236  1.00 31.49           C
ATOM   2362  CD1 TYR B  92     -18.978   1.841  28.848  1.00 28.41           C
ATOM   2363  CE2 TYR B  92     -17.222   0.995  30.808  1.00 26.89           C
ATOM   2364  CE1 TYR B  92     -18.086   2.740  29.411  1.00 25.28           C
ATOM   2365  CZ  TYR B  92     -17.213   2.309  30.387  1.00 27.09           C
ATOM   2366  OH  TYR B  92     -16.325   3.190  30.940  1.00 27.92           O
ATOM   2367  N   TYR B  93     -19.863  -3.361  26.962  1.00 27.67           N
ATOM   2368  CA  TYR B  93     -20.548  -4.569  26.524  1.00 26.66           C
ATOM   2369  C   TYR B  93     -20.725  -5.548  27.673  1.00 29.56           C
ATOM   2370  O   TYR B  93     -19.802  -5.759  28.458  1.00 27.75           O
ATOM   2371  CB  TYR B  93     -19.765  -5.270  25.412  1.00 25.28           C
ATOM   2372  CG  TYR B  93     -19.615  -4.503  24.125  1.00 28.54           C
ATOM   2373  CD2 TYR B  93     -20.529  -4.662  23.090  1.00 26.88           C
ATOM   2374  CD1 TYR B  93     -18.540  -3.644  23.928  1.00 27.13           C
ATOM   2375  CE2 TYR B  93     -20.386  -3.973  21.899  1.00 32.89           C
ATOM   2376  CE1 TYR B  93     -18.385  -2.955  22.743  1.00 29.51           C
ATOM   2377  CZ  TYR B  93     -19.309  -3.123  21.731  1.00 32.69           C
ATOM   2378  OH  TYR B  93     -19.161  -2.436  20.550  1.00 33.36           O
ATOM   2379  N   CYS B  94     -21.901  -6.157  27.762  1.00 25.68           N
ATOM   2380  CA  CYS B  94     -22.079  -7.300  28.644  1.00 25.53           C
ATOM   2381  C   CYS B  94     -21.899  -8.557  27.810  1.00 28.07           C
ATOM   2382  O   CYS B  94     -22.013  -8.516  26.585  1.00 28.25           O
ATOM   2383  CB  CYS B  94     -23.450  -7.282  29.329  1.00 30.94           C
ATOM   2384  SG  CYS B  94     -24.873  -7.383  28.210  1.00 35.78           S
ATOM   2385  N   GLN B  95     -21.606  -9.671  28.468  1.00 25.81           N
ATOM   2386  CA  GLN B  95     -21.373 -10.920  27.758  1.00 28.41           C
ATOM   2387  C   GLN B  95     -21.819 -12.093  28.612  1.00 24.10           C
ATOM   2388  O   GLN B  95     -21.476 -12.169  29.789  1.00 33.33           O
ATOM   2389  CB  GLN B  95     -19.891 -11.065  27.391  1.00 24.57           C
ATOM   2390  CG  GLN B  95     -19.574 -12.277  26.523  1.00 27.70           C
ATOM   2391  CD  GLN B  95     -18.497 -13.168  27.121  1.00 30.66           C
ATOM   2392  NE2 GLN B  95     -18.756 -14.468  27.147  1.00 41.67           N
ATOM   2393  OE1 GLN B  95     -17.452 -12.695  27.557  1.00 36.39           O
ATOM   2394  N   GLN B  96     -22.584 -13.008  28.031  1.00 30.99           N
ATOM   2395  CA  GLN B  96     -22.926 -14.232  28.748  1.00 28.28           C
ATOM   2396  C   GLN B  96     -21.986 -15.347  28.313  1.00 31.50           C
ATOM   2397  O   GLN B  96     -21.612 -15.447  27.141  1.00 27.92           O
ATOM   2398  CB  GLN B  96     -24.392 -14.630  28.517  1.00 24.83           C
ATOM   2399  CG  GLN B  96     -24.737 -15.108  27.104  1.00 28.68           C
ATOM   2400  CD  GLN B  96     -24.439 -16.586  26.876  1.00 32.36           C
ATOM   2401  NE2 GLN B  96     -24.396 -16.992  25.611  1.00 32.40           N
ATOM   2402  OE1 GLN B  96     -24.241 -17.348  27.826  1.00 32.56           O
ATOM   2403  N   TYR B  97     -21.592 -16.182  29.261  1.00 26.53           N
ATOM   2404  CA  TYR B  97     -20.838 -17.370  28.918  1.00 30.75           C
ATOM   2405  C   TYR B  97     -21.465 -18.571  29.608  1.00 31.37           C
ATOM   2406  O   TYR B  97     -20.778 -19.519  29.989  1.00 28.22           O
ATOM   2407  CB  TYR B  97     -19.367 -17.209  29.294  1.00 27.16           C
ATOM   2408  CG  TYR B  97     -19.121 -16.745  30.714  1.00 30.11           C
ATOM   2409  CD2 TYR B  97     -18.893 -17.661  31.737  1.00 25.04           C
ATOM   2410  CD1 TYR B  97     -19.093 -15.390  31.026  1.00 26.12           C
ATOM   2411  CE2 TYR B  97     -18.650 -17.239  33.033  1.00 26.05           C
```

```
ATOM   2412  CE1 TYR B  97     -18.856 -14.960  32.316  1.00 30.26           C
ATOM   2413  CZ  TYR B  97     -18.634 -15.887  33.314  1.00 28.89           C
ATOM   2414  OH  TYR B  97     -18.396 -15.458  34.597  1.00 29.84           O
ATOM   2415  N   TYR B  98     -22.784 -18.510  29.762  1.00 37.70           N
ATOM   2416  CA  TYR B  98     -23.553 -19.601  30.349  1.00 32.36           C
ATOM   2417  C   TYR B  98     -23.579 -20.801  29.410  1.00 37.08           C
ATOM   2418  O   TYR B  98     -23.446 -21.942  29.849  1.00 37.43           O
ATOM   2419  CB  TYR B  98     -24.981 -19.153  30.672  1.00 32.63           C
ATOM   2420  CG  TYR B  98     -25.769 -20.191  31.440  1.00 40.80           C
ATOM   2421  CD1 TYR B  98     -25.434 -20.511  32.750  1.00 39.01           C
ATOM   2422  CD2 TYR B  98     -26.844 -20.853  30.857  1.00 44.09           C
ATOM   2423  CE1 TYR B  98     -26.146 -21.462  33.461  1.00 46.24           C
ATOM   2424  CE2 TYR B  98     -27.566 -21.807  31.563  1.00 46.44           C
ATOM   2425  CZ  TYR B  98     -27.209 -22.107  32.864  1.00 48.82           C
ATOM   2426  OH  TYR B  98     -27.913 -23.052  33.574  1.00 61.88           O
ATOM   2427  N   ASN B  99     -23.758 -20.542  28.117  1.00 36.19           N
ATOM   2428  CA  ASN B  99     -23.611 -21.596  27.119  1.00 44.15           C
ATOM   2429  C   ASN B  99     -23.116 -21.074  25.778  1.00 42.06           C
ATOM   2430  O   ASN B  99     -23.118 -19.868  25.521  1.00 43.16           O
ATOM   2431  CB  ASN B  99     -24.927 -22.361  26.924  1.00 49.30           C
ATOM   2432  CG  ASN B  99     -26.102 -21.455  26.600  1.00 51.38           C
ATOM   2433  OD1 ASN B  99     -27.134 -21.508  27.271  1.00 68.12           O
ATOM   2434  ND2 ASN B  99     -25.959 -20.628  25.568  1.00 49.12           N
ATOM   2435  N   THR B 100     -22.700 -22.001  24.924  1.00 38.31           N
ATOM   2436  CA  THR B 100     -22.195 -21.657  23.607  1.00 37.71           C
ATOM   2437  C   THR B 100     -23.339 -21.679  22.601  1.00 36.72           C
ATOM   2438  O   THR B 100     -24.243 -22.506  22.713  1.00 45.21           O
ATOM   2439  CB  THR B 100     -21.076 -22.618  23.173  1.00 40.81           C
ATOM   2440  OG1 THR B 100     -21.540 -23.966  23.286  1.00 41.71           O
ATOM   2441  CG2 THR B 100     -19.855 -22.442  24.069  1.00 34.33           C
ATOM   2442  N   PRO B 101     -23.313 -20.765  21.617  1.00 37.91           N
ATOM   2443  CA  PRO B 101     -22.253 -19.773  21.404  1.00 35.04           C
ATOM   2444  C   PRO B 101     -22.295 -18.613  22.395  1.00 38.94           C
ATOM   2445  O   PRO B 101     -23.368 -18.135  22.774  1.00 33.27           O
ATOM   2446  CB  PRO B 101     -22.526 -19.273  19.983  1.00 36.11           C
ATOM   2447  CG  PRO B 101     -24.004 -19.394  19.839  1.00 36.49           C
ATOM   2448  CD  PRO B 101     -24.388 -20.638  20.615  1.00 42.27           C
ATOM   2449  N   VAL B 102     -21.111 -18.192  22.823  1.00 35.40           N
ATOM   2450  CA  VAL B 102     -20.943 -16.980  23.610  1.00 34.45           C
ATOM   2451  C   VAL B 102     -21.531 -15.794  22.858  1.00 35.11           C
ATOM   2452  O   VAL B 102     -21.300 -15.643  21.659  1.00 30.87           O
ATOM   2453  CB  VAL B 102     -19.454 -16.735  23.911  1.00 38.34           C
ATOM   2454  CG1 VAL B 102     -19.155 -15.250  24.058  1.00 41.39           C
ATOM   2455  CG2 VAL B 102     -19.046 -17.509  25.142  1.00 38.42           C
ATOM   2456  N   THR B 103     -22.307 -14.966  23.549  1.00 28.91           N
ATOM   2457  CA  THR B 103     -22.929 -13.817  22.901  1.00 32.04           C
ATOM   2458  C   THR B 103     -22.740 -12.532  23.711  1.00 33.94           C
ATOM   2459  O   THR B 103     -22.715 -12.554  24.945  1.00 30.64           O
ATOM   2460  CB  THR B 103     -24.437 -14.054  22.659  1.00 33.42           C
ATOM   2461  CG2 THR B 103     -24.658 -15.178  21.636  1.00 30.57           C
ATOM   2462  OG1 THR B 103     -25.068 -14.415  23.890  1.00 35.52           O
ATOM   2463  N   PHE B 104     -22.594 -11.419  22.996  1.00 27.76           N
ATOM   2464  CA  PHE B 104     -22.429 -10.102  23.604  1.00 32.55           C
ATOM   2465  C   PHE B 104     -23.693  -9.274  23.430  1.00 34.05           C
ATOM   2466  O   PHE B 104     -24.481  -9.520  22.519  1.00 32.37           O
ATOM   2467  CB  PHE B 104     -21.257  -9.342  22.971  1.00 30.42           C
ATOM   2468  CG  PHE B 104     -19.915  -9.986  23.175  1.00 30.59           C
ATOM   2469  CD1 PHE B 104     -19.531 -11.079  22.417  1.00 27.18           C
ATOM   2470  CD2 PHE B 104     -19.019  -9.467  24.094  1.00 30.39           C
ATOM   2471  CE1 PHE B 104     -18.289 -11.660  22.590  1.00 31.59           C
ATOM   2472  CE2 PHE B 104     -17.775 -10.044  24.274  1.00 31.20           C
ATOM   2473  CZ  PHE B 104     -17.411 -11.144  23.519  1.00 33.50           C
ATOM   2474  N   GLY B 105     -23.873  -8.278  24.291  1.00 34.23           N
ATOM   2475  CA  GLY B 105     -24.878  -7.258  24.057  1.00 26.27           C
ATOM   2476  C   GLY B 105     -24.415  -6.334  22.941  1.00 34.89           C
ATOM   2477  O   GLY B 105     -23.264  -6.413  22.509  1.00 31.29           O
ATOM   2478  N   PRO B 106     -25.307  -5.447  22.470  1.00 35.38           N
ATOM   2479  CA  PRO B 106     -25.028  -4.559  21.336  1.00 33.90           C
ATOM   2480  C   PRO B 106     -24.100  -3.399  21.689  1.00 32.12           C
ATOM   2481  O   PRO B 106     -23.610  -2.715  20.794  1.00 34.27           O
ATOM   2482  CB  PRO B 106     -26.417  -4.037  20.956  1.00 29.01           C
```

```
ATOM   2483  CG  PRO B 106     -27.173  -4.053  22.248  1.00 37.44           C
ATOM   2484  CD  PRO B 106     -26.676  -5.267  22.989  1.00 33.03           C
ATOM   2485  N   GLY B 107     -23.874  -3.177  22.978  1.00 34.23           N
ATOM   2486  CA  GLY B 107     -22.984  -2.120  23.415  1.00 34.20           C
ATOM   2487  C   GLY B 107     -23.701  -0.843  23.807  1.00 34.29           C
ATOM   2488  O   GLY B 107     -24.725  -0.489  23.230  1.00 37.38           O
ATOM   2489  N   THR B 108     -23.149  -0.148  24.795  1.00 33.98           N
ATOM   2490  CA  THR B 108     -23.695   1.121  25.256  1.00 35.86           C
ATOM   2491  C   THR B 108     -22.617   2.190  25.231  1.00 33.06           C
ATOM   2492  O   THR B 108     -21.586   2.039  25.886  1.00 33.05           O
ATOM   2493  CB  THR B 108     -24.251   1.016  26.690  1.00 31.62           C
ATOM   2494  CG2 THR B 108     -24.619   2.395  27.221  1.00 36.86           C
ATOM   2495  OG1 THR B 108     -25.406   0.174  26.702  1.00 36.12           O
ATOM   2496  N   LYS B 109     -22.847   3.271  24.493  1.00 28.00           N
ATOM   2497  CA  LYS B 109     -21.850   4.337  24.418  1.00 33.62           C
ATOM   2498  C   LYS B 109     -21.956   5.254  25.634  1.00 38.15           C
ATOM   2499  O   LYS B 109     -23.026   5.786  25.931  1.00 41.81           O
ATOM   2500  CB  LYS B 109     -22.008   5.142  23.124  1.00 36.39           C
ATOM   2501  CG  LYS B 109     -22.625   4.343  21.980  1.00 56.96           C
ATOM   2502  CD  LYS B 109     -21.807   4.421  20.696  1.00 56.13           C
ATOM   2503  CE  LYS B 109     -21.884   5.792  20.054  1.00 62.08           C
ATOM   2504  NZ  LYS B 109     -21.138   5.822  18.763  1.00 74.82           N
ATOM   2505  N   VAL B 110     -20.848   5.420  26.348  1.00 32.23           N
ATOM   2506  CA  VAL B 110     -20.804   6.345  27.474  1.00 29.73           C
ATOM   2507  C   VAL B 110     -19.884   7.524  27.185  1.00 32.33           C
ATOM   2508  O   VAL B 110     -18.699   7.340  26.904  1.00 33.08           O
ATOM   2509  CB  VAL B 110     -20.328   5.659  28.765  1.00 31.47           C
ATOM   2510  CG1 VAL B 110     -20.223   6.678  29.886  1.00 29.96           C
ATOM   2511  CG2 VAL B 110     -21.270   4.525  29.142  1.00 34.90           C
ATOM   2512  N   GLY B 111     -20.440   8.730  27.249  1.00 29.76           N
ATOM   2513  CA  GLY B 111     -19.666   9.945  27.076  1.00 29.88           C
ATOM   2514  C   GLY B 111     -19.749  10.757  28.351  1.00 39.68           C
ATOM   2515  O   GLY B 111     -20.459  10.374  29.280  1.00 39.37           O
ATOM   2516  N   ILE B 112     -19.030  11.872  28.416  1.00 31.76           N
ATOM   2517  CA  ILE B 112     -19.082  12.697  29.613  1.00 36.49           C
ATOM   2518  C   ILE B 112     -19.508  14.132  29.295  1.00 41.86           C
ATOM   2519  O   ILE B 112     -19.221  14.665  28.216  1.00 33.11           O
ATOM   2520  CB  ILE B 112     -17.720  12.704  30.366  1.00 36.62           C
ATOM   2521  CG1 ILE B 112     -16.745  13.711  29.766  1.00 42.34           C
ATOM   2522  CG2 ILE B 112     -17.105  11.311  30.403  1.00 53.62           C
ATOM   2523  CD1 ILE B 112     -16.711  15.042  30.519  1.00 54.93           C
ATOM   2524  O   LYS B 113     -19.210  16.754  32.044  1.00 44.16           O
ATOM   2525  N   LYS B 113     -20.201  14.744  30.251  1.00 37.92           N
ATOM   2526  CA  LYS B 113     -20.582  16.147  30.170  1.00 39.34           C
ATOM   2527  C   LYS B 113     -19.560  17.015  30.892  1.00 43.78           C
ATOM   2528  CB  LYS B 113     -21.965  16.381  30.778  1.00 41.17           C
ATOM   2529  CG  LYS B 113     -23.120  15.740  30.040  1.00 40.99           C
ATOM   2530  CD  LYS B 113     -24.434  16.062  30.750  1.00 46.55           C
ATOM   2531  CE  LYS B 113     -25.614  15.365  30.094  1.00 50.82           C
ATOM   2532  NZ  LYS B 113     -26.868  15.545  30.882  1.00 66.34           N
ATOM   2533  O   ARG B 114     -19.706  20.614  29.907  1.00 33.63           O
ATOM   2534  N   ARG B 114     -19.080  18.045  30.208  1.00 37.75           N
ATOM   2535  CA  ARG B 114     -18.179  19.009  30.821  1.00 32.69           C
ATOM   2536  C   ARG B 114     -18.661  20.423  30.526  1.00 32.37           C
ATOM   2537  CB  ARG B 114     -16.747  18.815  30.316  1.00 29.43           C
ATOM   2538  CG  ARG B 114     -16.605  18.850  28.801  1.00 32.96           C
ATOM   2539  CD  ARG B 114     -15.228  19.372  28.400  1.00 29.78           C
ATOM   2540  NE  ARG B 114     -15.053  20.768  28.793  1.00 30.75           N
ATOM   2541  CZ  ARG B 114     -13.893  21.418  28.775  1.00 35.05           C
ATOM   2542  NH1 ARG B 114     -13.841  22.691  29.144  1.00 37.02           N
ATOM   2543  NH2 ARG B 114     -12.784  20.801  28.392  1.00 37.36           N
ATOM   2544  O   THR B 115     -17.390  22.466  28.475  1.00 30.86           O
ATOM   2545  N   THR B 115     -17.898  21.413  30.968  1.00 34.13           N
ATOM   2546  CA  THR B 115     -18.244  22.800  30.701  1.00 37.77           C
ATOM   2547  C   THR B 115     -18.146  23.108  29.207  1.00 38.67           C
ATOM   2548  CB  THR B 115     -17.336  23.763  31.484  1.00 35.59           C
ATOM   2549  OG1 THR B 115     -15.972  23.545  31.106  1.00 34.24           O
ATOM   2550  CG2 THR B 115     -17.485  23.531  32.986  1.00 28.14           C
ATOM   2551  N   VAL B 116     -18.932  24.080  28.762  1.00 39.57           N
ATOM   2552  CA  VAL B 116     -18.884  24.545  27.383  1.00 35.06           C
ATOM   2553  C   VAL B 116     -17.491  25.075  27.047  1.00 35.92           C
```

```
ATOM   2554  O   VAL B 116     -16.872  25.772  27.855  1.00 32.43           O
ATOM   2555  CB  VAL B 116     -19.938  25.649  27.133  1.00 35.82           C
ATOM   2556  CG1 VAL B 116     -19.734  26.295  25.778  1.00 33.41           C
ATOM   2557  CG2 VAL B 116     -21.347  25.082  27.253  1.00 29.35           C
ATOM   2558  N   ALA B 117     -16.991  24.725  25.865  1.00 29.09           N
ATOM   2559  CA  ALA B 117     -15.719  25.259  25.387  1.00 27.87           C
ATOM   2560  C   ALA B 117     -15.829  25.618  23.913  1.00 34.19           C
ATOM   2561  O   ALA B 117     -16.203  24.779  23.088  1.00 29.90           O
ATOM   2562  CB  ALA B 117     -14.589  24.258  25.615  1.00 30.76           C
ATOM   2563  N   ALA B 118     -15.522  26.870  23.588  1.00 32.82           N
ATOM   2564  CA  ALA B 118     -15.615  27.347  22.212  1.00 34.29           C
ATOM   2565  C   ALA B 118     -14.474  26.788  21.370  1.00 29.81           C
ATOM   2566  O   ALA B 118     -13.357  26.625  21.858  1.00 31.85           O
ATOM   2567  CB  ALA B 118     -15.614  28.877  22.173  1.00 29.49           C
ATOM   2568  N   PRO B 119     -14.753  26.481  20.097  1.00 31.49           N
ATOM   2569  CA  PRO B 119     -13.680  25.979  19.237  1.00 32.80           C
ATOM   2570  C   PRO B 119     -12.745  27.089  18.790  1.00 34.11           C
ATOM   2571  O   PRO B 119     -13.190  28.218  18.601  1.00 30.89           O
ATOM   2572  CB  PRO B 119     -14.436  25.404  18.039  1.00 29.59           C
ATOM   2573  CG  PRO B 119     -15.668  26.247  17.957  1.00 33.03           C
ATOM   2574  CD  PRO B 119     -16.043  26.559  19.386  1.00 30.58           C
ATOM   2575  N   SER B 120     -11.467  26.769  18.635  1.00 29.42           N
ATOM   2576  CA  SER B 120     -10.567  27.624  17.878  1.00 36.74           C
ATOM   2577  C   SER B 120     -10.661  27.181  16.418  1.00 34.59           C
ATOM   2578  O   SER B 120     -10.687  25.983  16.131  1.00 33.48           O
ATOM   2579  CB  SER B 120      -9.135  27.531  18.407  1.00 31.92           C
ATOM   2580  OG  SER B 120      -8.627  26.219  18.245  1.00 50.83           O
ATOM   2581  N   VAL B 121     -10.734  28.139  15.499  1.00 34.03           N
ATOM   2582  CA  VAL B 121     -11.015  27.831  14.096  1.00 29.08           C
ATOM   2583  C   VAL B 121      -9.845  28.195  13.179  1.00 31.62           C
ATOM   2584  O   VAL B 121      -9.239  29.257  13.314  1.00 33.72           O
ATOM   2585  CB  VAL B 121     -12.300  28.560  13.616  1.00 30.04           C
ATOM   2586  CG1 VAL B 121     -12.663  28.158  12.193  1.00 30.45           C
ATOM   2587  CG2 VAL B 121     -13.460  28.259  14.551  1.00 31.72           C
ATOM   2588  N   PHE B 122      -9.534  27.295  12.251  1.00 27.86           N
ATOM   2589  CA  PHE B 122      -8.463  27.498  11.283  1.00 29.57           C
ATOM   2590  C   PHE B 122      -8.935  27.084   9.890  1.00 39.92           C
ATOM   2591  O   PHE B 122      -9.622  26.068   9.734  1.00 34.52           O
ATOM   2592  CB  PHE B 122      -7.215  26.689  11.663  1.00 36.36           C
ATOM   2593  CG  PHE B 122      -6.747  26.906  13.078  1.00 32.19           C
ATOM   2594  CD1 PHE B 122      -7.271  26.158  14.117  1.00 36.97           C
ATOM   2595  CD2 PHE B 122      -5.770  27.847  13.362  1.00 34.40           C
ATOM   2596  CE1 PHE B 122      -6.836  26.352  15.419  1.00 41.91           C
ATOM   2597  CE2 PHE B 122      -5.330  28.044  14.661  1.00 36.84           C
ATOM   2598  CZ  PHE B 122      -5.864  27.294  15.689  1.00 37.49           C
ATOM   2599  N   ILE B 123      -8.566  27.862   8.879  1.00 28.07           N
ATOM   2600  CA  ILE B 123      -8.915  27.528   7.505  1.00 32.41           C
ATOM   2601  C   ILE B 123      -7.636  27.277   6.701  1.00 32.00           C
ATOM   2602  O   ILE B 123      -6.622  27.942   6.907  1.00 31.75           O
ATOM   2603  CB  ILE B 123      -9.777  28.646   6.846  1.00 28.87           C
ATOM   2604  CG1 ILE B 123     -10.347  28.183   5.502  1.00 32.47           C
ATOM   2605  CG2 ILE B 123      -8.985  29.938   6.700  1.00 28.48           C
ATOM   2606  CD1 ILE B 123     -11.358  29.154   4.896  1.00 31.95           C
ATOM   2607  N   PHE B 124      -7.679  26.291   5.811  1.00 31.26           N
ATOM   2608  CA  PHE B 124      -6.514  25.928   5.009  1.00 30.58           C
ATOM   2609  C   PHE B 124      -6.854  25.944   3.523  1.00 35.12           C
ATOM   2610  O   PHE B 124      -7.774  25.250   3.089  1.00 33.03           O
ATOM   2611  CB  PHE B 124      -5.992  24.540   5.390  1.00 32.40           C
ATOM   2612  CG  PHE B 124      -5.566  24.410   6.825  1.00 32.10           C
ATOM   2613  CD1 PHE B 124      -4.314  24.842   7.232  1.00 31.26           C
ATOM   2614  CD2 PHE B 124      -6.407  23.820   7.759  1.00 31.84           C
ATOM   2615  CE1 PHE B 124      -3.913  24.711   8.549  1.00 34.33           C
ATOM   2616  CE2 PHE B 124      -6.015  23.684   9.076  1.00 34.28           C
ATOM   2617  CZ  PHE B 124      -4.765  24.133   9.474  1.00 35.30           C
ATOM   2618  N   PRO B 125      -6.107  26.731   2.734  1.00 37.67           N
ATOM   2619  CA  PRO B 125      -6.296  26.753   1.278  1.00 33.34           C
ATOM   2620  C   PRO B 125      -5.816  25.454   0.646  1.00 32.58           C
ATOM   2621  O   PRO B 125      -4.996  24.766   1.247  1.00 29.20           O
ATOM   2622  CB  PRO B 125      -5.422  27.930   0.816  1.00 33.45           C
ATOM   2623  CG  PRO B 125      -5.036  28.671   2.074  1.00 39.04           C
ATOM   2624  CD  PRO B 125      -5.049  27.658   3.171  1.00 32.49           C
```

```
ATOM   2625  N   PRO B 126      -6.307  25.126  -0.557  1.00 31.25           N
ATOM   2626  CA  PRO B 126      -5.736  23.974  -1.263  1.00 36.87           C
ATOM   2627  C   PRO B 126      -4.265  24.213  -1.615  1.00 37.25           C
ATOM   2628  O   PRO B 126      -3.844  25.360  -1.778  1.00 32.38           O
ATOM   2629  CB  PRO B 126      -6.599  23.868  -2.527  1.00 31.74           C
ATOM   2630  CG  PRO B 126      -7.137  25.243  -2.728  1.00 32.69           C
ATOM   2631  CD  PRO B 126      -7.351  25.800  -1.348  1.00 31.78           C
ATOM   2632  N   SER B 127      -3.491  23.139  -1.709  1.00 33.45           N
ATOM   2633  CA  SER B 127      -2.082  23.251  -2.055  1.00 37.63           C
ATOM   2634  C   SER B 127      -1.931  23.368  -3.565  1.00 41.08           C
ATOM   2635  O   SER B 127      -2.812  22.939  -4.317  1.00 38.62           O
ATOM   2636  CB  SER B 127      -1.299  22.043  -1.542  1.00 33.64           C
ATOM   2637  OG  SER B 127      -1.647  20.874  -2.267  1.00 31.28           O
ATOM   2638  N   ASP B 128      -0.814  23.938  -4.008  1.00 40.33           N
ATOM   2639  CA  ASP B 128      -0.544  24.044  -5.437  1.00 42.97           C
ATOM   2640  C   ASP B 128      -0.439  22.664  -6.066  1.00 36.76           C
ATOM   2641  O   ASP B 128      -0.783  22.481  -7.232  1.00 42.27           O
ATOM   2642  CB  ASP B 128       0.737  24.841  -5.695  1.00 46.63           C
ATOM   2643  CG  ASP B 128       0.570  26.322  -5.406  1.00 59.28           C
ATOM   2644  OD1 ASP B 128      -0.562  26.834  -5.546  1.00 59.20           O
ATOM   2645  OD2 ASP B 128       1.570  26.974  -5.040  1.00 62.56           O
ATOM   2646  N   GLU B 129       0.022  21.690  -5.286  1.00 37.90           N
ATOM   2647  CA  GLU B 129       0.240  20.347  -5.809  1.00 41.75           C
ATOM   2648  C   GLU B 129      -1.075  19.666  -6.183  1.00 42.49           C
ATOM   2649  O   GLU B 129      -1.157  18.982  -7.202  1.00 42.15           O
ATOM   2650  CB  GLU B 129       1.008  19.489  -4.800  1.00 38.29           C
ATOM   2651  CG  GLU B 129       1.521  18.181  -5.394  1.00 55.48           C
ATOM   2652  CD  GLU B 129       2.471  17.435  -4.469  1.00 75.53           C
ATOM   2653  OE1 GLU B 129       3.644  17.234  -4.857  1.00 78.69           O
ATOM   2654  OE2 GLU B 129       2.044  17.043  -3.360  1.00 72.25           O
ATOM   2655  N   GLN B 130      -2.104  19.857  -5.365  1.00 37.24           N
ATOM   2656  CA  GLN B 130      -3.403  19.259  -5.654  1.00 34.81           C
ATOM   2657  C   GLN B 130      -4.093  19.947  -6.829  1.00 35.05           C
ATOM   2658  O   GLN B 130      -4.774  19.297  -7.622  1.00 36.82           O
ATOM   2659  CB  GLN B 130      -4.312  19.312  -4.427  1.00 32.75           C
ATOM   2660  CG  GLN B 130      -5.631  18.597  -4.645  1.00 30.49           C
ATOM   2661  CD  GLN B 130      -6.626  18.848  -3.534  1.00 38.30           C
ATOM   2662  NE2 GLN B 130      -7.643  18.000  -3.456  1.00 35.08           N
ATOM   2663  OE1 GLN B 130      -6.485  19.793  -2.754  1.00 31.99           O
ATOM   2664  N   LEU B 131      -3.930  21.265  -6.924  1.00 34.78           N
ATOM   2665  CA  LEU B 131      -4.512  22.036  -8.019  1.00 46.01           C
ATOM   2666  C   LEU B 131      -4.044  21.506  -9.369  1.00 40.30           C
ATOM   2667  O   LEU B 131      -4.800  21.497 -10.337  1.00 49.24           O
ATOM   2668  CB  LEU B 131      -4.160  23.521  -7.884  1.00 39.51           C
ATOM   2669  CG  LEU B 131      -4.884  24.279  -6.773  1.00 41.36           C
ATOM   2670  CD1 LEU B 131      -4.458  25.736  -6.738  1.00 42.24           C
ATOM   2671  CD2 LEU B 131      -6.385  24.168  -6.956  1.00 37.48           C
ATOM   2672  N   LYS B 132      -2.798  21.048  -9.414  1.00 43.36           N
ATOM   2673  CA  LYS B 132      -2.214  20.462 -10.616  1.00 47.83           C
ATOM   2674  C   LYS B 132      -2.933  19.197 -11.086  1.00 46.86           C
ATOM   2675  O   LYS B 132      -2.715  18.740 -12.206  1.00 54.52           O
ATOM   2676  CB  LYS B 132      -0.737  20.146 -10.373  1.00 49.58           C
ATOM   2677  CG  LYS B 132       0.229  21.216 -10.868  1.00 56.15           C
ATOM   2678  CD  LYS B 132       1.614  21.060 -10.241  1.00 64.07           C
ATOM   2679  CE  LYS B 132       2.009  19.593 -10.066  1.00 66.31           C
ATOM   2680  NZ  LYS B 132       2.086  18.843 -11.352  1.00 66.61           N
ATOM   2681  N   SER B 133      -3.776  18.626 -10.232  1.00 47.49           N
ATOM   2682  CA  SER B 133      -4.497  17.403 -10.578  1.00 38.87           C
ATOM   2683  C   SER B 133      -5.963  17.680 -10.922  1.00 45.85           C
ATOM   2684  O   SER B 133      -6.718  16.757 -11.226  1.00 45.58           O
ATOM   2685  CB  SER B 133      -4.415  16.389  -9.433  1.00 48.92           C
ATOM   2686  OG  SER B 133      -5.127  16.848  -8.293  1.00 52.02           O
ATOM   2687  N   GLY B 134      -6.365  18.947 -10.858  1.00 39.38           N
ATOM   2688  CA  GLY B 134      -7.692  19.349 -11.294  1.00 38.72           C
ATOM   2689  C   GLY B 134      -8.737  19.497 -10.202  1.00 40.64           C
ATOM   2690  O   GLY B 134      -9.904  19.767 -10.488  1.00 47.67           O
ATOM   2691  N   THR B 135      -8.320  19.335  -8.951  1.00 44.09           N
ATOM   2692  CA  THR B 135      -9.239  19.382  -7.816  1.00 41.60           C
ATOM   2693  C   THR B 135      -8.700  20.294  -6.716  1.00 38.79           C
ATOM   2694  O   THR B 135      -7.490  20.386  -6.515  1.00 39.11           O
ATOM   2695  CB  THR B 135      -9.485  17.965  -7.246  1.00 42.58           C
```

```
ATOM   2696  CG2 THR B 135     -10.545  17.982  -6.153  1.00 36.34           C
ATOM   2697  OG1 THR B 135      -9.910  17.092  -8.300  1.00 49.29           O
ATOM   2698  N   ALA B 136      -9.599  20.979  -6.016  1.00 39.56           N
ATOM   2699  CA  ALA B 136      -9.218  21.845  -4.907  1.00 31.14           C
ATOM   2700  C   ALA B 136      -9.980  21.476  -3.637  1.00 41.19           C
ATOM   2701  O   ALA B 136     -11.211  21.514  -3.609  1.00 38.90           O
ATOM   2702  CB  ALA B 136      -9.465  23.300  -5.257  1.00 30.89           C
ATOM   2703  N   SER B 137      -9.243  21.121  -2.588  1.00 32.83           N
ATOM   2704  CA  SER B 137      -9.844  20.823  -1.295  1.00 29.16           C
ATOM   2705  C   SER B 137      -9.551  21.947  -0.312  1.00 31.90           C
ATOM   2706  O   SER B 137      -8.391  22.273  -0.060  1.00 32.52           O
ATOM   2707  CB  SER B 137      -9.325  19.493  -0.742  1.00 31.20           C
ATOM   2708  OG  SER B 137      -9.665  18.411  -1.588  1.00 35.83           O
ATOM   2709  N   VAL B 138     -10.605  22.549   0.227  1.00 29.38           N
ATOM   2710  CA  VAL B 138     -10.455  23.578   1.250  1.00 28.61           C
ATOM   2711  C   VAL B 138     -10.856  22.986   2.596  1.00 28.33           C
ATOM   2712  O   VAL B 138     -11.896  22.332   2.708  1.00 28.89           O
ATOM   2713  CB  VAL B 138     -11.304  24.821   0.943  1.00 32.25           C
ATOM   2714  CG1 VAL B 138     -10.880  25.981   1.825  1.00 32.25           C
ATOM   2715  CG2 VAL B 138     -11.171  25.197  -0.524  1.00 34.85           C
ATOM   2716  N   VAL B 139     -10.031  23.208   3.615  1.00 27.05           N
ATOM   2717  CA  VAL B 139     -10.241  22.558   4.906  1.00 30.66           C
ATOM   2718  C   VAL B 139     -10.472  23.556   6.033  1.00 28.68           C
ATOM   2719  O   VAL B 139      -9.741  24.537   6.173  1.00 29.77           O
ATOM   2720  CB  VAL B 139      -9.042  21.646   5.267  1.00 31.42           C
ATOM   2721  CG1 VAL B 139      -9.199  21.067   6.665  1.00 30.03           C
ATOM   2722  CG2 VAL B 139      -8.904  20.529   4.239  1.00 29.56           C
ATOM   2723  N   CYS B 140     -11.507  23.300   6.826  1.00 31.41           N
ATOM   2724  CA  CYS B 140     -11.792  24.088   8.015  1.00 30.57           C
ATOM   2725  C   CYS B 140     -11.634  23.207   9.245  1.00 36.50           C
ATOM   2726  O   CYS B 140     -12.198  22.113   9.306  1.00 29.35           O
ATOM   2727  CB  CYS B 140     -13.205  24.672   7.960  1.00 32.78           C
ATOM   2728  SG  CYS B 140     -13.561  25.937   9.212  1.00 47.42           S
ATOM   2729  N   LEU B 141     -10.871  23.686  10.222  1.00 34.12           N
ATOM   2730  CA  LEU B 141     -10.629  22.931  11.444  1.00 30.81           C
ATOM   2731  C   LEU B 141     -11.230  23.619  12.672  1.00 33.78           C
ATOM   2732  O   LEU B 141     -11.006  24.809  12.904  1.00 32.21           O
ATOM   2733  CB  LEU B 141      -9.126  22.721  11.649  1.00 30.25           C
ATOM   2734  CG  LEU B 141      -8.728  22.199  13.032  1.00 33.72           C
ATOM   2735  CD1 LEU B 141      -9.143  20.737  13.205  1.00 28.38           C
ATOM   2736  CD2 LEU B 141      -7.234  22.383  13.280  1.00 35.34           C
ATOM   2737  N   LEU B 142     -12.006  22.862  13.442  1.00 25.85           N
ATOM   2738  CA  LEU B 142     -12.538  23.331  14.721  1.00 29.63           C
ATOM   2739  C   LEU B 142     -11.865  22.526  15.822  1.00 31.52           C
ATOM   2740  O   LEU B 142     -11.966  21.300  15.848  1.00 32.17           O
ATOM   2741  CB  LEU B 142     -14.062  23.177  14.796  1.00 28.07           C
ATOM   2742  CG  LEU B 142     -14.992  24.140  14.044  1.00 29.90           C
ATOM   2743  CD1 LEU B 142     -14.697  24.189  12.550  1.00 36.79           C
ATOM   2744  CD2 LEU B 142     -16.440  23.731  14.274  1.00 27.06           C
ATOM   2745  N   ASN B 143     -11.174  23.209  16.723  1.00 25.29           N
ATOM   2746  CA  ASN B 143     -10.291  22.521  17.648  1.00 31.88           C
ATOM   2747  C   ASN B 143     -10.754  22.593  19.100  1.00 34.33           C
ATOM   2748  O   ASN B 143     -11.042  23.673  19.618  1.00 32.56           O
ATOM   2749  CB  ASN B 143      -8.876  23.089  17.512  1.00 32.86           C
ATOM   2750  CG  ASN B 143      -7.813  22.134  18.016  1.00 43.50           C
ATOM   2751  ND2 ASN B 143      -7.037  22.574  18.997  1.00 47.72           N
ATOM   2752  OD1 ASN B 143      -7.683  21.018  17.518  1.00 44.96           O
ATOM   2753  N   ASN B 144     -10.840  21.421  19.733  1.00 33.53           N
ATOM   2754  CA  ASN B 144     -11.100  21.284  21.171  1.00 31.24           C
ATOM   2755  C   ASN B 144     -12.330  22.023  21.688  1.00 29.06           C
ATOM   2756  O   ASN B 144     -12.211  22.953  22.482  1.00 33.00           O
ATOM   2757  CB  ASN B 144      -9.873  21.743  21.962  1.00 30.14           C
ATOM   2758  CG  ASN B 144      -8.626  20.965  21.598  1.00 37.05           C
ATOM   2759  ND2 ASN B 144      -7.468  21.575  21.802  1.00 43.00           N
ATOM   2760  OD1 ASN B 144      -8.704  19.827  21.134  1.00 38.36           O
ATOM   2761  N   PHE B 145     -13.513  21.602  21.258  1.00 31.89           N
ATOM   2762  CA  PHE B 145     -14.732  22.260  21.706  1.00 29.94           C
ATOM   2763  C   PHE B 145     -15.672  21.295  22.416  1.00 34.88           C
ATOM   2764  O   PHE B 145     -15.533  20.074  22.317  1.00 26.87           O
ATOM   2765  CB  PHE B 145     -15.455  22.936  20.529  1.00 26.54           C
ATOM   2766  CG  PHE B 145     -15.846  21.994  19.418  1.00 27.20           C
```

```
ATOM   2767  CD1 PHE B 145     -14.961  21.705  18.392  1.00 25.82           C
ATOM   2768  CD2 PHE B 145     -17.102  21.413  19.392  1.00 29.78           C
ATOM   2769  CE1 PHE B 145     -15.316  20.839  17.368  1.00 27.58           C
ATOM   2770  CE2 PHE B 145     -17.467  20.551  18.372  1.00 29.41           C
ATOM   2771  CZ  PHE B 145     -16.569  20.263  17.356  1.00 27.09           C
ATOM   2772  N   TYR B 146     -16.619  21.871  23.149  1.00 28.10           N
ATOM   2773  CA  TYR B 146     -17.698  21.125  23.778  1.00 30.54           C
ATOM   2774  C   TYR B 146     -18.886  22.071  23.962  1.00 29.20           C
ATOM   2775  O   TYR B 146     -18.702  23.217  24.364  1.00 28.71           O
ATOM   2776  CB  TYR B 146     -17.262  20.527  25.128  1.00 31.96           C
ATOM   2777  CG  TYR B 146     -18.319  19.621  25.711  1.00 34.78           C
ATOM   2778  CD2 TYR B 146     -18.334  18.262  25.418  1.00 31.97           C
ATOM   2779  CD1 TYR B 146     -19.334  20.131  26.515  1.00 31.84           C
ATOM   2780  CE2 TYR B 146     -19.319  17.432  25.925  1.00 32.92           C
ATOM   2781  CE1 TYR B 146     -20.324  19.311  27.022  1.00 32.17           C
ATOM   2782  CZ  TYR B 146     -20.310  17.965  26.725  1.00 34.30           C
ATOM   2783  OH  TYR B 146     -21.291  17.149  27.228  1.00 42.60           O
ATOM   2784  N   PRO B 147     -20.112  21.593  23.695  1.00 25.21           N
ATOM   2785  CA  PRO B 147     -20.474  20.225  23.311  1.00 31.43           C
ATOM   2786  C   PRO B 147     -20.233  19.921  21.838  1.00 34.10           C
ATOM   2787  O   PRO B 147     -19.696  20.751  21.103  1.00 33.70           O
ATOM   2788  CB  PRO B 147     -21.967  20.159  23.643  1.00 32.07           C
ATOM   2789  CG  PRO B 147     -22.446  21.552  23.429  1.00 27.75           C
ATOM   2790  CD  PRO B 147     -21.301  22.453  23.836  1.00 31.95           C
ATOM   2791  N   ARG B 148     -20.646  18.725  21.434  1.00 34.40           N
ATOM   2792  CA  ARG B 148     -20.383  18.168  20.110  1.00 32.34           C
ATOM   2793  C   ARG B 148     -21.069  18.932  18.975  1.00 32.84           C
ATOM   2794  O   ARG B 148     -20.505  19.087  17.892  1.00 29.63           O
ATOM   2795  CB  ARG B 148     -20.823  16.700  20.101  1.00 35.79           C
ATOM   2796  CG  ARG B 148     -20.923  16.051  18.744  1.00 41.03           C
ATOM   2797  CD  ARG B 148     -19.703  15.208  18.453  1.00 47.90           C
ATOM   2798  NE  ARG B 148     -20.044  13.980  17.738  1.00 56.46           N
ATOM   2799  CZ  ARG B 148     -20.405  13.932  16.458  1.00 56.76           C
ATOM   2800  NH1 ARG B 148     -20.485  15.048  15.740  1.00 54.31           N
ATOM   2801  NH2 ARG B 148     -20.688  12.767  15.893  1.00 51.59           N
ATOM   2802  N   GLU B 149     -22.284  19.404  19.230  1.00 36.40           N
ATOM   2803  CA  GLU B 149     -23.068  20.115  18.224  1.00 39.72           C
ATOM   2804  C   GLU B 149     -22.387  21.403  17.779  1.00 39.89           C
ATOM   2805  O   GLU B 149     -22.182  22.319  18.577  1.00 39.53           O
ATOM   2806  CB  GLU B 149     -24.473  20.431  18.755  1.00 34.93           C
ATOM   2807  CG  GLU B 149     -25.369  19.209  18.956  1.00 45.72           C
ATOM   2808  CD  GLU B 149     -24.967  18.363  20.158  1.00 54.80           C
ATOM   2809  OE1 GLU B 149     -24.402  18.920  21.125  1.00 48.46           O
ATOM   2810  OE2 GLU B 149     -25.211  17.138  20.130  1.00 62.82           O
ATOM   2811  N   ALA B 150     -22.042  21.462  16.498  1.00 35.98           N
ATOM   2812  CA  ALA B 150     -21.432  22.649  15.914  1.00 37.14           C
ATOM   2813  C   ALA B 150     -21.867  22.779  14.465  1.00 43.97           C
ATOM   2814  O   ALA B 150     -22.094  21.778  13.786  1.00 46.01           O
ATOM   2815  CB  ALA B 150     -19.914  22.586  16.014  1.00 32.49           C
ATOM   2816  N   LYS B 151     -21.987  24.012  13.992  1.00 39.41           N
ATOM   2817  CA  LYS B 151     -22.417  24.246  12.624  1.00 43.48           C
ATOM   2818  C   LYS B 151     -21.319  24.913  11.807  1.00 39.53           C
ATOM   2819  O   LYS B 151     -20.799  25.966  12.179  1.00 36.87           O
ATOM   2820  CB  LYS B 151     -23.687  25.099  12.596  1.00 43.88           C
ATOM   2821  CG  LYS B 151     -24.256  25.301  11.196  1.00 55.40           C
ATOM   2822  CD  LYS B 151     -25.547  26.104  11.223  1.00 53.19           C
ATOM   2823  CE  LYS B 151     -26.147  26.222   9.830  1.00 70.97           C
ATOM   2824  NZ  LYS B 151     -27.463  26.923   9.839  1.00 84.38           N
ATOM   2825  N   VAL B 152     -20.968  24.282  10.694  1.00 36.81           N
ATOM   2826  CA  VAL B 152     -19.990  24.837   9.774  1.00 37.97           C
ATOM   2827  C   VAL B 152     -20.652  25.168   8.446  1.00 36.38           C
ATOM   2828  O   VAL B 152     -21.221  24.292   7.790  1.00 36.25           O
ATOM   2829  CB  VAL B 152     -18.820  23.867   9.535  1.00 39.90           C
ATOM   2830  CG1 VAL B 152     -17.884  24.420   8.470  1.00 35.36           C
ATOM   2831  CG2 VAL B 152     -18.078  23.614  10.834  1.00 39.55           C
ATOM   2832  N   GLN B 153     -20.590  26.437   8.060  1.00 32.64           N
ATOM   2833  CA  GLN B 153     -21.118  26.864   6.771  1.00 34.66           C
ATOM   2834  C   GLN B 153     -19.999  27.378   5.884  1.00 38.08           C
ATOM   2835  O   GLN B 153     -19.290  28.319   6.244  1.00 38.02           O
ATOM   2836  CB  GLN B 153     -22.187  27.946   6.946  1.00 37.83           C
ATOM   2837  CG  GLN B 153     -23.590  27.404   7.164  1.00 60.26           C
```

```
ATOM   2838  CD  GLN B 153     -24.596  28.498   7.470  1.00 67.71           C
ATOM   2839  NE2 GLN B 153     -25.857  28.257   7.123  1.00 56.86           N
ATOM   2840  OE1 GLN B 153     -24.244  29.548   8.009  1.00 70.19           O
ATOM   2841  N   TRP B 154     -19.840  26.747   4.727  1.00 31.58           N
ATOM   2842  CA  TRP B 154     -18.864  27.189   3.747  1.00 27.44           C
ATOM   2843  C   TRP B 154     -19.449  28.300   2.884  1.00 33.80           C
ATOM   2844  O   TRP B 154     -20.592  28.209   2.436  1.00 30.68           O
ATOM   2845  CB  TRP B 154     -18.415  26.022   2.869  1.00 25.14           C
ATOM   2846  CG  TRP B 154     -17.449  25.089   3.532  1.00 34.77           C
ATOM   2847  CD1 TRP B 154     -17.729  23.870   4.080  1.00 29.48           C
ATOM   2848  CD2 TRP B 154     -16.042  25.295   3.709  1.00 33.52           C
ATOM   2849  CE2 TRP B 154     -15.534  24.159   4.369  1.00 36.13           C
ATOM   2850  CE3 TRP B 154     -15.163  26.328   3.370  1.00 28.50           C
ATOM   2851  NE1 TRP B 154     -16.584  23.304   4.582  1.00 32.42           N
ATOM   2852  CZ2 TRP B 154     -14.186  24.028   4.697  1.00 35.02           C
ATOM   2853  CZ3 TRP B 154     -13.827  26.199   3.699  1.00 32.42           C
ATOM   2854  CH2 TRP B 154     -13.350  25.056   4.355  1.00 33.88           C
ATOM   2855  N   LYS B 155     -18.661  29.343   2.652  1.00 26.76           N
ATOM   2856  CA  LYS B 155     -19.089  30.458   1.818  1.00 34.70           C
ATOM   2857  C   LYS B 155     -18.018  30.803   0.795  1.00 35.14           C
ATOM   2858  O   LYS B 155     -16.869  31.063   1.149  1.00 34.32           O
ATOM   2859  CB  LYS B 155     -19.415  31.685   2.671  1.00 31.08           C
ATOM   2860  CG  LYS B 155     -20.658  31.527   3.525  1.00 39.61           C
ATOM   2861  CD  LYS B 155     -20.861  32.722   4.439  1.00 45.78           C
ATOM   2862  CE  LYS B 155     -22.086  32.531   5.322  1.00 52.43           C
ATOM   2863  NZ  LYS B 155     -22.240  33.644   6.300  1.00 64.93           N
ATOM   2864  N   VAL B 156     -18.404  30.787  -0.474  1.00 33.51           N
ATOM   2865  CA  VAL B 156     -17.512  31.163  -1.562  1.00 34.85           C
ATOM   2866  C   VAL B 156     -18.043  32.430  -2.235  1.00 37.05           C
ATOM   2867  O   VAL B 156     -19.085  32.398  -2.889  1.00 36.43           O
ATOM   2868  CB  VAL B 156     -17.378  30.035  -2.590  1.00 37.60           C
ATOM   2869  CG1 VAL B 156     -16.452  30.450  -3.701  1.00 36.02           C
ATOM   2870  CG2 VAL B 156     -16.863  28.772  -1.921  1.00 31.56           C
ATOM   2871  N   ASP B 157     -17.321  33.536  -2.060  1.00 38.87           N
ATOM   2872  CA  ASP B 157     -17.785  34.866  -2.468  1.00 41.38           C
ATOM   2873  C   ASP B 157     -19.196  35.139  -1.951  1.00 44.37           C
ATOM   2874  O   ASP B 157     -20.058  35.627  -2.684  1.00 49.49           O
ATOM   2875  CB  ASP B 157     -17.733  35.023  -3.991  1.00 42.34           C
ATOM   2876  CG  ASP B 157     -16.326  35.296  -4.499  1.00 44.58           C
ATOM   2877  OD1 ASP B 157     -15.517  35.866  -3.734  1.00 49.40           O
ATOM   2878  OD2 ASP B 157     -16.029  34.942  -5.659  1.00 49.33           O
ATOM   2879  N   ASN B 158     -19.405  34.809  -0.678  1.00 38.79           N
ATOM   2880  CA  ASN B 158     -20.688  34.958   0.016  1.00 46.07           C
ATOM   2881  C   ASN B 158     -21.827  34.101  -0.535  1.00 42.73           C
ATOM   2882  O   ASN B 158     -22.992  34.335  -0.218  1.00 49.48           O
ATOM   2883  CB  ASN B 158     -21.115  36.426   0.033  1.00 47.14           C
ATOM   2884  CG  ASN B 158     -20.716  37.122   1.313  1.00 64.92           C
ATOM   2885  ND2 ASN B 158     -20.238  38.356   1.196  1.00 70.04           N
ATOM   2886  OD1 ASN B 158     -20.825  36.549   2.400  1.00 67.22           O
ATOM   2887  N   ALA B 159     -21.497  33.100  -1.341  1.00 37.66           N
ATOM   2888  CA  ALA B 159     -22.492  32.110  -1.731  1.00 37.19           C
ATOM   2889  C   ALA B 159     -22.368  30.887  -0.823  1.00 39.41           C
ATOM   2890  O   ALA B 159     -21.298  30.285  -0.720  1.00 32.50           O
ATOM   2891  CB  ALA B 159     -22.330  31.717  -3.191  1.00 30.09           C
ATOM   2892  N   LEU B 160     -23.464  30.537  -0.159  1.00 34.32           N
ATOM   2893  CA  LEU B 160     -23.496  29.376   0.720  1.00 29.40           C
ATOM   2894  C   LEU B 160     -23.360  28.083  -0.073  1.00 33.09           C
ATOM   2895  O   LEU B 160     -24.083  27.858  -1.044  1.00 36.96           O
ATOM   2896  CB  LEU B 160     -24.790  29.348   1.540  1.00 37.86           C
ATOM   2897  CG  LEU B 160     -24.960  30.336   2.701  1.00 54.68           C
ATOM   2898  CD1 LEU B 160     -25.190  31.767   2.222  1.00 48.85           C
ATOM   2899  CD2 LEU B 160     -26.100  29.883   3.608  1.00 60.01           C
ATOM   2900  N   GLN B 161     -22.427  27.238   0.347  1.00 30.58           N
ATOM   2901  CA  GLN B 161     -22.206  25.943  -0.284  1.00 30.22           C
ATOM   2902  C   GLN B 161     -22.919  24.850   0.499  1.00 35.29           C
ATOM   2903  O   GLN B 161     -22.868  24.821   1.727  1.00 38.99           O
ATOM   2904  CB  GLN B 161     -20.710  25.633  -0.371  1.00 31.23           C
ATOM   2905  CG  GLN B 161     -19.880  26.761  -0.958  1.00 30.86           C
ATOM   2906  CD  GLN B 161     -20.221  27.015  -2.407  1.00 32.74           C
ATOM   2907  NE2 GLN B 161     -20.715  28.210  -2.698  1.00 30.42           N
ATOM   2908  OE1 GLN B 161     -20.062  26.138  -3.252  1.00 34.09           O
```

```
ATOM   2909  N   SER B 162     -23.588  23.955  -0.215  1.00 27.98           N
ATOM   2910  CA  SER B 162     -24.234  22.815   0.416  1.00 38.77           C
ATOM   2911  C   SER B 162     -24.111  21.602  -0.496  1.00 34.56           C
ATOM   2912  O   SER B 162     -24.271  21.717  -1.713  1.00 33.35           O
ATOM   2913  CB  SER B 162     -25.703  23.126   0.723  1.00 31.67           C
ATOM   2914  OG  SER B 162     -26.329  22.040   1.385  1.00 49.66           O
ATOM   2915  N   GLY B 163     -23.800  20.449   0.090  1.00 33.25           N
ATOM   2916  CA  GLY B 163     -23.739  19.206  -0.661  1.00 28.14           C
ATOM   2917  C   GLY B 163     -22.356  18.880  -1.192  1.00 32.51           C
ATOM   2918  O   GLY B 163     -22.101  17.758  -1.620  1.00 33.73           O
ATOM   2919  N   ASN B 164     -21.457  19.859  -1.164  1.00 30.22           N
ATOM   2920  CA  ASN B 164     -20.114  19.664  -1.694  1.00 31.34           C
ATOM   2921  C   ASN B 164     -19.043  19.693  -0.605  1.00 35.48           C
ATOM   2922  O   ASN B 164     -17.881  19.990  -0.876  1.00 31.32           O
ATOM   2923  CB  ASN B 164     -19.809  20.722  -2.767  1.00 30.74           C
ATOM   2924  CG  ASN B 164     -19.951  22.147  -2.248  1.00 33.60           C
ATOM   2925  ND2 ASN B 164     -19.572  23.116  -3.073  1.00 33.79           N
ATOM   2926  OD1 ASN B 164     -20.405  22.374  -1.127  1.00 32.68           O
ATOM   2927  N   SER B 165     -19.435  19.387   0.628  1.00 35.40           N
ATOM   2928  CA  SER B 165     -18.470  19.275   1.714  1.00 35.79           C
ATOM   2929  C   SER B 165     -18.750  18.042   2.561  1.00 32.53           C
ATOM   2930  O   SER B 165     -19.849  17.490   2.521  1.00 29.82           O
ATOM   2931  CB  SER B 165     -18.478  20.530   2.593  1.00 32.78           C
ATOM   2932  OG  SER B 165     -19.639  20.592   3.401  1.00 33.05           O
ATOM   2933  N   GLN B 166     -17.742  17.606   3.311  1.00 30.86           N
ATOM   2934  CA  GLN B 166     -17.896  16.486   4.236  1.00 32.40           C
ATOM   2935  C   GLN B 166     -17.194  16.792   5.553  1.00 32.23           C
ATOM   2936  O   GLN B 166     -16.181  17.493   5.575  1.00 33.90           O
ATOM   2937  CB  GLN B 166     -17.346  15.189   3.634  1.00 26.55           C
ATOM   2938  CG  GLN B 166     -18.110  14.694   2.418  1.00 37.55           C
ATOM   2939  CD  GLN B 166     -17.656  13.318   1.960  1.00 45.88           C
ATOM   2940  NE2 GLN B 166     -16.458  13.247   1.393  1.00 37.75           N
ATOM   2941  OE1 GLN B 166     -18.378  12.332   2.110  1.00 44.50           O
ATOM   2942  N   GLU B 167     -17.741  16.260   6.642  1.00 26.95           N
ATOM   2943  CA  GLU B 167     -17.217  16.491   7.985  1.00 34.35           C
ATOM   2944  C   GLU B 167     -16.789  15.199   8.666  1.00 31.65           C
ATOM   2945  O   GLU B 167     -17.351  14.136   8.416  1.00 31.31           O
ATOM   2946  CB  GLU B 167     -18.263  17.166   8.868  1.00 33.65           C
ATOM   2947  CG  GLU B 167     -18.526  18.617   8.585  1.00 50.67           C
ATOM   2948  CD  GLU B 167     -19.553  19.191   9.544  1.00 59.29           C
ATOM   2949  OE1 GLU B 167     -20.018  18.431  10.425  1.00 49.27           O
ATOM   2950  OE2 GLU B 167     -19.895  20.388   9.418  1.00 59.18           O
ATOM   2951  N   SER B 168     -15.815  15.317   9.556  1.00 28.62           N
ATOM   2952  CA  SER B 168     -15.393  14.216  10.407  1.00 32.03           C
ATOM   2953  C   SER B 168     -15.096  14.753  11.802  1.00 31.07           C
ATOM   2954  O   SER B 168     -14.499  15.819  11.945  1.00 28.49           O
ATOM   2955  CB  SER B 168     -14.165  13.522   9.817  1.00 34.82           C
ATOM   2956  OG  SER B 168     -13.566  12.666  10.762  1.00 40.29           O
ATOM   2957  N  AVAL B 169     -15.514  14.013  12.828  0.89 30.56           N
ATOM   2958  CA AVAL B 169     -15.342  14.433  14.221  0.89 30.43           C
ATOM   2959  C  AVAL B 169     -14.558  13.389  15.017  0.89 31.75           C
ATOM   2960  O  AVAL B 169     -14.796  12.193  14.870  0.89 33.51           O
ATOM   2961  CB AVAL B 169     -16.708  14.663  14.910  0.89 32.02           C
ATOM   2962  CG1AVAL B 169     -16.518  15.215  16.317  0.89 33.65           C
ATOM   2963  CG2AVAL B 169     -17.578  15.591  14.079  0.89 31.73           C
ATOM   2964  N  BVAL B 169     -15.523  14.018  12.822  0.11 30.45           N
ATOM   2965  CA BVAL B 169     -15.292  14.424  14.200  0.11 31.12           C
ATOM   2966  C  BVAL B 169     -14.467  13.380  14.937  0.11 31.77           C
ATOM   2967  O  BVAL B 169     -14.578  12.184  14.669  0.11 33.10           O
ATOM   2968  CB BVAL B 169     -16.616  14.648  14.953  0.11 32.66           C
ATOM   2969  CG1BVAL B 169     -17.352  15.847  14.385  0.11 32.73           C
ATOM   2970  CG2BVAL B 169     -17.482  13.403  14.878  0.11 33.85           C
ATOM   2971  N   THR B 170     -13.633  13.837  15.862  1.00 29.38           N
ATOM   2972  CA  THR B 170     -12.847  12.921  16.682  1.00 36.76           C
ATOM   2973  C   THR B 170     -13.703  12.346  17.805  1.00 33.01           C
ATOM   2974  O   THR B 170     -14.762  12.885  18.133  1.00 30.78           O
ATOM   2975  CB  THR B 170     -11.620  13.605  17.308  1.00 30.27           C
ATOM   2976  CG2 THR B 170     -10.719  14.211  16.235  1.00 34.58           C
ATOM   2977  OG1 THR B 170     -12.057  14.633  18.199  1.00 31.73           O
ATOM   2978  N   GLU B 171     -13.243  11.248  18.390  1.00 34.68           N
ATOM   2979  CA  GLU B 171     -13.843  10.746  19.618  1.00 35.38           C
```

```
ATOM   2980  C   GLU B 171     -13.613  11.768  20.720  1.00 37.95           C
ATOM   2981  O   GLU B 171     -12.689  12.584  20.639  1.00 34.11           O
ATOM   2982  CB  GLU B 171     -13.247   9.391  20.011  1.00 35.96           C
ATOM   2983  CG  GLU B 171     -13.457   8.290  18.984  1.00 47.50           C
ATOM   2984  CD  GLU B 171     -14.850   7.683  19.038  1.00 65.62           C
ATOM   2985  OE1 GLU B 171     -15.595   7.969  20.002  1.00 65.84           O
ATOM   2986  OE2 GLU B 171     -15.198   6.912  18.116  1.00 70.74           O
ATOM   2987  N   GLN B 172     -14.456  11.734  21.743  1.00 34.37           N
ATOM   2988  CA  GLN B 172     -14.272  12.609  22.885  1.00 27.96           C
ATOM   2989  C   GLN B 172     -12.897  12.347  23.509  1.00 29.48           C
ATOM   2990  O   GLN B 172     -12.544  11.210  23.785  1.00 33.27           O
ATOM   2991  CB  GLN B 172     -15.399  12.399  23.899  1.00 31.65           C
ATOM   2992  CG  GLN B 172     -15.483  13.474  24.959  1.00 34.27           C
ATOM   2993  CD  GLN B 172     -16.804  13.457  25.706  1.00 37.13           C
ATOM   2994  NE2 GLN B 172     -17.166  14.594  26.286  1.00 32.91           N
ATOM   2995  OE1 GLN B 172     -17.496  12.437  25.755  1.00 34.99           O
ATOM   2996  N   ASP B 173     -12.120  13.408  23.700  1.00 30.64           N
ATOM   2997  CA  ASP B 173     -10.766  13.296  24.231  1.00 32.58           C
ATOM   2998  C   ASP B 173     -10.749  12.684  25.636  1.00 36.32           C
ATOM   2999  O   ASP B 173     -11.537  13.069  26.502  1.00 30.09           O
ATOM   3000  CB  ASP B 173     -10.097  14.671  24.246  1.00 32.10           C
ATOM   3001  CG  ASP B 173      -8.613  14.593  24.538  1.00 36.21           C
ATOM   3002  OD2 ASP B 173      -8.222  14.802  25.708  1.00 36.85           O
ATOM   3003  OD1 ASP B 173      -7.836  14.324  23.595  1.00 37.22           O
ATOM   3004  N   SER B 174      -9.844  11.737  25.863  1.00 32.20           N
ATOM   3005  CA  SER B 174      -9.818  11.015  27.134  1.00 38.98           C
ATOM   3006  C   SER B 174      -9.243  11.855  28.275  1.00 32.61           C
ATOM   3007  O   SER B 174      -9.301  11.447  29.432  1.00 42.30           O
ATOM   3008  CB  SER B 174      -9.017   9.717  26.998  1.00 36.54           C
ATOM   3009  OG  SER B 174      -7.630   9.986  26.883  1.00 46.81           O
ATOM   3010  N   LYS B 175      -8.691  13.020  27.954  1.00 35.47           N
ATOM   3011  CA  LYS B 175      -8.142  13.907  28.981  1.00 33.77           C
ATOM   3012  C   LYS B 175      -9.040  15.113  29.278  1.00 36.43           C
ATOM   3013  O   LYS B 175      -9.479  15.287  30.410  1.00 30.79           O
ATOM   3014  CB  LYS B 175      -6.749  14.404  28.581  1.00 36.54           C
ATOM   3015  CG  LYS B 175      -5.717  13.303  28.387  1.00 47.29           C
ATOM   3016  CD  LYS B 175      -4.339  13.895  28.117  1.00 54.56           C
ATOM   3017  CE  LYS B 175      -3.317  12.811  27.821  1.00 53.35           C
ATOM   3018  NZ  LYS B 175      -1.931  13.358  27.809  1.00 53.83           N
ATOM   3019  N   ASP B 176      -9.306  15.950  28.275  1.00 35.92           N
ATOM   3020  CA  ASP B 176     -10.070  17.176  28.522  1.00 33.42           C
ATOM   3021  C   ASP B 176     -11.526  17.072  28.069  1.00 33.69           C
ATOM   3022  O   ASP B 176     -12.293  18.025  28.205  1.00 32.10           O
ATOM   3023  CB  ASP B 176      -9.391  18.387  27.857  1.00 37.93           C
ATOM   3024  CG  ASP B 176      -9.374  18.315  26.326  1.00 44.81           C
ATOM   3025  OD1 ASP B 176     -10.135  17.530  25.718  1.00 39.09           O
ATOM   3026  OD2 ASP B 176      -8.591  19.081  25.721  1.00 49.31           O
ATOM   3027  N   SER B 177     -11.879  15.923  27.501  1.00 31.41           N
ATOM   3028  CA  SER B 177     -13.259  15.601  27.145  1.00 32.38           C
ATOM   3029  C   SER B 177     -13.869  16.487  26.062  1.00 31.53           C
ATOM   3030  O   SER B 177     -15.087  16.651  26.017  1.00 29.23           O
ATOM   3031  CB  SER B 177     -14.142  15.665  28.390  1.00 29.13           C
ATOM   3032  OG  SER B 177     -13.689  14.767  29.386  1.00 32.14           O
ATOM   3033  N   THR B 178     -13.031  17.045  25.192  1.00 32.85           N
ATOM   3034  CA  THR B 178     -13.521  17.873  24.091  1.00 31.34           C
ATOM   3035  C   THR B 178     -13.603  17.102  22.779  1.00 29.53           C
ATOM   3036  O   THR B 178     -13.145  15.960  22.680  1.00 31.68           O
ATOM   3037  CB  THR B 178     -12.627  19.108  23.865  1.00 30.04           C
ATOM   3038  CG2 THR B 178     -12.576  19.979  25.117  1.00 31.87           C
ATOM   3039  OG1 THR B 178     -11.302  18.683  23.526  1.00 33.96           O
ATOM   3040  N   TYR B 179     -14.199  17.738  21.776  1.00 26.97           N
ATOM   3041  CA  TYR B 179     -14.198  17.225  20.411  1.00 27.62           C
ATOM   3042  C   TYR B 179     -13.395  18.139  19.503  1.00 28.49           C
ATOM   3043  O   TYR B 179     -13.193  19.316  19.809  1.00 27.60           O
ATOM   3044  CB  TYR B 179     -15.620  17.110  19.862  1.00 23.93           C
ATOM   3045  CG  TYR B 179     -16.540  16.224  20.659  1.00 32.03           C
ATOM   3046  CD2 TYR B 179     -16.701  14.884  20.326  1.00 29.16           C
ATOM   3047  CD1 TYR B 179     -17.266  16.729  21.735  1.00 27.55           C
ATOM   3048  CE2 TYR B 179     -17.549  14.065  21.046  1.00 36.83           C
ATOM   3049  CE1 TYR B 179     -18.118  15.915  22.467  1.00 35.32           C
ATOM   3050  CZ  TYR B 179     -18.254  14.584  22.118  1.00 36.45           C
```

```
ATOM   3051  OH  TYR B 179     -19.096  13.768  22.837  1.00 41.00           O
ATOM   3052  N   SER B 180     -12.945  17.597  18.379  1.00 27.52           N
ATOM   3053  CA  SER B 180     -12.437  18.418  17.288  1.00 29.79           C
ATOM   3054  C   SER B 180     -13.143  18.002  16.000  1.00 28.83           C
ATOM   3055  O   SER B 180     -13.591  16.862  15.875  1.00 26.78           O
ATOM   3056  CB  SER B 180     -10.921  18.287  17.150  1.00 34.04           C
ATOM   3057  OG  SER B 180     -10.255  18.889  18.246  1.00 36.05           O
ATOM   3058  N   LEU B 181     -13.252  18.928  15.053  1.00 27.50           N
ATOM   3059  CA  LEU B 181     -13.984  18.670  13.819  1.00 29.24           C
ATOM   3060  C   LEU B 181     -13.206  19.150  12.595  1.00 34.49           C
ATOM   3061  O   LEU B 181     -12.583  20.214  12.610  1.00 29.64           O
ATOM   3062  CB  LEU B 181     -15.367  19.337  13.866  1.00 31.76           C
ATOM   3063  CG  LEU B 181     -16.315  19.197  12.662  1.00 33.92           C
ATOM   3064  CD1 LEU B 181     -17.770  19.237  13.115  1.00 33.67           C
ATOM   3065  CD2 LEU B 181     -16.071  20.275  11.620  1.00 27.36           C
ATOM   3066  N   SER B 182     -13.266  18.355  11.534  1.00 30.45           N
ATOM   3067  CA  SER B 182     -12.622  18.683  10.273  1.00 32.39           C
ATOM   3068  C   SER B 182     -13.653  18.706   9.157  1.00 34.50           C
ATOM   3069  O   SER B 182     -14.346  17.715   8.935  1.00 32.11           O
ATOM   3070  CB  SER B 182     -11.521  17.671   9.953  1.00 35.13           C
ATOM   3071  OG  SER B 182     -10.952  17.929   8.684  1.00 35.29           O
ATOM   3072  N   SER B 183     -13.769  19.841   8.473  1.00 32.48           N
ATOM   3073  CA  SER B 183     -14.666  19.946   7.327  1.00 31.00           C
ATOM   3074  C   SER B 183     -13.877  20.240   6.058  1.00 37.54           C
ATOM   3075  O   SER B 183     -13.014  21.119   6.041  1.00 34.24           O
ATOM   3076  CB  SER B 183     -15.720  21.028   7.548  1.00 28.88           C
ATOM   3077  OG  SER B 183     -16.568  21.127   6.415  1.00 34.00           O
ATOM   3078  N   THR B 184     -14.185  19.495   5.002  1.00 29.33           N
ATOM   3079  CA  THR B 184     -13.490  19.618   3.733  1.00 32.43           C
ATOM   3080  C   THR B 184     -14.449  20.002   2.609  1.00 33.53           C
ATOM   3081  O   THR B 184     -15.375  19.258   2.296  1.00 30.24           O
ATOM   3082  CB  THR B 184     -12.778  18.303   3.347  1.00 30.27           C
ATOM   3083  CG2 THR B 184     -12.075  18.448   1.993  1.00 34.53           C
ATOM   3084  OG1 THR B 184     -11.813  17.966   4.348  1.00 43.02           O
ATOM   3085  N   LEU B 185     -14.212  21.164   2.013  1.00 29.43           N
ATOM   3086  CA  LEU B 185     -14.950  21.610   0.838  1.00 26.42           C
ATOM   3087  C   LEU B 185     -14.195  21.216  -0.428  1.00 31.67           C
ATOM   3088  O   LEU B 185     -13.021  21.549  -0.587  1.00 32.58           O
ATOM   3089  CB  LEU B 185     -15.162  23.123   0.882  1.00 26.19           C
ATOM   3090  CG  LEU B 185     -15.801  23.777  -0.346  1.00 33.72           C
ATOM   3091  CD1 LEU B 185     -17.290  23.451  -0.426  1.00 29.32           C
ATOM   3092  CD2 LEU B 185     -15.570  25.285  -0.336  1.00 29.64           C
ATOM   3093  N   THR B 186     -14.862  20.503  -1.330  1.00 27.07           N
ATOM   3094  CA  THR B 186     -14.200  20.043  -2.544  1.00 32.13           C
ATOM   3095  C   THR B 186     -14.797  20.676  -3.794  1.00 34.19           C
ATOM   3096  O   THR B 186     -15.999  20.569  -4.046  1.00 32.51           O
ATOM   3097  CB  THR B 186     -14.265  18.512  -2.672  1.00 35.70           C
ATOM   3098  CG2 THR B 186     -13.532  18.054  -3.919  1.00 33.31           C
ATOM   3099  OG1 THR B 186     -13.652  17.913  -1.522  1.00 40.62           O
ATOM   3100  N   LEU B 187     -13.941  21.346  -4.562  1.00 35.11           N
ATOM   3101  CA  LEU B 187     -14.315  21.945  -5.843  1.00 35.77           C
ATOM   3102  C   LEU B 187     -13.339  21.525  -6.932  1.00 37.88           C
ATOM   3103  O   LEU B 187     -12.206  21.145  -6.642  1.00 36.56           O
ATOM   3104  CB  LEU B 187     -14.333  23.471  -5.755  1.00 30.60           C
ATOM   3105  CG  LEU B 187     -15.286  24.143  -4.775  1.00 36.33           C
ATOM   3106  CD1 LEU B 187     -15.031  25.641  -4.767  1.00 43.76           C
ATOM   3107  CD2 LEU B 187     -16.729  23.835  -5.147  1.00 50.34           C
ATOM   3108  N   SER B 188     -13.767  21.609  -8.187  1.00 38.12           N
ATOM   3109  CA  SER B 188     -12.839  21.434  -9.297  1.00 37.37           C
ATOM   3110  C   SER B 188     -11.888  22.627  -9.343  1.00 37.79           C
ATOM   3111  O   SER B 188     -12.169  23.681  -8.761  1.00 33.69           O
ATOM   3112  CB  SER B 188     -13.584  21.297 -10.625  1.00 36.22           C
ATOM   3113  OG  SER B 188     -14.208  22.519 -10.973  1.00 39.78           O
ATOM   3114  N   LYS B 189     -10.765  22.460 -10.031  1.00 38.51           N
ATOM   3115  CA  LYS B 189      -9.809  23.546 -10.193  1.00 37.38           C
ATOM   3116  C   LYS B 189     -10.460  24.721 -10.915  1.00 37.61           C
ATOM   3117  O   LYS B 189     -10.331  25.869 -10.491  1.00 42.81           O
ATOM   3118  CB  LYS B 189      -8.576  23.064 -10.959  1.00 43.42           C
ATOM   3119  CG  LYS B 189      -7.574  24.158 -11.293  1.00 46.58           C
ATOM   3120  CD  LYS B 189      -6.453  23.615 -12.166  1.00 47.94           C
ATOM   3121  CE  LYS B 189      -5.477  24.704 -12.561  1.00 50.50           C
```

```
ATOM   3122  NZ  LYS B 189      -4.369  24.160 -13.395  1.00 67.88           N
ATOM   3123  N   ALA B 190     -11.175  24.415 -11.995  1.00 37.86           N
ATOM   3124  CA  ALA B 190     -11.862  25.429 -12.791  1.00 38.31           C
ATOM   3125  C   ALA B 190     -12.825  26.252 -11.947  1.00 41.13           C
ATOM   3126  O   ALA B 190     -12.859  27.477 -12.057  1.00 45.90           O
ATOM   3127  CB  ALA B 190     -12.602  24.777 -13.953  1.00 30.47           C
ATOM   3128  N   ASP B 191     -13.602  25.582 -11.100  1.00 38.92           N
ATOM   3129  CA  ASP B 191     -14.536  26.287 -10.226  1.00 37.31           C
ATOM   3130  C   ASP B 191     -13.796  27.103  -9.175  1.00 35.97           C
ATOM   3131  O   ASP B 191     -14.211  28.214  -8.831  1.00 35.16           O
ATOM   3132  CB  ASP B 191     -15.497  25.308  -9.542  1.00 40.65           C
ATOM   3133  CG  ASP B 191     -16.675  24.932 -10.425  1.00 54.48           C
ATOM   3134  OD1 ASP B 191     -16.840  25.554 -11.498  1.00 48.85           O
ATOM   3135  OD2 ASP B 191     -17.445  24.024 -10.039  1.00 50.23           O
ATOM   3136  N   TYR B 192     -12.700  26.549  -8.667  1.00 35.50           N
ATOM   3137  CA  TYR B 192     -11.948  27.193  -7.595  1.00 34.33           C
ATOM   3138  C   TYR B 192     -11.381  28.543  -8.022  1.00 37.59           C
ATOM   3139  O   TYR B 192     -11.395  29.505  -7.256  1.00 35.83           O
ATOM   3140  CB  TYR B 192     -10.814  26.288  -7.115  1.00 34.12           C
ATOM   3141  CG  TYR B 192      -9.932  26.940  -6.076  1.00 36.45           C
ATOM   3142  CD1 TYR B 192     -10.429  27.251  -4.815  1.00 34.80           C
ATOM   3143  CD2 TYR B 192      -8.606  27.243  -6.350  1.00 32.17           C
ATOM   3144  CE1 TYR B 192      -9.632  27.849  -3.857  1.00 32.72           C
ATOM   3145  CE2 TYR B 192      -7.797  27.838  -5.394  1.00 34.13           C
ATOM   3146  CZ  TYR B 192      -8.319  28.142  -4.152  1.00 31.36           C
ATOM   3147  OH  TYR B 192      -7.526  28.732  -3.197  1.00 35.96           O
ATOM   3148  N   GLU B 193     -10.895  28.609  -9.255  1.00 39.80           N
ATOM   3149  CA  GLU B 193     -10.237  29.811  -9.763  1.00 43.18           C
ATOM   3150  C   GLU B 193     -11.213  30.900 -10.210  1.00 39.55           C
ATOM   3151  O   GLU B 193     -10.799  32.022 -10.496  1.00 44.13           O
ATOM   3152  CB  GLU B 193      -9.311  29.440 -10.921  1.00 44.18           C
ATOM   3153  CG  GLU B 193      -8.172  28.528 -10.515  1.00 46.87           C
ATOM   3154  CD  GLU B 193      -7.393  28.010 -11.704  1.00 66.53           C
ATOM   3155  OE1 GLU B 193      -7.965  27.968 -12.815  1.00 70.34           O
ATOM   3156  OE2 GLU B 193      -6.210  27.648 -11.529  1.00 73.19           O
ATOM   3157  N   LYS B 194     -12.502  30.575 -10.261  1.00 41.15           N
ATOM   3158  CA  LYS B 194     -13.522  31.554 -10.634  1.00 39.86           C
ATOM   3159  C   LYS B 194     -13.955  32.429  -9.461  1.00 44.25           C
ATOM   3160  O   LYS B 194     -14.816  33.295  -9.615  1.00 42.88           O
ATOM   3161  CB  LYS B 194     -14.754  30.855 -11.214  1.00 43.14           C
ATOM   3162  CG  LYS B 194     -14.506  30.110 -12.507  1.00 50.46           C
ATOM   3163  CD  LYS B 194     -15.768  29.418 -12.991  1.00 54.94           C
ATOM   3164  CE  LYS B 194     -15.503  28.612 -14.255  1.00 65.50           C
ATOM   3165  NZ  LYS B 194     -14.922  29.454 -15.339  1.00 69.52           N
ATOM   3166  N   HIS B 195     -13.373  32.204  -8.288  1.00 42.19           N
ATOM   3167  CA  HIS B 195     -13.799  32.939  -7.099  1.00 42.19           C
ATOM   3168  C   HIS B 195     -12.625  33.455  -6.285  1.00 36.87           C
ATOM   3169  O   HIS B 195     -11.498  32.976  -6.423  1.00 37.36           O
ATOM   3170  CB  HIS B 195     -14.687  32.061  -6.214  1.00 38.63           C
ATOM   3171  CG  HIS B 195     -15.894  31.518  -6.914  1.00 41.06           C
ATOM   3172  CD2 HIS B 195     -16.180  30.270  -7.356  1.00 44.21           C
ATOM   3173  ND1 HIS B 195     -16.987  32.296  -7.224  1.00 43.75           N
ATOM   3174  CE1 HIS B 195     -17.894  31.554  -7.834  1.00 44.35           C
ATOM   3175  NE2 HIS B 195     -17.430  30.321  -7.926  1.00 44.01           N
ATOM   3176  N   LYS B 196     -12.908  34.424  -5.420  1.00 38.25           N
ATOM   3177  CA  LYS B 196     -11.876  35.084  -4.639  1.00 35.29           C
ATOM   3178  C   LYS B 196     -11.915  34.716  -3.152  1.00 39.07           C
ATOM   3179  O   LYS B 196     -10.942  34.190  -2.615  1.00 39.45           O
ATOM   3180  CB  LYS B 196     -11.998  36.602  -4.793  1.00 41.25           C
ATOM   3181  CG  LYS B 196     -10.931  37.391  -4.047  1.00 43.11           C
ATOM   3182  CD  LYS B 196     -11.215  38.884  -4.099  1.00 57.11           C
ATOM   3183  CE  LYS B 196     -10.103  39.686  -3.447  1.00 60.58           C
ATOM   3184  NZ  LYS B 196     -10.341  41.150  -3.566  1.00 75.28           N
ATOM   3185  N   VAL B 197     -13.032  35.002  -2.488  1.00 33.64           N
ATOM   3186  CA  VAL B 197     -13.108  34.851  -1.037  1.00 41.13           C
ATOM   3187  C   VAL B 197     -13.640  33.478  -0.620  1.00 39.79           C
ATOM   3188  O   VAL B 197     -14.758  33.098  -0.973  1.00 35.93           O
ATOM   3189  CB  VAL B 197     -13.993  35.943  -0.400  1.00 39.79           C
ATOM   3190  CG1 VAL B 197     -13.964  35.829   1.117  1.00 33.80           C
ATOM   3191  CG2 VAL B 197     -13.532  37.330  -0.834  1.00 36.75           C
ATOM   3192  N   TYR B 198     -12.827  32.743   0.134  1.00 36.80           N
```

```
ATOM   3193  CA  TYR B 198     -13.223  31.442   0.662  1.00 31.41           C
ATOM   3194  C   TYR B 198     -13.289  31.518   2.173  1.00 34.47           C
ATOM   3195  O   TYR B 198     -12.324  31.909   2.821  1.00 35.65           O
ATOM   3196  CB  TYR B 198     -12.252  30.347   0.210  1.00 29.88           C
ATOM   3197  CG  TYR B 198     -12.394  30.041  -1.259  1.00 32.49           C
ATOM   3198  CD1 TYR B 198     -11.774  30.838  -2.219  1.00 31.45           C
ATOM   3199  CD2 TYR B 198     -13.179  28.978  -1.694  1.00 30.07           C
ATOM   3200  CE1 TYR B 198     -11.919  30.573  -3.572  1.00 35.86           C
ATOM   3201  CE2 TYR B 198     -13.327  28.706  -3.043  1.00 31.84           C
ATOM   3202  CZ  TYR B 198     -12.695  29.509  -3.975  1.00 31.78           C
ATOM   3203  OH  TYR B 198     -12.842  29.245  -5.313  1.00 37.12           O
ATOM   3204  N   ALA B 199     -14.435  31.148   2.731  1.00 31.33           N
ATOM   3205  CA  ALA B 199     -14.672  31.330   4.155  1.00 35.87           C
ATOM   3206  C   ALA B 199     -15.414  30.150   4.755  1.00 37.75           C
ATOM   3207  O   ALA B 199     -16.236  29.517   4.090  1.00 29.26           O
ATOM   3208  CB  ALA B 199     -15.454  32.614   4.394  1.00 28.89           C
ATOM   3209  N   CYS B 200     -15.114  29.844   6.012  1.00 29.79           N
ATOM   3210  CA  CYS B 200     -15.967  28.940   6.764  1.00 30.62           C
ATOM   3211  C   CYS B 200     -16.481  29.695   7.980  1.00 34.82           C
ATOM   3212  O   CYS B 200     -15.727  30.376   8.673  1.00 35.07           O
ATOM   3213  CB  CYS B 200     -15.232  27.651   7.157  1.00 39.10           C
ATOM   3214  SG  CYS B 200     -13.954  27.783   8.432  1.00 54.20           S
ATOM   3215  N   GLU B 201     -17.785  29.598   8.205  1.00 34.80           N
ATOM   3216  CA  GLU B 201     -18.438  30.312   9.289  1.00 35.26           C
ATOM   3217  C   GLU B 201     -18.905  29.313  10.338  1.00 33.11           C
ATOM   3218  O   GLU B 201     -19.670  28.395  10.036  1.00 30.25           O
ATOM   3219  CB  GLU B 201     -19.619  31.134   8.764  1.00 31.34           C
ATOM   3220  CG  GLU B 201     -20.333  31.938   9.838  1.00 46.76           C
ATOM   3221  CD  GLU B 201     -21.725  32.382   9.423  1.00 57.59           C
ATOM   3222  OE1 GLU B 201     -22.650  31.538   9.431  1.00 59.83           O
ATOM   3223  OE2 GLU B 201     -21.893  33.575   9.093  1.00 62.46           O
ATOM   3224  N   VAL B 202     -18.450  29.490  11.572  1.00 33.14           N
ATOM   3225  CA  VAL B 202     -18.715  28.498  12.604  1.00 34.14           C
ATOM   3226  C   VAL B 202     -19.683  28.996  13.674  1.00 34.64           C
ATOM   3227  O   VAL B 202     -19.512  30.079  14.236  1.00 32.69           O
ATOM   3228  CB  VAL B 202     -17.408  28.046  13.276  1.00 32.83           C
ATOM   3229  CG1 VAL B 202     -17.699  27.136  14.458  1.00 27.65           C
ATOM   3230  CG2 VAL B 202     -16.513  27.355  12.258  1.00 31.56           C
ATOM   3231  N   THR B 203     -20.702  28.185  13.942  1.00 30.80           N
ATOM   3232  CA  THR B 203     -21.670  28.455  14.997  1.00 34.07           C
ATOM   3233  C   THR B 203     -21.556  27.394  16.091  1.00 36.01           C
ATOM   3234  O   THR B 203     -21.518  26.196  15.802  1.00 34.64           O
ATOM   3235  CB  THR B 203     -23.111  28.477  14.444  1.00 36.63           C
ATOM   3236  CG2 THR B 203     -24.102  28.883  15.526  1.00 36.15           C
ATOM   3237  OG1 THR B 203     -23.190  29.403  13.356  1.00 45.86           O
ATOM   3238  N   HIS B 204     -21.499  27.841  17.343  1.00 32.76           N
ATOM   3239  CA  HIS B 204     -21.356  26.946  18.487  1.00 34.42           C
ATOM   3240  C   HIS B 204     -21.850  27.620  19.764  1.00 33.50           C
ATOM   3241  O   HIS B 204     -21.750  28.837  19.909  1.00 34.28           O
ATOM   3242  CB  HIS B 204     -19.895  26.510  18.656  1.00 29.00           C
ATOM   3243  CG  HIS B 204     -19.689  25.483  19.728  1.00 38.33           C
ATOM   3244  CD2 HIS B 204     -19.847  24.138  19.717  1.00 32.84           C
ATOM   3245  ND1 HIS B 204     -19.266  25.810  20.999  1.00 29.49           N
ATOM   3246  CE1 HIS B 204     -19.177  24.710  21.726  1.00 34.17           C
ATOM   3247  NE2 HIS B 204     -19.522  23.681  20.973  1.00 33.34           N
ATOM   3248  N   GLN B 205     -22.367  26.816  20.687  1.00 33.90           N
ATOM   3249  CA  GLN B 205     -22.892  27.307  21.961  1.00 33.84           C
ATOM   3250  C   GLN B 205     -21.905  28.198  22.725  1.00 36.35           C
ATOM   3251  O   GLN B 205     -22.313  29.126  23.425  1.00 40.21           O
ATOM   3252  CB  GLN B 205     -23.309  26.121  22.835  1.00 33.40           C
ATOM   3253  CG  GLN B 205     -23.981  26.507  24.136  1.00 49.24           C
ATOM   3254  CD  GLN B 205     -24.475  25.304  24.914  1.00 50.37           C
ATOM   3255  NE2 GLN B 205     -24.852  25.527  26.168  1.00 57.58           N
ATOM   3256  OE1 GLN B 205     -24.518  24.186  24.396  1.00 53.77           O
ATOM   3257  N   GLY B 206     -20.610  27.931  22.578  1.00 30.24           N
ATOM   3258  CA  GLY B 206     -19.587  28.728  23.237  1.00 32.96           C
ATOM   3259  C   GLY B 206     -19.239  30.036  22.542  1.00 34.80           C
ATOM   3260  O   GLY B 206     -18.466  30.834  23.064  1.00 30.49           O
ATOM   3261  N   LEU B 207     -19.806  30.260  21.363  1.00 38.67           N
ATOM   3262  CA  LEU B 207     -19.553  31.492  20.619  1.00 41.75           C
ATOM   3263  C   LEU B 207     -20.765  32.412  20.674  1.00 40.10           C
```

```
ATOM   3264  O   LEU B 207     -21.848  32.050  20.210  1.00 42.41           O
ATOM   3265  CB  LEU B 207     -19.204  31.180  19.165  1.00 34.75           C
ATOM   3266  CG  LEU B 207     -17.957  30.336  18.917  1.00 35.04           C
ATOM   3267  CD1 LEU B 207     -17.871  29.946  17.444  1.00 32.97           C
ATOM   3268  CD2 LEU B 207     -16.709  31.087  19.362  1.00 34.44           C
ATOM   3269  N   SER B 208     -20.582  33.600  21.239  1.00 41.65           N
ATOM   3270  CA  SER B 208     -21.685  34.551  21.366  1.00 50.19           C
ATOM   3271  C   SER B 208     -22.189  34.991  19.989  1.00 43.51           C
ATOM   3272  O   SER B 208     -23.367  35.307  19.824  1.00 51.88           O
ATOM   3273  CB  SER B 208     -21.260  35.758  22.207  1.00 41.21           C
ATOM   3274  OG  SER B 208     -19.985  36.239  21.815  1.00 63.38           O
ATOM   3275  N   SER B 209     -21.296  34.995  19.002  1.00 40.06           N
ATOM   3276  CA  SER B 209     -21.682  35.228  17.613  1.00 44.47           C
ATOM   3277  C   SER B 209     -20.812  34.364  16.695  1.00 38.33           C
ATOM   3278  O   SER B 209     -19.696  34.005  17.067  1.00 43.33           O
ATOM   3279  CB  SER B 209     -21.557  36.715  17.253  1.00 45.07           C
ATOM   3280  OG  SER B 209     -20.203  37.102  17.120  1.00 49.50           O
ATOM   3281  N   PRO B 210     -21.323  34.017  15.499  1.00 44.65           N
ATOM   3282  CA  PRO B 210     -20.580  33.149  14.574  1.00 38.77           C
ATOM   3283  C   PRO B 210     -19.176  33.661  14.264  1.00 41.23           C
ATOM   3284  O   PRO B 210     -18.966  34.867  14.141  1.00 45.61           O
ATOM   3285  CB  PRO B 210     -21.450  33.156  13.315  1.00 39.30           C
ATOM   3286  CG  PRO B 210     -22.826  33.399  13.826  1.00 43.89           C
ATOM   3287  CD  PRO B 210     -22.658  34.357  14.974  1.00 40.75           C
ATOM   3288  N   VAL B 211     -18.224  32.741  14.155  1.00 39.40           N
ATOM   3289  CA  VAL B 211     -16.834  33.090  13.883  1.00 39.75           C
ATOM   3290  C   VAL B 211     -16.475  32.703  12.452  1.00 40.69           C
ATOM   3291  O   VAL B 211     -16.747  31.582  12.020  1.00 36.87           O
ATOM   3292  CB  VAL B 211     -15.877  32.398  14.880  1.00 38.99           C
ATOM   3293  CG1 VAL B 211     -14.429  32.537  14.436  1.00 34.79           C
ATOM   3294  CG2 VAL B 211     -16.071  32.973  16.272  1.00 40.49           C
ATOM   3295  N   THR B 212     -15.880  33.639  11.716  1.00 35.72           N
ATOM   3296  CA  THR B 212     -15.550  33.409  10.314  1.00 39.63           C
ATOM   3297  C   THR B 212     -14.055  33.500  10.046  1.00 35.76           C
ATOM   3298  O   THR B 212     -13.424  34.518  10.323  1.00 42.94           O
ATOM   3299  CB  THR B 212     -16.272  34.414   9.391  1.00 38.85           C
ATOM   3300  CG2 THR B 212     -15.814  34.238   7.953  1.00 37.83           C
ATOM   3301  OG1 THR B 212     -17.687  34.196   9.461  1.00 46.70           O
ATOM   3302  N   LYS B 213     -13.491  32.424   9.513  1.00 33.60           N
ATOM   3303  CA  LYS B 213     -12.120  32.451   9.029  1.00 36.19           C
ATOM   3304  C   LYS B 213     -12.155  32.386   7.514  1.00 38.31           C
ATOM   3305  O   LYS B 213     -12.964  31.659   6.938  1.00 40.76           O
ATOM   3306  CB  LYS B 213     -11.298  31.295   9.602  1.00 35.13           C
ATOM   3307  CG  LYS B 213     -11.186  31.301  11.120  1.00 41.13           C
ATOM   3308  CD  LYS B 213     -10.462  32.537  11.635  1.00 36.48           C
ATOM   3309  CE  LYS B 213     -10.432  32.550  13.161  1.00 36.86           C
ATOM   3310  NZ  LYS B 213      -9.699  33.727  13.703  1.00 51.87           N
ATOM   3311  N   SER B 214     -11.283  33.149   6.869  1.00 36.97           N
ATOM   3312  CA  SER B 214     -11.301  33.233   5.420  1.00 35.10           C
ATOM   3313  C   SER B 214      -9.934  33.547   4.827  1.00 37.64           C
ATOM   3314  O   SER B 214      -9.021  33.986   5.524  1.00 41.48           O
ATOM   3315  CB  SER B 214     -12.307  34.291   4.971  1.00 35.76           C
ATOM   3316  OG  SER B 214     -11.918  35.574   5.422  1.00 40.23           O
ATOM   3317  N   PHE B 215      -9.804  33.297   3.530  1.00 36.45           N
ATOM   3318  CA  PHE B 215      -8.651  33.746   2.767  1.00 39.24           C
ATOM   3319  C   PHE B 215      -9.114  34.202   1.388  1.00 45.83           C
ATOM   3320  O   PHE B 215     -10.185  33.804   0.916  1.00 37.02           O
ATOM   3321  CB  PHE B 215      -7.598  32.640   2.645  1.00 32.01           C
ATOM   3322  CG  PHE B 215      -8.066  31.428   1.878  1.00 38.83           C
ATOM   3323  CD1 PHE B 215      -8.729  30.397   2.524  1.00 31.21           C
ATOM   3324  CD2 PHE B 215      -7.830  31.315   0.516  1.00 35.76           C
ATOM   3325  CE1 PHE B 215      -9.156  29.279   1.825  1.00 33.60           C
ATOM   3326  CE2 PHE B 215      -8.251  30.201  -0.190  1.00 35.19           C
ATOM   3327  CZ  PHE B 215      -8.915  29.180   0.466  1.00 34.00           C
ATOM   3328  N   ASN B 216      -8.316  35.057   0.761  1.00 45.06           N
ATOM   3329  CA  ASN B 216      -8.533  35.429  -0.629  1.00 42.67           C
ATOM   3330  C   ASN B 216      -7.591  34.626  -1.499  1.00 39.47           C
ATOM   3331  O   ASN B 216      -6.388  34.607  -1.255  1.00 45.25           O
ATOM   3332  CB  ASN B 216      -8.310  36.926  -0.843  1.00 45.51           C
ATOM   3333  CG  ASN B 216      -9.256  37.778  -0.024  1.00 49.43           C
ATOM   3334  ND2 ASN B 216      -8.785  38.943   0.402  1.00 55.43           N
```

```
ATOM   3335  OD1 ASN B 216     -10.396  37.393   0.227  1.00 51.90           O
ATOM   3336  N   ARG B 217      -8.138  33.946  -2.499  1.00 39.98           N
ATOM   3337  CA  ARG B 217      -7.327  33.135  -3.396  1.00 43.37           C
ATOM   3338  C   ARG B 217      -6.257  33.985  -4.069  1.00 49.33           C
ATOM   3339  O   ARG B 217      -6.559  35.019  -4.665  1.00 52.85           O
ATOM   3340  CB  ARG B 217      -8.207  32.457  -4.449  1.00 42.40           C
ATOM   3341  CG  ARG B 217      -7.441  31.578  -5.420  1.00 38.23           C
ATOM   3342  CD  ARG B 217      -8.358  31.012  -6.485  1.00 38.31           C
ATOM   3343  NE  ARG B 217      -9.059  32.068  -7.204  1.00 42.76           N
ATOM   3344  CZ  ARG B 217      -8.588  32.665  -8.292  1.00 51.33           C
ATOM   3345  NH1 ARG B 217      -7.414  32.303  -8.793  1.00 42.73           N
ATOM   3346  NH2 ARG B 217      -9.294  33.622  -8.883  1.00 48.38           N
ATOM   3347  N   GLY B 218      -5.004  33.555  -3.952  1.00 53.01           N
ATOM   3348  CA  GLY B 218      -3.897  34.253  -4.582  1.00 57.34           C
ATOM   3349  C   GLY B 218      -3.338  35.410  -3.771  1.00 63.03           C
ATOM   3350  O   GLY B 218      -2.818  36.373  -4.334  1.00 67.80           O
ATOM   3351  N   GLU B 219      -3.443  35.321  -2.449  1.00 60.01           N
ATOM   3352  CA  GLU B 219      -2.900  36.353  -1.571  1.00 61.79           C
ATOM   3353  C   GLU B 219      -2.130  35.742  -0.405  1.00 61.79           C
ATOM   3354  O   GLU B 219      -1.976  34.525  -0.321  1.00 69.81           O
ATOM   3355  CB  GLU B 219      -4.015  37.259  -1.042  1.00 62.53           C
ATOM   3356  CG  GLU B 219      -4.663  38.151  -2.096  1.00 56.22           C
ATOM   3357  CD  GLU B 219      -5.625  39.161  -1.489  1.00 74.19           C
ATOM   3358  OE1 GLU B 219      -5.593  39.345  -0.252  1.00 78.86           O
ATOM   3359  OE2 GLU B 219      -6.413  39.770  -2.247  1.00 64.28           O
TER
ATOM   3360  N   THR C 152     -29.241 -45.858  26.627  1.00 80.47      D000 N
ATOM   3361  CA  THR C 152     -29.487 -45.616  28.045  1.00 91.58      D000 C
ATOM   3362  C   THR C 152     -29.269 -44.146  28.405  1.00 88.87      D000 C
ATOM   3363  O   THR C 152     -28.934 -43.329  27.545  1.00 88.60      D000 O
ATOM   3364  CB  THR C 152     -28.582 -46.499  28.936  1.00 90.05      D000 C
ATOM   3365  CG2 THR C 152     -29.009 -47.960  28.857  1.00 70.32      D000 C
ATOM   3366  OG1 THR C 152     -27.220 -46.382  28.506  1.00 79.38      D000 O
ATOM   3367  N   CYS C 153     -29.465 -43.813  29.677  1.00 83.40      D000 N
ATOM   3368  CA  CYS C 153     -29.261 -42.446  30.143  1.00 72.69      D000 C
ATOM   3369  C   CYS C 153     -28.836 -42.415  31.611  1.00 63.73      D000 C
ATOM   3370  O   CYS C 153     -28.923 -43.419  32.318  1.00 52.26      D000 O
ATOM   3371  CB  CYS C 153     -30.532 -41.616  29.941  1.00 73.56      D000 C
ATOM   3372  SG  CYS C 153     -30.281 -39.826  30.081  1.00 98.30      D000 S
ATOM   3373  N   CYS C 154     -28.370 -41.254  32.059  1.00 61.15      D000 N
ATOM   3374  CA  CYS C 154     -27.916 -41.085  33.434  1.00 58.46      D000 C
ATOM   3375  C   CYS C 154     -29.071 -41.141  34.432  1.00 51.28      D000 C
ATOM   3376  O   CYS C 154     -30.208 -40.827  34.086  1.00 47.54      D000 O
ATOM   3377  CB  CYS C 154     -27.160 -39.758  33.580  1.00 53.06      D000 C
ATOM   3378  SG  CYS C 154     -25.446 -39.818  33.000  1.00 71.64      D000 S
ATOM   3379  N   PRO C 155     -28.781 -41.556  35.674  1.00 43.23      D000 N
ATOM   3380  CA  PRO C 155     -29.767 -41.494  36.757  1.00 48.50      D000 C
ATOM   3381  C   PRO C 155     -30.193 -40.062  37.062  1.00 49.23      D000 C
ATOM   3382  O   PRO C 155     -29.481 -39.117  36.708  1.00 42.32      D000 O
ATOM   3383  CB  PRO C 155     -29.020 -42.104  37.953  1.00 42.80      D000 C
ATOM   3384  CG  PRO C 155     -27.576 -41.991  37.609  1.00 50.48      D000 C
ATOM   3385  CD  PRO C 155     -27.514 -42.158  36.122  1.00 50.94      D000 C
ATOM   3386  N   VAL C 156     -31.343 -39.913  37.713  1.00 40.74      D000 N
ATOM   3387  CA  VAL C 156     -31.863 -38.598  38.077  1.00 48.19      D000 C
ATOM   3388  C   VAL C 156     -30.837 -37.822  38.897  1.00 42.17      D000 C
ATOM   3389  O   VAL C 156     -30.149 -38.403  39.739  1.00 40.87      D000 O
ATOM   3390  CB  VAL C 156     -33.183 -38.717  38.875  1.00 54.12      D000 C
ATOM   3391  CG1 VAL C 156     -33.775 -37.341  39.149  1.00 44.84      D000 C
ATOM   3392  CG2 VAL C 156     -34.181 -39.590  38.122  1.00 50.34      D000 C
ATOM   3393  N   ASN C 157     -30.727 -36.522  38.610  1.00 41.21      D000 N
ATOM   3394  CA  ASN C 157     -29.820 -35.593  39.292  1.00 41.02      D000 C
ATOM   3395  C   ASN C 157     -28.353 -35.786  38.927  1.00 39.65      D000 C
ATOM   3396  O   ASN C 157     -27.481 -35.121  39.485  1.00 47.91      D000 O
ATOM   3397  CB  ASN C 157     -29.979 -35.689  40.812  1.00 45.93      D000 C
ATOM   3398  CG  ASN C 157     -31.360 -35.289  41.276  1.00 51.89      D000 C
ATOM   3399  ND2 ASN C 157     -31.885 -36.011  42.260  1.00 51.21      D000 N
ATOM   3400  OD1 ASN C 157     -31.953 -34.347  40.752  1.00 55.30      D000 O
ATOM   3401  N   TRP C 158     -28.081 -36.696  37.997  1.00 38.04      D000 N
ATOM   3402  CA  TRP C 158     -26.737 -36.841  37.449  1.00 35.52      D000 C
ATOM   3403  C   TRP C 158     -26.694 -36.212  36.061  1.00 41.15      D000 C
ATOM   3404  O   TRP C 158     -27.720 -36.118  35.387  1.00 32.47      D000 O
```

```
ATOM   3405  CB  TRP C 158     -26.323 -38.313  37.394  1.00 35.29      D000 C
ATOM   3406  CG  TRP C 158     -26.115 -38.930  38.751  1.00 40.11      D000 C
ATOM   3407  CD1 TRP C 158     -27.045 -39.064  39.741  1.00 38.54      D000 C
ATOM   3408  CD2 TRP C 158     -24.903 -39.505  39.262  1.00 36.91      D000 C
ATOM   3409  CE2 TRP C 158     -25.175 -39.961  40.568  1.00 38.54      D000 C
ATOM   3410  CE3 TRP C 158     -23.615 -39.676  38.743  1.00 32.86      D000 C
ATOM   3411  NE1 TRP C 158     -26.488 -39.677  40.837  1.00 42.00      D000 N
ATOM   3412  CZ2 TRP C 158     -24.209 -40.576  41.362  1.00 34.01      D000 C
ATOM   3413  CZ3 TRP C 158     -22.657 -40.286  39.533  1.00 31.10      D000 C
ATOM   3414  CH2 TRP C 158     -22.958 -40.728  40.827  1.00 31.72      D000 C
ATOM   3415  N   VAL C 159     -25.511 -35.775  35.640  1.00 37.12      D000 N
ATOM   3416  CA  VAL C 159     -25.359 -35.091  34.360  1.00 35.19      D000 C
ATOM   3417  C   VAL C 159     -24.434 -35.876  33.422  1.00 42.52      D000 C
ATOM   3418  O   VAL C 159     -23.383 -36.372  33.837  1.00 37.10      D000 O
ATOM   3419  CB  VAL C 159     -24.811 -33.660  34.557  1.00 36.85      D000 C
ATOM   3420  CG1 VAL C 159     -24.794 -32.907  33.240  1.00 35.63      D000 C
ATOM   3421  CG2 VAL C 159     -25.650 -32.909  35.583  1.00 36.56      D000 C
ATOM   3422  N   GLU C 160     -24.827 -35.987  32.157  1.00 36.06      D000 N
ATOM   3423  CA  GLU C 160     -24.070 -36.784  31.197  1.00 43.73      D000 C
ATOM   3424  C   GLU C 160     -23.047 -35.975  30.405  1.00 36.77      D000 C
ATOM   3425  O   GLU C 160     -23.328 -34.874  29.939  1.00 41.07      D000 O
ATOM   3426  CB  GLU C 160     -25.018 -37.481  30.221  1.00 43.94      D000 C
ATOM   3427  CG  GLU C 160     -24.301 -38.291  29.158  1.00 50.04      D000 C
ATOM   3428  CD  GLU C 160     -25.222 -38.743  28.045  1.00 67.78      D000 C
ATOM   3429  OE1 GLU C 160     -26.430 -38.930  28.308  1.00 69.69      D000 O
ATOM   3430  OE2 GLU C 160     -24.735 -38.904  26.905  1.00 67.23      D000 O
ATOM   3431  N   HIS C 161     -21.856 -36.541  30.261  1.00 37.45      D000 N
ATOM   3432  CA  HIS C 161     -20.829 -35.993  29.388  1.00 38.41      D000 C
ATOM   3433  C   HIS C 161     -19.987 -37.135  28.842  1.00 40.31      D000 C
ATOM   3434  O   HIS C 161     -19.301 -37.816  29.604  1.00 36.78      D000 O
ATOM   3435  CB  HIS C 161     -19.951 -34.987  30.134  1.00 35.44      D000 C
ATOM   3436  CG  HIS C 161     -18.785 -34.487  29.334  1.00 39.39      D000 C
ATOM   3437  CD2 HIS C 161     -17.492 -34.888  29.300  1.00 37.49      D000 C
ATOM   3438  ND1 HIS C 161     -18.888 -33.445  28.439  1.00 37.81      D000 N
ATOM   3439  CE1 HIS C 161     -17.707 -33.223  27.887  1.00 36.44      D000 C
ATOM   3440  NE2 HIS C 161     -16.844 -34.085  28.390  1.00 39.12      D000 N
ATOM   3441  N   GLU C 162     -20.066 -37.349  27.529  1.00 45.55      D000 N
ATOM   3442  CA  GLU C 162     -19.271 -38.365  26.834  1.00 40.64      D000 C
ATOM   3443  C   GLU C 162     -19.341 -39.749  27.484  1.00 41.12      D000 C
ATOM   3444  O   GLU C 162     -18.318 -40.305  27.887  1.00 42.56      D000 O
ATOM   3445  CB  GLU C 162     -17.806 -37.919  26.744  1.00 41.10      D000 C
ATOM   3446  CG  GLU C 162     -17.596 -36.576  26.052  1.00 49.56      D000 C
ATOM   3447  CD  GLU C 162     -18.120 -36.554  24.622  1.00 68.97      D000 C
ATOM   3448  OE1 GLU C 162     -18.103 -37.612  23.955  1.00 61.44      D000 O
ATOM   3449  OE2 GLU C 162     -18.551 -35.472  24.163  1.00 82.19      D000 O
ATOM   3450  N   ARG C 163     -20.550 -40.289  27.586  1.00 39.55      D000 N
ATOM   3451  CA  ARG C 163     -20.790 -41.614  28.175  1.00 50.72      D000 C
ATOM   3452  C   ARG C 163     -20.305 -41.757  29.628  1.00 46.47      D000 C
ATOM   3453  O   ARG C 163     -20.132 -42.870  30.127  1.00 44.94      D000 O
ATOM   3454  CB  ARG C 163     -20.156 -42.710  27.306  1.00 49.40      D000 C
ATOM   3455  CG  ARG C 163     -20.768 -42.827  25.907  1.00 51.79      D000 C
ATOM   3456  CD  ARG C 163     -20.685 -44.252  25.348  1.00 44.72      D000 C
ATOM   3457  NE  ARG C 163     -21.723 -45.140  25.879  1.00 51.93      D000 N
ATOM   3458  CZ  ARG C 163     -21.483 -46.234  26.606  1.00 59.01      D000 C
ATOM   3459  NH1 ARG C 163     -22.492 -46.980  27.044  1.00 45.88      D000 N
ATOM   3460  NH2 ARG C 163     -20.236 -46.586  26.897  1.00 49.85      D000 N
ATOM   3461  N   SER C 164     -20.099 -40.633  30.306  1.00 43.03      D000 N
ATOM   3462  CA  SER C 164     -19.865 -40.646  31.746  1.00 37.64      D000 C
ATOM   3463  C   SER C 164     -20.969 -39.876  32.459  1.00 37.23      D000 C
ATOM   3464  O   SER C 164     -21.536 -38.933  31.903  1.00 37.58      D000 O
ATOM   3465  CB  SER C 164     -18.498 -40.052  32.092  1.00 37.20      D000 C
ATOM   3466  OG  SER C 164     -17.509 -41.061  32.172  1.00 40.60      D000 O
ATOM   3467  N   CYS C 165     -21.272 -40.283  33.687  1.00 36.28      D000 N
ATOM   3468  CA  CYS C 165     -22.296 -39.624  34.493  1.00 35.32      D000 C
ATOM   3469  C   CYS C 165     -21.666 -38.921  35.688  1.00 39.53      D000 C
ATOM   3470  O   CYS C 165     -20.843 -39.504  36.398  1.00 33.29      D000 O
ATOM   3471  CB  CYS C 165     -23.344 -40.632  34.974  1.00 42.45      D000 C
ATOM   3472  SG  CYS C 165     -24.315 -41.382  33.657  1.00 55.85      D000 S
ATOM   3473  N   TYR C 166     -22.065 -37.674  35.915  1.00 29.38      D000 N
ATOM   3474  CA  TYR C 166     -21.475 -36.870  36.976  1.00 33.48      D000 C
ATOM   3475  C   TYR C 166     -22.532 -36.391  37.963  1.00 33.01      D000 C
```

```
ATOM   3476  O   TYR C 166     -23.665 -36.110  37.589  1.00 33.24      D000 O
ATOM   3477  CB  TYR C 166     -20.730 -35.667  36.388  1.00 32.05      D000 C
ATOM   3478  CG  TYR C 166     -19.658 -36.030  35.383  1.00 31.06      D000 C
ATOM   3479  CD1 TYR C 166     -19.990 -36.385  34.080  1.00 30.70      D000 C
ATOM   3480  CD2 TYR C 166     -18.313 -36.003  35.732  1.00 30.70      D000 C
ATOM   3481  CE1 TYR C 166     -19.017 -36.713  33.153  1.00 33.69      D000 C
ATOM   3482  CE2 TYR C 166     -17.329 -36.329  34.807  1.00 32.22      D000 C
ATOM   3483  CZ  TYR C 166     -17.690 -36.682  33.519  1.00 32.45      D000 C
ATOM   3484  OH  TYR C 166     -16.723 -37.007  32.593  1.00 35.47      D000 O
ATOM   3485  N   TRP C 167     -22.156 -36.309  39.231  1.00 33.71      D000 N
ATOM   3486  CA  TRP C 167     -23.032 -35.743  40.246  1.00 35.55      D000 C
ATOM   3487  C   TRP C 167     -22.262 -34.685  41.017  1.00 32.66      D000 C
ATOM   3488  O   TRP C 167     -21.140 -34.931  41.470  1.00 31.46      D000 O
ATOM   3489  CB  TRP C 167     -23.559 -36.827  41.186  1.00 35.80      D000 C
ATOM   3490  CG  TRP C 167     -24.458 -36.290  42.265  1.00 43.58      D000 C
ATOM   3491  CD1 TRP C 167     -25.805 -36.079  42.183  1.00 38.70      D000 C
ATOM   3492  CD2 TRP C 167     -24.070 -35.896  43.587  1.00 35.59      D000 C
ATOM   3493  CE2 TRP C 167     -25.235 -35.456  44.251  1.00 41.09      D000 C
ATOM   3494  CE3 TRP C 167     -22.852 -35.869  44.271  1.00 35.37      D000 C
ATOM   3495  NE1 TRP C 167     -26.280 -35.577  43.373  1.00 39.42      D000 N
ATOM   3496  CZ2 TRP C 167     -25.215 -34.997  45.567  1.00 38.44      D000 C
ATOM   3497  CZ3 TRP C 167     -22.835 -35.415  45.579  1.00 37.33      D000 C
ATOM   3498  CH2 TRP C 167     -24.008 -34.985  46.213  1.00 36.75      D000 C
ATOM   3499  N   PHE C 168     -22.858 -33.505  41.155  1.00 33.58      D000 N
ATOM   3500  CA  PHE C 168     -22.172 -32.374  41.778  1.00 33.25      D000 C
ATOM   3501  C   PHE C 168     -22.773 -32.041  43.134  1.00 31.97      D000 C
ATOM   3502  O   PHE C 168     -23.953 -31.721  43.227  1.00 34.21      D000 O
ATOM   3503  CB  PHE C 168     -22.229 -31.148  40.861  1.00 28.44      D000 C
ATOM   3504  CG  PHE C 168     -21.573 -31.363  39.526  1.00 30.16      D000 C
ATOM   3505  CD1 PHE C 168     -22.287 -31.896  38.463  1.00 31.96      D000 C
ATOM   3506  CD2 PHE C 168     -20.239 -31.038  39.337  1.00 29.17      D000 C
ATOM   3507  CE1 PHE C 168     -21.682 -32.099  37.229  1.00 29.38      D000 C
ATOM   3508  CE2 PHE C 168     -19.625 -31.242  38.114  1.00 28.14      D000 C
ATOM   3509  CZ  PHE C 168     -20.348 -31.776  37.057  1.00 28.28      D000 C
ATOM   3510  N   SER C 169     -21.961 -32.110  44.186  1.00 30.11      D000 N
ATOM   3511  CA  SER C 169     -22.462 -31.851  45.528  1.00 31.18      D000 C
ATOM   3512  C   SER C 169     -22.693 -30.360  45.740  1.00 37.87      D000 C
ATOM   3513  O   SER C 169     -22.121 -29.522  45.038  1.00 34.20      D000 O
ATOM   3514  CB  SER C 169     -21.494 -32.389  46.583  1.00 30.35      D000 C
ATOM   3515  OG  SER C 169     -20.471 -31.453  46.859  1.00 30.05      D000 O
ATOM   3516  N   ARG C 170     -23.536 -30.027  46.708  1.00 37.76      D000 N
ATOM   3517  CA  ARG C 170     -23.767 -28.628  47.046  1.00 42.71      D000 C
ATOM   3518  C   ARG C 170     -23.330 -28.383  48.488  1.00 43.83      D000 C
ATOM   3519  O   ARG C 170     -23.437 -27.274  49.010  1.00 47.78      D000 O
ATOM   3520  CB  ARG C 170     -25.237 -28.254  46.829  1.00 44.70      D000 C
ATOM   3521  CG  ARG C 170     -25.717 -28.513  45.395  1.00 57.03      D000 C
ATOM   3522  CD  ARG C 170     -27.063 -27.862  45.082  1.00 63.29      D000 C
ATOM   3523  NE  ARG C 170     -28.144 -28.365  45.925  1.00 84.25      D000 N
ATOM   3524  CZ  ARG C 170     -28.822 -29.485  45.688  1.00 84.39      D000 C
ATOM   3525  NH1 ARG C 170     -29.792 -29.862  46.511  1.00 72.14      D000 N
ATOM   3526  NH2 ARG C 170     -28.528 -30.230  44.631  1.00 91.59      D000 N
ATOM   3527  N   SER C 171     -22.817 -29.439  49.112  1.00 39.23      D000 N
ATOM   3528  CA  SER C 171     -22.298 -29.372  50.470  1.00 41.01      D000 C
ATOM   3529  C   SER C 171     -20.827 -29.773  50.489  1.00 37.33      D000 C
ATOM   3530  O   SER C 171     -20.305 -30.281  49.499  1.00 31.87      D000 O
ATOM   3531  CB  SER C 171     -23.106 -30.277  51.401  1.00 36.62      D000 C
ATOM   3532  OG  SER C 171     -23.000 -31.633  51.004  1.00 43.48      D000 O
ATOM   3533  N   GLY C 172     -20.166 -29.549  51.620  1.00 31.79      D000 N
ATOM   3534  CA  GLY C 172     -18.749 -29.840  51.743  1.00 31.58      D000 C
ATOM   3535  C   GLY C 172     -18.428 -31.069  52.573  1.00 37.61      D000 C
ATOM   3536  O   GLY C 172     -19.161 -31.427  53.495  1.00 34.62      D000 O
ATOM   3537  N   LYS C 173     -17.317 -31.714  52.231  1.00 32.21      D000 N
ATOM   3538  CA  LYS C 173     -16.818 -32.878  52.954  1.00 30.84      D000 C
ATOM   3539  C   LYS C 173     -15.300 -32.903  52.885  1.00 36.15      D000 C
ATOM   3540  O   LYS C 173     -14.715 -32.463  51.894  1.00 35.63      D000 O
ATOM   3541  CB  LYS C 173     -17.365 -34.184  52.367  1.00 35.20      D000 C
ATOM   3542  CG  LYS C 173     -18.746 -34.590  52.824  1.00 33.26      D000 C
ATOM   3543  CD  LYS C 173     -19.092 -35.966  52.277  1.00 36.71      D000 C
ATOM   3544  CE  LYS C 173     -20.518 -36.364  52.617  1.00 39.30      D000 C
ATOM   3545  NZ  LYS C 173     -20.706 -36.532  54.082  1.00 42.46      D000 N
ATOM   3546  N   ALA C 174     -14.665 -33.423  53.930  1.00 34.50      D000 N
```

```
ATOM   3547  CA  ALA C 174     -13.244 -33.733  53.871  1.00 32.78      D000 C
ATOM   3548  C   ALA C 174     -13.011 -34.731  52.737  1.00 30.79      D000 C
ATOM   3549  O   ALA C 174     -13.918 -35.486  52.375  1.00 27.51      D000 O
ATOM   3550  CB  ALA C 174     -12.756 -34.296  55.201  1.00 32.37      D000 C
ATOM   3551  N   TRP C 175     -11.802 -34.736  52.182  1.00 28.74      D000 N
ATOM   3552  CA  TRP C 175     -11.510 -35.556  51.011  1.00 34.63      D000 C
ATOM   3553  C   TRP C 175     -11.853 -37.026  51.230  1.00 31.83      D000 C
ATOM   3554  O   TRP C 175     -12.520 -37.640  50.398  1.00 31.59      D000 O
ATOM   3555  CB  TRP C 175     -10.041 -35.430  50.606  1.00 31.97      D000 C
ATOM   3556  CG  TRP C 175      -9.771 -36.017  49.251  1.00 27.08      D000 C
ATOM   3557  CD1 TRP C 175      -9.812 -35.364  48.051  1.00 33.57      D000 C
ATOM   3558  CD2 TRP C 175      -9.442 -37.378  48.955  1.00 30.56      D000 C
ATOM   3559  CE2 TRP C 175      -9.285 -37.476  47.558  1.00 29.73      D000 C
ATOM   3560  CE3 TRP C 175      -9.257 -38.524  49.737  1.00 31.43      D000 C
ATOM   3561  NE1 TRP C 175      -9.518 -36.234  47.029  1.00 30.16      D000 N
ATOM   3562  CZ2 TRP C 175      -8.958 -38.674  46.926  1.00 31.89      D000 C
ATOM   3563  CZ3 TRP C 175      -8.934 -39.711  49.107  1.00 33.11      D000 C
ATOM   3564  CH2 TRP C 175      -8.787 -39.777  47.715  1.00 31.57      D000 C
ATOM   3565  N   ALA C 176     -11.402 -37.585  52.349  1.00 36.55      D000 N
ATOM   3566  CA  ALA C 176     -11.654 -38.992  52.642  1.00 34.85      D000 C
ATOM   3567  C   ALA C 176     -13.153 -39.287  52.720  1.00 31.81      D000 C
ATOM   3568  O   ALA C 176     -13.611 -40.335  52.264  1.00 32.34      D000 O
ATOM   3569  CB  ALA C 176     -10.961 -39.397  53.940  1.00 39.21      D000 C
ATOM   3570  N   ASP C 177     -13.921 -38.362  53.286  1.00 29.24      D000 N
ATOM   3571  CA  ASP C 177     -15.363 -38.562  53.387  1.00 30.70      D000 C
ATOM   3572  C   ASP C 177     -16.048 -38.465  52.021  1.00 34.41      D000 C
ATOM   3573  O   ASP C 177     -17.005 -39.186  51.749  1.00 30.91      D000 O
ATOM   3574  CB  ASP C 177     -15.976 -37.560  54.363  1.00 36.68      D000 C
ATOM   3575  CG  ASP C 177     -15.641 -37.883  55.810  1.00 47.91      D000 C
ATOM   3576  OD1 ASP C 177     -15.459 -39.080  56.124  1.00 48.52      D000 O
ATOM   3577  OD2 ASP C 177     -15.561 -36.943  56.631  1.00 44.32      D000 O
ATOM   3578  N   ALA C 178     -15.558 -37.575  51.164  1.00 33.94      D000 N
ATOM   3579  CA  ALA C 178     -16.104 -37.450  49.814  1.00 37.48      D000 C
ATOM   3580  C   ALA C 178     -15.776 -38.696  48.994  1.00 30.71      D000 C
ATOM   3581  O   ALA C 178     -16.620 -39.219  48.265  1.00 33.32      D000 O
ATOM   3582  CB  ALA C 178     -15.568 -36.197  49.130  1.00 29.20      D000 C
ATOM   3583  N   ASP C 179     -14.540 -39.161  49.134  1.00 30.70      D000 N
ATOM   3584  CA  ASP C 179     -14.078 -40.389  48.501  1.00 27.81      D000 C
ATOM   3585  C   ASP C 179     -14.986 -41.564  48.868  1.00 36.66      D000 C
ATOM   3586  O   ASP C 179     -15.411 -42.333  48.005  1.00 36.40      D000 O
ATOM   3587  CB  ASP C 179     -12.630 -40.671  48.918  1.00 31.15      D000 C
ATOM   3588  CG  ASP C 179     -12.068 -41.935  48.289  1.00 39.74      D000 C
ATOM   3589  OD1 ASP C 179     -12.435 -42.255  47.139  1.00 49.64      D000 O
ATOM   3590  OD2 ASP C 179     -11.247 -42.607  48.947  1.00 47.11      D000 O
ATOM   3591  N   ASN C 180     -15.299 -41.680  50.153  1.00 32.38      D000 N
ATOM   3592  CA  ASN C 180     -16.155 -42.751  50.642  1.00 33.10      D000 C
ATOM   3593  C   ASN C 180     -17.598 -42.602  50.155  1.00 32.93      D000 C
ATOM   3594  O   ASN C 180     -18.224 -43.582  49.755  1.00 36.93      D000 O
ATOM   3595  CB  ASN C 180     -16.108 -42.799  52.171  1.00 39.79      D000 C
ATOM   3596  CG  ASN C 180     -16.936 -43.931  52.745  1.00 50.05      D000 C
ATOM   3597  ND2 ASN C 180     -16.557 -45.165  52.427  1.00 44.28      D000 N
ATOM   3598  OD1 ASN C 180     -17.911 -43.699  53.461  1.00 53.44      D000 O
ATOM   3599  N   TYR C 181     -18.120 -41.378  50.182  1.00 33.15      D000 N
ATOM   3600  CA  TYR C 181     -19.460 -41.105  49.659  1.00 36.25      D000 C
ATOM   3601  C   TYR C 181     -19.609 -41.606  48.218  1.00 38.76      D000 C
ATOM   3602  O   TYR C 181     -20.608 -42.238  47.875  1.00 36.89      D000 O
ATOM   3603  CB  TYR C 181     -19.775 -39.605  49.728  1.00 29.33      D000 C
ATOM   3604  CG  TYR C 181     -21.139 -39.226  49.184  1.00 38.78      D000 C
ATOM   3605  CD1 TYR C 181     -21.333 -39.016  47.820  1.00 39.24      D000 C
ATOM   3606  CD2 TYR C 181     -22.232 -39.065  50.032  1.00 37.86      D000 C
ATOM   3607  CE1 TYR C 181     -22.574 -38.670  47.316  1.00 41.79      D000 C
ATOM   3608  CE2 TYR C 181     -23.484 -38.716  49.534  1.00 30.18      D000 C
ATOM   3609  CZ  TYR C 181     -23.643 -38.520  48.173  1.00 43.34      D000 C
ATOM   3610  OH  TYR C 181     -24.868 -38.175  47.654  1.00 43.72      D000 O
ATOM   3611  N   CYS C 182     -18.617 -41.321  47.379  1.00 32.27      D000 N
ATOM   3612  CA  CYS C 182     -18.688 -41.720  45.977  1.00 33.21      D000 C
ATOM   3613  C   CYS C 182     -18.666 -43.240  45.819  1.00 36.35      D000 C
ATOM   3614  O   CYS C 182     -19.433 -43.793  45.032  1.00 28.20      D000 O
ATOM   3615  CB  CYS C 182     -17.550 -41.079  45.177  1.00 33.72      D000 C
ATOM   3616  SG  CYS C 182     -17.775 -39.294  44.910  1.00 35.82      D000 S
ATOM   3617  N   ARG C 183     -17.798 -43.911  46.573  1.00 38.71      D000 N
```

```
ATOM   3618  CA  ARG C 183     -17.731 -45.373  46.546  1.00 38.40      D000 C
ATOM   3619  C   ARG C 183     -19.071 -45.997  46.942  1.00 41.03      D000 C
ATOM   3620  O   ARG C 183     -19.466 -47.030  46.409  1.00 42.99      D000 O
ATOM   3621  CB  ARG C 183     -16.621 -45.880  47.473  1.00 39.02      D000 C
ATOM   3622  CG  ARG C 183     -15.217 -45.538  47.002  1.00 46.96      D000 C
ATOM   3623  CD  ARG C 183     -14.169 -45.992  48.007  1.00 60.57      D000 C
ATOM   3624  NE  ARG C 183     -12.816 -45.655  47.570  1.00 80.77      D000 N
ATOM   3625  CZ  ARG C 183     -11.722 -45.845  48.301  1.00 85.00      D000 C
ATOM   3626  NH1 ARG C 183     -11.814 -46.372  49.516  1.00 72.80      D000 N
ATOM   3627  NH2 ARG C 183     -10.532 -45.505  47.818  1.00 88.26      D000 N
ATOM   3628  N   LEU C 184     -19.769 -45.348  47.869  1.00 38.52      D000 N
ATOM   3629  CA  LEU C 184     -21.063 -45.822  48.348  1.00 45.53      D000 C
ATOM   3630  C   LEU C 184     -22.165 -45.627  47.305  1.00 44.46      D000 C
ATOM   3631  O   LEU C 184     -23.192 -46.300  47.344  1.00 49.42      D000 O
ATOM   3632  CB  LEU C 184     -21.436 -45.110  49.656  1.00 38.94      D000 C
ATOM   3633  CG  LEU C 184     -21.111 -45.837  50.967  1.00 47.53      D000 C
ATOM   3634  CD1 LEU C 184     -19.766 -46.545  50.898  1.00 51.14      D000 C
ATOM   3635  CD2 LEU C 184     -21.138 -44.869  52.138  1.00 42.20      D000 C
ATOM   3636  N   GLU C 185     -21.953 -44.701  46.376  1.00 42.20      D000 N
ATOM   3637  CA  GLU C 185     -22.903 -44.483  45.288  1.00 39.20      D000 C
ATOM   3638  C   GLU C 185     -22.504 -45.293  44.056  1.00 40.02      D000 C
ATOM   3639  O   GLU C 185     -22.992 -45.040  42.954  1.00 41.00      D000 O
ATOM   3640  CB  GLU C 185     -22.991 -42.997  44.936  1.00 43.28      D000 C
ATOM   3641  CG  GLU C 185     -23.645 -42.139  46.005  1.00 50.04      D000 C
ATOM   3642  CD  GLU C 185     -25.132 -42.410  46.144  1.00 63.83      D000 C
ATOM   3643  OE1 GLU C 185     -25.853 -42.327  45.125  1.00 64.40      D000 O
ATOM   3644  OE2 GLU C 185     -25.578 -42.711  47.274  1.00 66.65      D000 O
ATOM   3645  N   ASP C 186     -21.618 -46.266  44.266  1.00 39.71      D000 N
ATOM   3646  CA  ASP C 186     -21.073 -47.104  43.197  1.00 46.14      D000 C
ATOM   3647  C   ASP C 186     -20.374 -46.235  42.149  1.00 46.36      D000 C
ATOM   3648  O   ASP C 186     -20.472 -46.469  40.940  1.00 37.33      D000 O
ATOM   3649  CB  ASP C 186     -22.172 -47.957  42.555  1.00 48.03      D000 C
ATOM   3650  CG  ASP C 186     -21.616 -49.072  41.689  1.00 57.58      D000 C
ATOM   3651  OD1 ASP C 186     -20.621 -49.705  42.104  1.00 69.48      D000 O
ATOM   3652  OD2 ASP C 186     -22.167 -49.306  40.592  1.00 63.55      D000 O
ATOM   3653  N   ALA C 187     -19.667 -45.222  42.634  1.00 37.49      D000 N
ATOM   3654  CA  ALA C 187     -18.974 -44.291  41.763  1.00 36.04      D000 C
ATOM   3655  C   ALA C 187     -17.592 -43.992  42.322  1.00 37.13      D000 C
ATOM   3656  O   ALA C 187     -17.086 -44.715  43.183  1.00 35.71      D000 O
ATOM   3657  CB  ALA C 187     -19.784 -43.005  41.603  1.00 29.96      D000 C
ATOM   3658  N   HIS C 188     -16.981 -42.924  41.826  1.00 31.72      D000 N
ATOM   3659  CA  HIS C 188     -15.693 -42.486  42.332  1.00 29.40      D000 C
ATOM   3660  C   HIS C 188     -15.569 -40.982  42.157  1.00 28.01      D000 C
ATOM   3661  O   HIS C 188     -16.263 -40.391  41.329  1.00 26.39      D000 O
ATOM   3662  CB  HIS C 188     -14.556 -43.211  41.618  1.00 23.87      D000 C
ATOM   3663  CG  HIS C 188     -14.541 -43.002  40.137  1.00 35.80      D000 C
ATOM   3664  CD2 HIS C 188     -14.996 -43.776  39.123  1.00 32.29      D000 C
ATOM   3665  ND1 HIS C 188     -14.009 -41.874  39.548  1.00 32.82      D000 N
ATOM   3666  CE1 HIS C 188     -14.134 -41.964  38.236  1.00 33.00      D000 C
ATOM   3667  NE2 HIS C 188     -14.729 -43.109  37.951  1.00 33.93      D000 N
ATOM   3668  N   LEU C 189     -14.708 -40.364  42.958  1.00 26.16      D000 N
ATOM   3669  CA  LEU C 189     -14.400 -38.950  42.784  1.00 28.90      D000 C
ATOM   3670  C   LEU C 189     -13.909 -38.716  41.362  1.00 29.00      D000 C
ATOM   3671  O   LEU C 189     -13.176 -39.541  40.805  1.00 27.16      D000 O
ATOM   3672  CB  LEU C 189     -13.356 -38.488  43.796  1.00 26.67      D000 C
ATOM   3673  CG  LEU C 189     -13.882 -38.242  45.208  1.00 33.12      D000 C
ATOM   3674  CD1 LEU C 189     -12.735 -37.973  46.169  1.00 33.71      D000 C
ATOM   3675  CD2 LEU C 189     -14.857 -37.076  45.186  1.00 27.90      D000 C
ATOM   3676  N   VAL C 190     -14.320 -37.592  40.786  1.00 27.74      D000 N
ATOM   3677  CA  VAL C 190     -14.117 -37.333  39.365  1.00 27.15      D000 C
ATOM   3678  C   VAL C 190     -12.644 -37.428  38.968  1.00 29.08      D000 C
ATOM   3679  O   VAL C 190     -11.743 -36.982  39.690  1.00 26.29      D000 O
ATOM   3680  CB  VAL C 190     -14.699 -35.946  38.957  1.00 29.42      D000 C
ATOM   3681  CG1 VAL C 190     -13.956 -34.796  39.654  1.00 25.30      D000 C
ATOM   3682  CG2 VAL C 190     -14.705 -35.779  37.434  1.00 23.06      D000 C
ATOM   3683  N   VAL C 191     -12.420 -38.079  37.834  1.00 26.83      D000 N
ATOM   3684  CA  VAL C 191     -11.106 -38.192  37.221  1.00 30.57      D000 C
ATOM   3685  C   VAL C 191     -11.136 -37.388  35.927  1.00 28.23      D000 C
ATOM   3686  O   VAL C 191     -12.017 -37.590  35.096  1.00 26.03      D000 O
ATOM   3687  CB  VAL C 191     -10.739 -39.664  36.942  1.00 28.44      D000 C
ATOM   3688  CG1 VAL C 191      -9.433 -39.763  36.170  1.00 25.60      D000 C
```

```
ATOM   3689  CG2 VAL C 191     -10.663 -40.445  38.256  1.00 26.79      D000 C
ATOM   3690  N   VAL C 192     -10.200 -36.457  35.770  1.00 28.93      D000 N
ATOM   3691  CA  VAL C 192     -10.224 -35.550  34.629  1.00 27.42      D000 C
ATOM   3692  C   VAL C 192      -9.181 -35.963  33.602  1.00 31.88      D000 C
ATOM   3693  O   VAL C 192      -7.984 -35.957  33.888  1.00 27.55      D000 O
ATOM   3694  CB  VAL C 192      -9.979 -34.094  35.061  1.00 23.02      D000 C
ATOM   3695  CG1 VAL C 192     -10.008 -33.170  33.851  1.00 23.08      D000 C
ATOM   3696  CG2 VAL C 192     -11.017 -33.670  36.085  1.00 21.27      D000 C
ATOM   3697  N   THR C 193      -9.637 -36.314  32.403  1.00 25.64      D000 N
ATOM   3698  CA  THR C 193      -8.751 -36.918  31.415  1.00 32.64      D000 C
ATOM   3699  C   THR C 193      -8.608 -36.120  30.125  1.00 31.08      D000 C
ATOM   3700  O   THR C 193      -7.920 -36.558  29.206  1.00 30.10      D000 O
ATOM   3701  CB  THR C 193      -9.223 -38.333  31.040  1.00 33.34      D000 C
ATOM   3702  CG2 THR C 193      -9.327 -39.208  32.285  1.00 32.24      D000 C
ATOM   3703  OG1 THR C 193     -10.501 -38.252  30.398  1.00 34.27      D000 O
ATOM   3704  N   SER C 194      -9.247 -34.958  30.049  1.00 29.11      D000 N
ATOM   3705  CA  SER C 194      -9.115 -34.111  28.866  1.00 29.77      D000 C
ATOM   3706  C   SER C 194      -9.525 -32.671  29.159  1.00 29.25      D000 C
ATOM   3707  O   SER C 194     -10.227 -32.400  30.137  1.00 23.94      D000 O
ATOM   3708  CB  SER C 194      -9.956 -34.663  27.708  1.00 25.83      D000 C
ATOM   3709  OG  SER C 194     -11.335 -34.423  27.935  1.00 28.83      D000 O
ATOM   3710  N   TRP C 195      -9.080 -31.753  28.305  1.00 28.44      D000 N
ATOM   3711  CA  TRP C 195      -9.456 -30.343  28.409  1.00 29.60      D000 C
ATOM   3712  C   TRP C 195     -10.972 -30.177  28.304  1.00 25.02      D000 C
ATOM   3713  O   TRP C 195     -11.553 -29.331  28.974  1.00 29.97      D000 O
ATOM   3714  CB  TRP C 195      -8.737 -29.531  27.323  1.00 26.47      D000 C
ATOM   3715  CG  TRP C 195      -9.010 -28.039  27.283  1.00 32.42      D000 C
ATOM   3716  CD1 TRP C 195      -9.356 -27.306  26.181  1.00 34.68      D000 C
ATOM   3717  CD2 TRP C 195      -8.932 -27.101  28.375  1.00 30.83      D000 C
ATOM   3718  CE2 TRP C 195      -9.245 -25.827  27.853  1.00 34.03      D000 C
ATOM   3719  CE3 TRP C 195      -8.631 -27.215  29.736  1.00 30.71      D000 C
ATOM   3720  NE1 TRP C 195      -9.498 -25.981  26.515  1.00 32.39      D000 N
ATOM   3721  CZ2 TRP C 195      -9.271 -24.678  28.645  1.00 31.06      D000 C
ATOM   3722  CZ3 TRP C 195      -8.655 -26.071  30.523  1.00 32.95      D000 C
ATOM   3723  CH2 TRP C 195      -8.969 -24.820  29.974  1.00 30.07      D000 C
ATOM   3724  N   GLU C 196     -11.607 -30.999  27.471  1.00 26.97      D000 N
ATOM   3725  CA  GLU C 196     -13.060 -30.960  27.306  1.00 30.42      D000 C
ATOM   3726  C   GLU C 196     -13.794 -31.365  28.580  1.00 34.02      D000 C
ATOM   3727  O   GLU C 196     -14.802 -30.757  28.943  1.00 28.31      D000 O
ATOM   3728  CB  GLU C 196     -13.505 -31.871  26.158  1.00 30.46      D000 C
ATOM   3729  CG  GLU C 196     -13.221 -31.329  24.769  1.00 41.10      D000 C
ATOM   3730  CD  GLU C 196     -11.772 -31.498  24.353  1.00 46.52      D000 C
ATOM   3731  OE1 GLU C 196     -11.002 -32.155  25.092  1.00 42.32      D000 O
ATOM   3732  OE2 GLU C 196     -11.406 -30.973  23.281  1.00 46.49      D000 O
ATOM   3733  N   GLU C 197     -13.297 -32.404  29.245  1.00 29.50      D000 N
ATOM   3734  CA  GLU C 197     -13.899 -32.854  30.489  1.00 26.78      D000 C
ATOM   3735  C   GLU C 197     -13.708 -31.790  31.574  1.00 26.09      D000 C
ATOM   3736  O   GLU C 197     -14.631 -31.493  32.329  1.00 27.28      D000 O
ATOM   3737  CB  GLU C 197     -13.305 -34.198  30.930  1.00 26.61      D000 C
ATOM   3738  CG  GLU C 197     -14.055 -34.841  32.100  1.00 27.35      D000 C
ATOM   3739  CD  GLU C 197     -13.518 -36.215  32.488  1.00 37.87      D000 C
ATOM   3740  OE1 GLU C 197     -12.434 -36.602  32.003  1.00 33.97      D000 O
ATOM   3741  OE2 GLU C 197     -14.187 -36.910  33.285  1.00 39.22      D000 O
ATOM   3742  N   GLN C 198     -12.514 -31.205  31.629  1.00 25.72      D000 N
ATOM   3743  CA  GLN C 198     -12.214 -30.140  32.588  1.00 25.80      D000 C
ATOM   3744  C   GLN C 198     -13.189 -28.975  32.463  1.00 29.00      D000 C
ATOM   3745  O   GLN C 198     -13.685 -28.458  33.464  1.00 24.52      D000 O
ATOM   3746  CB  GLN C 198     -10.783 -29.632  32.394  1.00 23.78      D000 C
ATOM   3747  CG  GLN C 198     -10.506 -28.288  33.045  1.00 25.75      D000 C
ATOM   3748  CD  GLN C 198     -10.246 -28.397  34.537  1.00 33.71      D000 C
ATOM   3749  NE2 GLN C 198     -10.599 -27.350  35.279  1.00 25.10      D000 N
ATOM   3750  OE1 GLN C 198      -9.734 -29.410  35.017  1.00 28.06      D000 O
ATOM   3751  N   LYS C 199     -13.466 -28.574  31.226  1.00 30.60      D000 N
ATOM   3752  CA  LYS C 199     -14.326 -27.424  30.974  1.00 34.08      D000 C
ATOM   3753  C   LYS C 199     -15.770 -27.743  31.319  1.00 28.60      D000 C
ATOM   3754  O   LYS C 199     -16.489 -26.895  31.848  1.00 25.57      D000 O
ATOM   3755  CB  LYS C 199     -14.212 -26.978  29.517  1.00 28.25      D000 C
ATOM   3756  CG  LYS C 199     -12.855 -26.386  29.183  1.00 34.79      D000 C
ATOM   3757  CD  LYS C 199     -12.532 -26.545  27.711  1.00 43.54      D000 C
ATOM   3758  CE  LYS C 199     -13.150 -25.447  26.892  1.00 38.89      D000 C
ATOM   3759  NZ  LYS C 199     -12.740 -25.539  25.453  1.00 35.02      D000 N
```

```
ATOM   3760  N   PHE C 200     -16.188 -28.968  31.013  1.00 29.54      D000 N
ATOM   3761  CA  PHE C 200     -17.515 -29.436  31.393  1.00 30.79      D000 C
ATOM   3762  C   PHE C 200     -17.682 -29.381  32.909  1.00 25.62      D000 C
ATOM   3763  O   PHE C 200     -18.651 -28.807  33.414  1.00 25.66      D000 O
ATOM   3764  CB  PHE C 200     -17.762 -30.861  30.891  1.00 27.79      D000 C
ATOM   3765  CG  PHE C 200     -18.939 -31.530  31.541  1.00 33.05      D000 C
ATOM   3766  CD1 PHE C 200     -20.230 -31.216  31.154  1.00 29.57      D000 C
ATOM   3767  CD2 PHE C 200     -18.754 -32.467  32.547  1.00 33.93      D000 C
ATOM   3768  CE1 PHE C 200     -21.315 -31.826  31.753  1.00 31.19      D000 C
ATOM   3769  CE2 PHE C 200     -19.837 -33.077  33.154  1.00 30.44      D000 C
ATOM   3770  CZ  PHE C 200     -21.118 -32.756  32.755  1.00 33.80      D000 C
ATOM   3771  N   VAL C 201     -16.730 -29.971  33.627  1.00 27.40      D000 N
ATOM   3772  CA  VAL C 201     -16.756 -29.964  35.088  1.00 26.65      D000 C
ATOM   3773  C   VAL C 201     -16.750 -28.533  35.609  1.00 33.34      D000 C
ATOM   3774  O   VAL C 201     -17.593 -28.149  36.428  1.00 25.82      D000 O
ATOM   3775  CB  VAL C 201     -15.557 -30.727  35.679  1.00 30.52      D000 C
ATOM   3776  CG1 VAL C 201     -15.448 -30.466  37.173  1.00 27.81      D000 C
ATOM   3777  CG2 VAL C 201     -15.677 -32.219  35.392  1.00 24.80      D000 C
ATOM   3778  N   GLN C 202     -15.804 -27.748  35.098  1.00 28.75      D000 N
ATOM   3779  CA  GLN C 202     -15.629 -26.353  35.482  1.00 28.03      D000 C
ATOM   3780  C   GLN C 202     -16.905 -25.544  35.295  1.00 26.50      D000 C
ATOM   3781  O   GLN C 202     -17.221 -24.662  36.097  1.00 30.81      D000 O
ATOM   3782  CB  GLN C 202     -14.495 -25.736  34.663  1.00 28.31      D000 C
ATOM   3783  CG  GLN C 202     -13.779 -24.603  35.333  1.00 34.63      D000 C
ATOM   3784  CD  GLN C 202     -12.592 -24.127  34.524  1.00 36.40      D000 C
ATOM   3785  NE2 GLN C 202     -12.382 -22.815  34.494  1.00 34.64      D000 N
ATOM   3786  OE1 GLN C 202     -11.874 -24.931  33.924  1.00 33.68      D000 O
ATOM   3787  N   HIS C 203     -17.640 -25.848  34.232  1.00 28.19      D000 N
ATOM   3788  CA  HIS C 203     -18.895 -25.158  33.971  1.00 28.76      D000 C
ATOM   3789  C   HIS C 203     -19.921 -25.389  35.081  1.00 37.82      D000 C
ATOM   3790  O   HIS C 203     -20.664 -24.477  35.450  1.00 30.91      D000 O
ATOM   3791  CB  HIS C 203     -19.490 -25.597  32.633  1.00 27.45      D000 C
ATOM   3792  CG  HIS C 203     -20.836 -25.002  32.361  1.00 35.85      D000 C
ATOM   3793  CD2 HIS C 203     -21.189 -23.825  31.791  1.00 40.47      D000 C
ATOM   3794  ND1 HIS C 203     -22.010 -25.619  32.728  1.00 42.36      D000 N
ATOM   3795  CE1 HIS C 203     -23.035 -24.857  32.380  1.00 38.39      D000 C
ATOM   3796  NE2 HIS C 203     -22.561 -23.764  31.810  1.00 42.37      D000 N
ATOM   3797  N   HIS C 204     -19.970 -26.608  35.612  1.00 31.47      D000 N
ATOM   3798  CA  HIS C 204     -20.992 -26.941  36.602  1.00 30.96      D000 C
ATOM   3799  C   HIS C 204     -20.619 -26.543  38.023  1.00 29.48      D000 C
ATOM   3800  O   HIS C 204     -21.489 -26.143  38.796  1.00 28.82      D000 O
ATOM   3801  CB  HIS C 204     -21.317 -28.434  36.545  1.00 30.72      D000 C
ATOM   3802  CG  HIS C 204     -22.172 -28.808  35.376  1.00 31.65      D000 C
ATOM   3803  CD2 HIS C 204     -21.889 -29.495  34.244  1.00 34.41      D000 C
ATOM   3804  ND1 HIS C 204     -23.494 -28.433  35.274  1.00 39.82      D000 N
ATOM   3805  CE1 HIS C 204     -23.993 -28.884  34.138  1.00 35.14      D000 C
ATOM   3806  NE2 HIS C 204     -23.038 -29.531  33.493  1.00 39.82      D000 N
ATOM   3807  N   ILE C 205     -19.340 -26.628  38.375  1.00 26.45      D000 N
ATOM   3808  CA  ILE C 205     -18.942 -26.275  39.735  1.00 32.57      D000 C
ATOM   3809  C   ILE C 205     -18.811 -24.758  39.911  1.00 29.31      D000 C
ATOM   3810  O   ILE C 205     -18.976 -24.244  41.015  1.00 30.32      D000 O
ATOM   3811  CB  ILE C 205     -17.613 -26.955  40.152  1.00 31.86      D000 C
ATOM   3812  CG1 ILE C 205     -16.437 -26.421  39.339  1.00 31.34      D000 C
ATOM   3813  CG2 ILE C 205     -17.710 -28.477  40.014  1.00 29.23      D000 C
ATOM   3814  CD1 ILE C 205     -15.107 -26.968  39.802  1.00 32.36      D000 C
ATOM   3815  N   GLY C 206     -18.540 -24.043  38.825  1.00 24.89      D000 N
ATOM   3816  CA  GLY C 206     -18.307 -22.613  38.912  1.00 26.12      D000 C
ATOM   3817  C   GLY C 206     -17.033 -22.318  39.688  1.00 33.16      D000 C
ATOM   3818  O   GLY C 206     -16.182 -23.197  39.845  1.00 27.62      D000 O
ATOM   3819  N   PRO C 207     -16.895 -21.081  40.189  1.00 27.47      D000 N
ATOM   3820  CA  PRO C 207     -15.679 -20.657  40.895  1.00 28.28      D000 C
ATOM   3821  C   PRO C 207     -15.651 -21.107  42.360  1.00 33.47      D000 C
ATOM   3822  O   PRO C 207     -15.598 -20.266  43.255  1.00 30.13      D000 O
ATOM   3823  CB  PRO C 207     -15.741 -19.130  40.792  1.00 27.65      D000 C
ATOM   3824  CG  PRO C 207     -17.204 -18.830  40.787  1.00 30.21      D000 C
ATOM   3825  CD  PRO C 207     -17.873 -19.984  40.065  1.00 29.69      D000 C
ATOM   3826  N   VAL C 208     -15.674 -22.417  42.594  1.00 36.48      D000 N
ATOM   3827  CA  VAL C 208     -15.803 -22.969  43.944  1.00 29.83      D000 C
ATOM   3828  C   VAL C 208     -14.809 -24.105  44.182  1.00 33.04      D000 C
ATOM   3829  O   VAL C 208     -14.697 -25.001  43.351  1.00 26.89      D000 O
ATOM   3830  CB  VAL C 208     -17.233 -23.504  44.191  1.00 35.14      D000 C
```

```
ATOM   3831  CG1 VAL C 208     -17.349 -24.108  45.585  1.00 33.92      D000 C
ATOM   3832  CG2 VAL C 208     -18.271 -22.402  43.981  1.00 32.86      D000 C
ATOM   3833  N   ASN C 209     -14.092 -24.071  45.306  1.00 30.99      D000 N
ATOM   3834  CA  ASN C 209     -13.164 -25.153  45.649  1.00 31.35      D000 C
ATOM   3835  C   ASN C 209     -13.881 -26.500  45.682  1.00 32.29      D000 C
ATOM   3836  O   ASN C 209     -14.881 -26.666  46.379  1.00 29.08      D000 O
ATOM   3837  CB  ASN C 209     -12.486 -24.895  46.994  1.00 25.98      D000 C
ATOM   3838  CG  ASN C 209     -11.461 -23.781  46.931  1.00 30.97      D000 C
ATOM   3839  ND2 ASN C 209     -11.376 -22.997  48.000  1.00 35.10      D000 N
ATOM   3840  OD1 ASN C 209     -10.750 -23.626  45.938  1.00 30.97      D000 O
ATOM   3841  N   THR C 210     -13.363 -27.457  44.919  1.00 30.16      D000 N
ATOM   3842  CA  THR C 210     -14.049 -28.725  44.705  1.00 26.80      D000 C
ATOM   3843  C   THR C 210     -13.049 -29.865  44.549  1.00 26.68      D000 C
ATOM   3844  O   THR C 210     -12.182 -29.822  43.673  1.00 30.56      D000 O
ATOM   3845  CB  THR C 210     -14.949 -28.655  43.456  1.00 29.42      D000 C
ATOM   3846  CG2 THR C 210     -15.785 -29.916  43.312  1.00 22.22      D000 C
ATOM   3847  OG1 THR C 210     -15.813 -27.515  43.556  1.00 26.16      D000 O
ATOM   3848  N   TRP C 211     -13.165 -30.872  45.410  1.00 25.09      D000 N
ATOM   3849  CA  TRP C 211     -12.294 -32.041  45.357  1.00 30.07      D000 C
ATOM   3850  C   TRP C 211     -12.423 -32.796  44.038  1.00 36.81      D000 C
ATOM   3851  O   TRP C 211     -13.510 -32.874  43.456  1.00 27.60      D000 O
ATOM   3852  CB  TRP C 211     -12.605 -33.013  46.501  1.00 27.04      D000 C
ATOM   3853  CG  TRP C 211     -12.261 -32.549  47.900  1.00 28.12      D000 C
ATOM   3854  CD1 TRP C 211     -13.097 -32.529  48.983  1.00 28.01      D000 C
ATOM   3855  CD2 TRP C 211     -10.991 -32.072  48.366  1.00 26.23      D000 C
ATOM   3856  CE2 TRP C 211     -11.136 -31.771  49.739  1.00 31.66      D000 C
ATOM   3857  CE3 TRP C 211      -9.751 -31.857  47.756  1.00 23.53      D000 C
ATOM   3858  NE1 TRP C 211     -12.428 -32.060  50.091  1.00 29.06      D000 N
ATOM   3859  CZ2 TRP C 211     -10.084 -31.274  50.509  1.00 31.81      D000 C
ATOM   3860  CZ3 TRP C 211      -8.709 -31.361  48.522  1.00 26.50      D000 C
ATOM   3861  CH2 TRP C 211      -8.881 -31.078  49.885  1.00 32.71      D000 C
ATOM   3862  N   MET C 212     -11.310 -33.363  43.585  1.00 29.78      D000 N
ATOM   3863  CA  MET C 212     -11.327 -34.332  42.500  1.00 26.98      D000 C
ATOM   3864  C   MET C 212     -10.681 -35.620  43.009  1.00 30.71      D000 C
ATOM   3865  O   MET C 212     -10.179 -35.655  44.134  1.00 26.90      D000 O
ATOM   3866  CB  MET C 212     -10.598 -33.793  41.266  1.00 28.53      D000 C
ATOM   3867  CG  MET C 212      -9.082 -33.872  41.344  1.00 27.04      D000 C
ATOM   3868  SD  MET C 212      -8.287 -32.882  40.061  1.00 30.51      D000 S
ATOM   3869  CE  MET C 212      -8.761 -31.231  40.597  1.00 22.33      D000 C
ATOM   3870  N   GLY C 213     -10.693 -36.673  42.195  1.00 23.24      D000 N
ATOM   3871  CA  GLY C 213     -10.149 -37.955  42.612  1.00 21.72      D000 C
ATOM   3872  C   GLY C 213      -8.655 -38.108  42.405  1.00 27.75      D000 C
ATOM   3873  O   GLY C 213      -8.199 -39.106  41.851  1.00 28.41      D000 O
ATOM   3874  N   LEU C 214      -7.891 -37.124  42.870  1.00 25.92      D000 N
ATOM   3875  CA  LEU C 214      -6.443 -37.109  42.691  1.00 26.73      D000 C
ATOM   3876  C   LEU C 214      -5.755 -36.799  44.018  1.00 25.75      D000 C
ATOM   3877  O   LEU C 214      -6.073 -35.802  44.659  1.00 25.95      D000 O
ATOM   3878  CB  LEU C 214      -6.049 -36.076  41.629  1.00 24.90      D000 C
ATOM   3879  CG  LEU C 214      -4.566 -35.777  41.383  1.00 25.82      D000 C
ATOM   3880  CD1 LEU C 214      -3.840 -37.006  40.861  1.00 22.24      D000 C
ATOM   3881  CD2 LEU C 214      -4.428 -34.615  40.402  1.00 20.00      D000 C
ATOM   3882  N   HIS C 215      -4.819 -37.653  44.426  1.00 28.82      D000 N
ATOM   3883  CA  HIS C 215      -4.139 -37.488  45.709  1.00 25.47      D000 C
ATOM   3884  C   HIS C 215      -2.797 -38.207  45.727  1.00 27.39      D000 C
ATOM   3885  O   HIS C 215      -2.570 -39.123  44.938  1.00 28.76      D000 O
ATOM   3886  CB  HIS C 215      -5.011 -38.011  46.850  1.00 25.17      D000 C
ATOM   3887  CG  HIS C 215      -5.082 -39.505  46.915  1.00 33.85      D000 C
ATOM   3888  CD2 HIS C 215      -5.484 -40.419  45.999  1.00 36.27      D000 C
ATOM   3889  ND1 HIS C 215      -4.705 -40.221  48.030  1.00 43.52      D000 N
ATOM   3890  CE1 HIS C 215      -4.874 -41.511  47.800  1.00 45.66      D000 C
ATOM   3891  NE2 HIS C 215      -5.347 -41.657  46.575  1.00 38.89      D000 N
ATOM   3892  N   ASP C 216      -1.908 -37.803  46.632  1.00 31.91      D000 N
ATOM   3893  CA  ASP C 216      -0.623 -38.485  46.760  1.00 28.17      D000 C
ATOM   3894  C   ASP C 216      -0.369 -38.944  48.199  1.00 35.16      D000 C
ATOM   3895  O   ASP C 216       0.764 -38.955  48.668  1.00 31.36      D000 O
ATOM   3896  CB  ASP C 216       0.518 -37.585  46.258  1.00 28.42      D000 C
ATOM   3897  CG  ASP C 216       0.795 -36.394  47.171  1.00 35.01      D000 C
ATOM   3898  OD1 ASP C 216       0.013 -36.142  48.110  1.00 28.86      D000 O
ATOM   3899  OD2 ASP C 216       1.805 -35.695  46.936  1.00 31.47      D000 O
ATOM   3900  N   GLN C 217      -1.432 -39.332  48.894  1.00 31.06      D000 N
ATOM   3901  CA  GLN C 217      -1.305 -39.781  50.278  1.00 41.47      D000 C
```

```
ATOM   3902  C   GLN C 217      -0.531 -41.103  50.385  1.00 38.57       D000 C
ATOM   3903  O   GLN C 217       0.157 -41.346  51.374  1.00 44.82       D000 O
ATOM   3904  CB  GLN C 217      -2.688 -39.926  50.918  1.00 37.52       D000 C
ATOM   3905  CG  GLN C 217      -3.504 -38.644  50.919  1.00 33.20       D000 C
ATOM   3906  CD  GLN C 217      -4.837 -38.799  51.626  1.00 39.32       D000 C
ATOM   3907  NE2 GLN C 217      -5.810 -39.389  50.941  1.00 31.27       D000 N
ATOM   3908  OE1 GLN C 217      -4.989 -38.391  52.775  1.00 48.65       D000 O
ATOM   3909  N   ASN C 218      -0.630 -41.939  49.356  1.00 38.48       D000 N
ATOM   3910  CA  ASN C 218       0.018 -43.251  49.363  1.00 53.29       D000 C
ATOM   3911  C   ASN C 218       1.205 -43.357  48.405  1.00 47.43       D000 C
ATOM   3912  O   ASN C 218       1.397 -44.389  47.761  1.00 58.53       D000 O
ATOM   3913  CB  ASN C 218      -1.004 -44.339  49.018  1.00 57.61       D000 C
ATOM   3914  CG  ASN C 218      -2.213 -44.313  49.933  1.00 65.75       D000 C
ATOM   3915  ND2 ASN C 218      -1.966 -44.302  51.241  1.00 59.68       D000 N
ATOM   3916  OD1 ASN C 218      -3.356 -44.293  49.471  1.00 59.70       D000 O
ATOM   3917  N   GLY C 219       2.001 -42.299  48.313  1.00 35.56       D000 N
ATOM   3918  CA  GLY C 219       3.081 -42.255  47.344  1.00 36.85       D000 C
ATOM   3919  C   GLY C 219       2.873 -41.128  46.353  1.00 34.18       D000 C
ATOM   3920  O   GLY C 219       2.347 -40.080  46.716  1.00 32.25       D000 O
ATOM   3921  N   PRO C 220       3.284 -41.332  45.092  1.00 35.79       D000 N
ATOM   3922  CA  PRO C 220       3.144 -40.284  44.072  1.00 33.07       D000 C
ATOM   3923  C   PRO C 220       1.683 -40.001  43.728  1.00 31.10       D000 C
ATOM   3924  O   PRO C 220       0.801 -40.767  44.117  1.00 29.49       D000 O
ATOM   3925  CB  PRO C 220       3.897 -40.859  42.867  1.00 37.25       D000 C
ATOM   3926  CG  PRO C 220       3.868 -42.336  43.073  1.00 41.99       D000 C
ATOM   3927  CD  PRO C 220       3.925 -42.547  44.558  1.00 34.70       D000 C
ATOM   3928  N   TRP C 221       1.433 -38.904  43.019  1.00 28.69       D000 N
ATOM   3929  CA  TRP C 221       0.070 -38.514  42.668  1.00 29.66       D000 C
ATOM   3930  C   TRP C 221      -0.626 -39.607  41.857  1.00 29.27       D000 C
ATOM   3931  O   TRP C 221      -0.081 -40.110  40.879  1.00 26.36       D000 O
ATOM   3932  CB  TRP C 221       0.075 -37.185  41.900  1.00 27.58       D000 C
ATOM   3933  CG  TRP C 221       0.406 -36.020  42.782  1.00 30.86       D000 C
ATOM   3934  CD1 TRP C 221       1.629 -35.437  42.947  1.00 32.27       D000 C
ATOM   3935  CD2 TRP C 221      -0.495 -35.311  43.643  1.00 27.75       D000 C
ATOM   3936  CE2 TRP C 221       0.253 -34.309  44.298  1.00 32.54       D000 C
ATOM   3937  CE3 TRP C 221      -1.861 -35.428  43.926  1.00 25.76       D000 C
ATOM   3938  NE1 TRP C 221       1.545 -34.406  43.853  1.00 32.24       D000 N
ATOM   3939  CZ2 TRP C 221      -0.320 -33.425  45.219  1.00 27.09       D000 C
ATOM   3940  CZ3 TRP C 221      -2.430 -34.549  44.841  1.00 29.33       D000 C
ATOM   3941  CH2 TRP C 221      -1.658 -33.560  45.474  1.00 29.04       D000 C
ATOM   3942  N   LYS C 222      -1.826 -39.981  42.289  1.00 30.12       D000 N
ATOM   3943  CA  LYS C 222      -2.585 -41.046  41.643  1.00 30.34       D000 C
ATOM   3944  C   LYS C 222      -4.058 -40.687  41.502  1.00 27.82       D000 C
ATOM   3945  O   LYS C 222      -4.627 -40.026  42.370  1.00 29.51       D000 O
ATOM   3946  CB  LYS C 222      -2.453 -42.351  42.436  1.00 35.42       D000 C
ATOM   3947  CG  LYS C 222      -1.072 -42.983  42.388  1.00 42.04       D000 C
ATOM   3948  CD  LYS C 222      -0.966 -44.138  43.373  1.00 62.76       D000 C
ATOM   3949  CE  LYS C 222       0.452 -44.687  43.443  1.00 66.16       D000 C
ATOM   3950  NZ  LYS C 222       0.599 -45.699  44.533  1.00 72.02       D000 N
ATOM   3951  N   TRP C 223      -4.670 -41.121  40.406  1.00 29.14       D000 N
ATOM   3952  CA  TRP C 223      -6.119 -41.022  40.249  1.00 31.28       D000 C
ATOM   3953  C   TRP C 223      -6.787 -42.218  40.920  1.00 29.31       D000 C
ATOM   3954  O   TRP C 223      -6.254 -43.321  40.883  1.00 30.17       D000 O
ATOM   3955  CB  TRP C 223      -6.512 -40.959  38.774  1.00 23.94       D000 C
ATOM   3956  CG  TRP C 223      -6.104 -39.694  38.085  1.00 27.95       D000 C
ATOM   3957  CD1 TRP C 223      -5.059 -39.530  37.226  1.00 23.23       D000 C
ATOM   3958  CD2 TRP C 223      -6.742 -38.414  38.191  1.00 24.93       D000 C
ATOM   3959  CE2 TRP C 223      -6.026 -37.523  37.365  1.00 23.92       D000 C
ATOM   3960  CE3 TRP C 223      -7.851 -37.938  38.901  1.00 23.92       D000 C
ATOM   3961  NE1 TRP C 223      -5.002 -38.228  36.790  1.00 25.78       D000 N
ATOM   3962  CZ2 TRP C 223      -6.382 -36.182  37.228  1.00 28.71       D000 C
ATOM   3963  CZ3 TRP C 223      -8.201 -36.603  38.771  1.00 28.69       D000 C
ATOM   3964  CH2 TRP C 223      -7.468 -35.740  37.941  1.00 27.80       D000 C
ATOM   3965  N   VAL C 224      -7.958 -42.001  41.514  1.00 28.47       D000 N
ATOM   3966  CA  VAL C 224      -8.620 -43.038  42.302  1.00 29.16       D000 C
ATOM   3967  C   VAL C 224      -9.055 -44.259  41.486  1.00 31.96       D000 C
ATOM   3968  O   VAL C 224      -9.186 -45.349  42.038  1.00 33.21       D000 O
ATOM   3969  CB  VAL C 224      -9.866 -42.485  43.037  1.00 27.95       D000 C
ATOM   3970  CG1 VAL C 224      -9.463 -41.450  44.071  1.00 29.62       D000 C
ATOM   3971  CG2 VAL C 224     -10.863 -41.900  42.050  1.00 31.35       D000 C
ATOM   3972  N   ASP C 225      -9.272 -44.083  40.184  1.00 30.51       D000 N
```

```
ATOM   3973  CA  ASP C 225      -9.755 -45.182  39.347  1.00 33.42      D000 C
ATOM   3974  C   ASP C 225      -8.622 -45.903  38.615  1.00 35.01      D000 C
ATOM   3975  O   ASP C 225      -8.866 -46.705  37.717  1.00 45.07      D000 O
ATOM   3976  CB  ASP C 225     -10.798 -44.673  38.337  1.00 34.24      D000 C
ATOM   3977  CG  ASP C 225     -10.187 -43.849  37.205  1.00 39.60      D000 C
ATOM   3978  OD1 ASP C 225      -9.032 -43.379  37.334  1.00 35.30      D000 O
ATOM   3979  OD2 ASP C 225     -10.878 -43.658  36.179  1.00 41.15      D000 O
ATOM   3980  N   GLY C 226      -7.383 -45.605  38.989  1.00 34.08      D000 N
ATOM   3981  CA  GLY C 226      -6.241 -46.272  38.389  1.00 29.68      D000 C
ATOM   3982  C   GLY C 226      -5.723 -45.631  37.115  1.00 34.65      D000 C
ATOM   3983  O   GLY C 226      -4.725 -46.086  36.555  1.00 35.05      D000 O
ATOM   3984  N   THR C 227      -6.394 -44.578  36.652  1.00 34.54      D000 N
ATOM   3985  CA  THR C 227      -5.926 -43.829  35.486  1.00 32.36      D000 C
ATOM   3986  C   THR C 227      -4.500 -43.333  35.721  1.00 35.82      D000 C
ATOM   3987  O   THR C 227      -4.196 -42.779  36.779  1.00 36.25      D000 O
ATOM   3988  CB  THR C 227      -6.840 -42.625  35.175  1.00 36.95      D000 C
ATOM   3989  CG2 THR C 227      -6.315 -41.834  33.980  1.00 37.07      D000 C
ATOM   3990  OG1 THR C 227      -8.164 -43.089  34.891  1.00 40.09      D000 O
ATOM   3991  N   ASP C 228      -3.625 -43.540  34.743  1.00 35.21      D000 N
ATOM   3992  CA  ASP C 228      -2.227 -43.165  34.900  1.00 35.66      D000 C
ATOM   3993  C   ASP C 228      -2.063 -41.648  34.951  1.00 40.45      D000 C
ATOM   3994  O   ASP C 228      -2.550 -40.926  34.080  1.00 33.72      D000 O
ATOM   3995  CB  ASP C 228      -1.378 -43.748  33.773  1.00 36.06      D000 C
ATOM   3996  CG  ASP C 228       0.098 -43.451  33.953  1.00 42.86      D000 C
ATOM   3997  OD1 ASP C 228       0.720 -44.052  34.855  1.00 52.83      D000 O
ATOM   3998  OD2 ASP C 228       0.636 -42.613  33.199  1.00 43.62      D000 O
ATOM   3999  N   TYR C 229      -1.372 -41.168  35.978  1.00 34.02      D000 N
ATOM   4000  CA  TYR C 229      -1.267 -39.735  36.202  1.00 35.25      D000 C
ATOM   4001  C   TYR C 229      -0.210 -39.078  35.320  1.00 32.64      D000 C
ATOM   4002  O   TYR C 229      -0.470 -38.045  34.713  1.00 32.76      D000 O
ATOM   4003  CB  TYR C 229      -0.967 -39.448  37.676  1.00 34.94      D000 C
ATOM   4004  CG  TYR C 229      -0.488 -38.039  37.936  1.00 31.42      D000 C
ATOM   4005  CD1 TYR C 229      -1.381 -36.975  37.988  1.00 28.67      D000 C
ATOM   4006  CD2 TYR C 229       0.860 -37.773  38.129  1.00 36.14      D000 C
ATOM   4007  CE1 TYR C 229      -0.941 -35.684  38.220  1.00 24.57      D000 C
ATOM   4008  CE2 TYR C 229       1.309 -36.493  38.366  1.00 33.76      D000 C
ATOM   4009  CZ  TYR C 229       0.407 -35.452  38.412  1.00 34.92      D000 C
ATOM   4010  OH  TYR C 229       0.869 -34.176  38.646  1.00 35.23      D000 O
ATOM   4011  N   GLU C 230       0.973 -39.679  35.244  1.00 32.24      D000 N
ATOM   4012  CA  GLU C 230       2.108 -39.042  34.578  1.00 40.08      D000 C
ATOM   4013  C   GLU C 230       1.866 -38.810  33.086  1.00 34.17      D000 C
ATOM   4014  O   GLU C 230       2.253 -37.777  32.545  1.00 32.51      D000 O
ATOM   4015  CB  GLU C 230       3.381 -39.869  34.774  1.00 40.46      D000 C
ATOM   4016  CG  GLU C 230       4.639 -39.157  34.302  1.00 62.30      D000 C
ATOM   4017  CD  GLU C 230       5.913 -39.799  34.821  1.00100.35      D000 C
ATOM   4018  OE1 GLU C 230       5.824 -40.683  35.701  1.00 96.71      D000 O
ATOM   4019  OE2 GLU C 230       7.006 -39.416  34.349  1.00104.16      D000 O
ATOM   4020  N   THR C 231       1.210 -39.760  32.428  1.00 32.37      D000 N
ATOM   4021  CA  THR C 231       0.942 -39.638  31.001  1.00 35.98      D000 C
ATOM   4022  C   THR C 231      -0.426 -39.018  30.742  1.00 40.00      D000 C
ATOM   4023  O   THR C 231      -0.829 -38.837  29.593  1.00 34.33      D000 O
ATOM   4024  CB  THR C 231       1.015 -41.005  30.291  1.00 45.18      D000 C
ATOM   4025  CG2 THR C 231       2.392 -41.634  30.485  1.00 36.03      D000 C
ATOM   4026  OG1 THR C 231       0.004 -41.878  30.813  1.00 40.41      D000 O
ATOM   4027  N   GLY C 232      -1.135 -38.685  31.815  1.00 31.90      D000 N
ATOM   4028  CA  GLY C 232      -2.478 -38.155  31.689  1.00 35.88      D000 C
ATOM   4029  C   GLY C 232      -2.556 -36.641  31.641  1.00 31.67      D000 C
ATOM   4030  O   GLY C 232      -1.569 -35.940  31.855  1.00 34.20      D000 O
ATOM   4031  N   PHE C 233      -3.754 -36.148  31.351  1.00 34.66      D000 N
ATOM   4032  CA  PHE C 233      -4.057 -34.723  31.357  1.00 30.10      D000 C
ATOM   4033  C   PHE C 233      -3.792 -34.089  32.730  1.00 28.30      D000 C
ATOM   4034  O   PHE C 233      -4.053 -34.702  33.766  1.00 31.59      D000 O
ATOM   4035  CB  PHE C 233      -5.520 -34.520  30.932  1.00 29.82      D000 C
ATOM   4036  CG  PHE C 233      -6.022 -33.115  31.094  1.00 33.74      D000 C
ATOM   4037  CD1 PHE C 233      -5.829 -32.175  30.088  1.00 27.88      D000 C
ATOM   4038  CD2 PHE C 233      -6.715 -32.739  32.240  1.00 24.62      D000 C
ATOM   4039  CE1 PHE C 233      -6.298 -30.878  30.231  1.00 27.56      D000 C
ATOM   4040  CE2 PHE C 233      -7.184 -31.441  32.389  1.00 32.64      D000 C
ATOM   4041  CZ  PHE C 233      -6.975 -30.510  31.381  1.00 27.36      D000 C
ATOM   4042  N   LYS C 234      -3.267 -32.866  32.730  1.00 29.76      D000 N
ATOM   4043  CA  LYS C 234      -3.045 -32.109  33.963  1.00 29.48      D000 C
```

```
ATOM   4044  C   LYS C 234      -3.455 -30.646  33.789  1.00 31.02      D000 C
ATOM   4045  O   LYS C 234      -3.316 -30.077  32.704  1.00 25.86      D000 O
ATOM   4046  CB  LYS C 234      -1.579 -32.189  34.397  1.00 32.09      D000 C
ATOM   4047  CG  LYS C 234      -1.056 -33.603  34.611  1.00 30.92      D000 C
ATOM   4048  CD  LYS C 234       0.422 -33.598  34.955  1.00 34.48      D000 C
ATOM   4049  CE  LYS C 234       1.026 -34.993  34.843  1.00 34.77      D000 C
ATOM   4050  NZ  LYS C 234       1.050 -35.479  33.432  1.00 34.51      D000 N
ATOM   4051  N   ASN C 235      -3.957 -30.040  34.861  1.00 29.35      D000 N
ATOM   4052  CA  ASN C 235      -4.382 -28.644  34.822  1.00 26.46      D000 C
ATOM   4053  C   ASN C 235      -4.012 -27.912  36.116  1.00 26.48      D000 C
ATOM   4054  O   ASN C 235      -4.814 -27.157  36.659  1.00 29.79      D000 O
ATOM   4055  CB  ASN C 235      -5.896 -28.559  34.573  1.00 25.06      D000 C
ATOM   4056  CG  ASN C 235      -6.345 -27.173  34.127  1.00 27.67      D000 C
ATOM   4057  ND2 ASN C 235      -7.464 -26.705  34.673  1.00 26.28      D000 N
ATOM   4058  OD1 ASN C 235      -5.692 -26.533  33.308  1.00 27.02      D000 O
ATOM   4059  N   TRP C 236      -2.795 -28.145  36.607  1.00 27.50      D000 N
ATOM   4060  CA  TRP C 236      -2.325 -27.526  37.850  1.00 27.74      D000 C
ATOM   4061  C   TRP C 236      -2.206 -26.010  37.747  1.00 27.99      D000 C
ATOM   4062  O   TRP C 236      -1.870 -25.474  36.690  1.00 31.33      D000 O
ATOM   4063  CB  TRP C 236      -0.960 -28.092  38.264  1.00 23.47      D000 C
ATOM   4064  CG  TRP C 236      -0.967 -29.533  38.710  1.00 24.40      D000 C
ATOM   4065  CD1 TRP C 236      -0.544 -30.616  37.990  1.00 25.63      D000 C
ATOM   4066  CD2 TRP C 236      -1.407 -30.040  39.979  1.00 27.52      D000 C
ATOM   4067  CE2 TRP C 236      -1.224 -31.442  39.955  1.00 25.85      D000 C
ATOM   4068  CE3 TRP C 236      -1.940 -29.450  41.132  1.00 25.98      D000 C
ATOM   4069  NE1 TRP C 236      -0.696 -31.766  38.732  1.00 26.26      D000 N
ATOM   4070  CZ2 TRP C 236      -1.551 -32.258  41.037  1.00 25.53      D000 C
ATOM   4071  CZ3 TRP C 236      -2.267 -30.263  42.208  1.00 25.29      D000 C
ATOM   4072  CH2 TRP C 236      -2.071 -31.654  42.152  1.00 26.90      D000 C
ATOM   4073  N   ARG C 237      -2.473 -25.323  38.855  1.00 29.23      D000 N
ATOM   4074  CA  ARG C 237      -2.100 -23.918  38.983  1.00 34.44      D000 C
ATOM   4075  C   ARG C 237      -0.586 -23.790  38.820  1.00 34.81      D000 C
ATOM   4076  O   ARG C 237       0.147 -24.755  39.052  1.00 28.62      D000 O
ATOM   4077  CB  ARG C 237      -2.547 -23.349  40.337  1.00 30.99      D000 C
ATOM   4078  CG  ARG C 237      -4.048 -23.189  40.474  1.00 37.60      D000 C
ATOM   4079  CD  ARG C 237      -4.455 -21.737  40.591  1.00 42.14      D000 C
ATOM   4080  NE  ARG C 237      -4.482 -21.299  41.980  1.00 49.94      D000 N
ATOM   4081  CZ  ARG C 237      -5.493 -20.641  42.538  1.00 55.18      D000 C
ATOM   4082  NH1 ARG C 237      -6.568 -20.334  41.822  1.00 41.85      D000 N
ATOM   4083  NH2 ARG C 237      -5.428 -20.287  43.814  1.00 55.93      D000 N
ATOM   4084  N   PRO C 238      -0.113 -22.606  38.401  1.00 36.47      D000 N
ATOM   4085  CA  PRO C 238       1.334 -22.380  38.314  1.00 36.67      D000 C
ATOM   4086  C   PRO C 238       2.051 -22.730  39.619  1.00 31.29      D000 C
ATOM   4087  O   PRO C 238       1.581 -22.352  40.692  1.00 39.20      D000 O
ATOM   4088  CB  PRO C 238       1.435 -20.881  38.015  1.00 41.44      D000 C
ATOM   4089  CG  PRO C 238       0.172 -20.566  37.297  1.00 41.47      D000 C
ATOM   4090  CD  PRO C 238      -0.886 -21.461  37.885  1.00 34.59      D000 C
ATOM   4091  N   GLU C 239       3.149 -23.473  39.502  1.00 34.14      D000 N
ATOM   4092  CA  GLU C 239       4.016 -23.854  40.624  1.00 40.34      D000 C
ATOM   4093  C   GLU C 239       3.405 -24.898  41.566  1.00 40.27      D000 C
ATOM   4094  O   GLU C 239       3.952 -25.164  42.636  1.00 43.88      D000 O
ATOM   4095  CB  GLU C 239       4.428 -22.615  41.426  1.00 43.42      D000 C
ATOM   4096  CG  GLU C 239       5.157 -21.571  40.598  1.00 50.20      D000 C
ATOM   4097  CD  GLU C 239       5.859 -20.539  41.453  1.00 75.90      D000 C
ATOM   4098  OE1 GLU C 239       5.212 -19.540  41.836  1.00 82.09      D000 O
ATOM   4099  OE2 GLU C 239       7.059 -20.732  41.744  1.00 84.44      D000 O
ATOM   4100  N   GLN C 240       2.285 -25.493  41.165  1.00 33.28      D000 N
ATOM   4101  CA  GLN C 240       1.703 -26.611  41.904  1.00 31.36      D000 C
ATOM   4102  C   GLN C 240       1.873 -27.891  41.082  1.00 31.46      D000 C
ATOM   4103  O   GLN C 240       1.926 -27.827  39.856  1.00 30.03      D000 O
ATOM   4104  CB  GLN C 240       0.224 -26.354  42.208  1.00 28.17      D000 C
ATOM   4105  CG  GLN C 240      -0.065 -25.007  42.862  1.00 36.91      D000 C
ATOM   4106  CD  GLN C 240       0.799 -24.737  44.083  1.00 42.84      D000 C
ATOM   4107  NE2 GLN C 240       1.452 -23.580  44.095  1.00 37.20      D000 N
ATOM   4108  OE1 GLN C 240       0.885 -25.559  45.001  1.00 41.85      D000 O
ATOM   4109  N   PRO C 241       1.968 -29.060  41.746  1.00 31.89      D000 N
ATOM   4110  CA  PRO C 241       1.952 -29.276  43.200  1.00 36.63      D000 C
ATOM   4111  C   PRO C 241       3.307 -28.999  43.845  1.00 34.40      D000 C
ATOM   4112  O   PRO C 241       4.332 -29.013  43.162  1.00 31.05      D000 O
ATOM   4113  CB  PRO C 241       1.583 -30.757  43.326  1.00 30.98      D000 C
ATOM   4114  CG  PRO C 241       2.166 -31.380  42.097  1.00 28.05      D000 C
```

```
ATOM   4115  CD  PRO C 241       2.042 -30.334  41.004  1.00 28.29      D000 C
ATOM   4116  N   ASP C 242       3.306 -28.762  45.151  1.00 31.20      D000 N
ATOM   4117  CA  ASP C 242       4.534 -28.429  45.869  1.00 33.88      D000 C
ATOM   4118  C   ASP C 242       5.428 -29.640  46.150  1.00 36.07      D000 C
ATOM   4119  O   ASP C 242       6.583 -29.482  46.545  1.00 35.39      D000 O
ATOM   4120  CB  ASP C 242       4.189 -27.712  47.176  1.00 30.91      D000 C
ATOM   4121  CG  ASP C 242       3.796 -26.257  46.953  1.00 42.15      D000 C
ATOM   4122  OD2 ASP C 242       2.709 -25.848  47.409  1.00 41.70      D000 O
ATOM   4123  OD1 ASP C 242       4.571 -25.527  46.298  1.00 38.03      D000 O
ATOM   4124  N   ASP C 243       4.894 -30.841  45.935  1.00 33.28      D000 N
ATOM   4125  CA  ASP C 243       5.659 -32.080  46.098  1.00 33.76      D000 C
ATOM   4126  C   ASP C 243       5.140 -33.135  45.123  1.00 36.43      D000 C
ATOM   4127  O   ASP C 243       4.000 -33.045  44.662  1.00 31.00      D000 O
ATOM   4128  CB  ASP C 243       5.562 -32.592  47.539  1.00 33.56      D000 C
ATOM   4129  CG  ASP C 243       6.805 -33.360  47.980  1.00 45.01      D000 C
ATOM   4130  OD1 ASP C 243       7.510 -33.935  47.118  1.00 32.68      D000 O
ATOM   4131  OD2 ASP C 243       7.073 -33.389  49.201  1.00 41.68      D000 O
ATOM   4132  O   TRP C 244       4.635 -37.408  43.978  1.00 29.40      D000 O
ATOM   4133  N   TRP C 244       5.959 -34.135  44.811  1.00 26.76      D000 N
ATOM   4134  CA  TRP C 244       5.530 -35.179  43.886  1.00 32.96      D000 C
ATOM   4135  C   TRP C 244       5.096 -36.460  44.610  1.00 33.98      D000 C
ATOM   4136  CB  TRP C 244       6.635 -35.486  42.872  1.00 22.49      D000 C
ATOM   4137  CG  TRP C 244       7.926 -35.939  43.487  1.00 31.66      D000 C
ATOM   4138  CD1 TRP C 244       8.985 -35.153  43.851  1.00 35.24      D000 C
ATOM   4139  CD2 TRP C 244       8.301 -37.286  43.797  1.00 28.87      D000 C
ATOM   4140  NE1 TRP C 244       9.992 -35.930  44.374  1.00 39.02      D000 N
ATOM   4141  CE2 TRP C 244       9.597 -37.243  44.351  1.00 34.79      D000 C
ATOM   4142  CE3 TRP C 244       7.666 -38.526  43.661  1.00 27.95      D000 C
ATOM   4143  CZ2 TRP C 244      10.267 -38.390  44.770  1.00 32.14      D000 C
ATOM   4144  CZ3 TRP C 244       8.333 -39.662  44.076  1.00 30.86      D000 C
ATOM   4145  CH2 TRP C 244       9.621 -39.586  44.624  1.00 31.78      D000 C
ATOM   4146  O   TYR C 245       4.758 -35.925  48.510  1.00 29.36      D000 O
ATOM   4147  N   TYR C 245       5.250 -36.491  45.930  1.00 32.02      D000 N
ATOM   4148  CA  TYR C 245       4.614 -37.534  46.735  1.00 28.48      D000 C
ATOM   4149  C   TYR C 245       4.247 -36.969  48.099  1.00 30.14      D000 C
ATOM   4150  CB  TYR C 245       5.502 -38.778  46.871  1.00 25.38      D000 C
ATOM   4151  CG  TYR C 245       6.734 -38.633  47.739  1.00 32.91      D000 C
ATOM   4152  CD2 TYR C 245       6.785 -39.200  49.009  1.00 31.25      D000 C
ATOM   4153  CD1 TYR C 245       7.865 -37.975  47.270  1.00 30.40      D000 C
ATOM   4154  CE2 TYR C 245       7.920 -39.093  49.795  1.00 28.79      D000 C
ATOM   4155  CE1 TYR C 245       8.999 -37.860  48.049  1.00 32.06      D000 C
ATOM   4156  CZ  TYR C 245       9.025 -38.420  49.307  1.00 29.81      D000 C
ATOM   4157  OH  TYR C 245      10.159 -38.300  50.077  1.00 27.57      D000 O
ATOM   4158  O   GLY C 246       4.628 -37.473  51.323  1.00 34.84      D000 O
ATOM   4159  N   GLY C 246       3.340 -37.650  48.789  1.00 31.19      D000 N
ATOM   4160  CA  GLY C 246       2.703 -37.067  49.955  1.00 35.76      D000 C
ATOM   4161  C   GLY C 246       3.427 -37.207  51.272  1.00 33.62      D000 C
ATOM   4162  O   HIS C 247       2.259 -37.710  55.785  1.00 43.05      D000 O
ATOM   4163  N   HIS C 247       2.664 -37.031  52.345  1.00 38.43      D000 N
ATOM   4164  CA  HIS C 247       3.202 -36.998  53.694  1.00 39.05      D000 C
ATOM   4165  C   HIS C 247       2.411 -37.945  54.588  1.00 38.77      D000 C
ATOM   4166  CB  HIS C 247       3.164 -35.565  54.234  1.00 39.25      D000 C
ATOM   4167  CG  HIS C 247       3.692 -34.553  53.266  1.00 36.64      D000 C
ATOM   4168  ND1 HIS C 247       4.970 -34.039  53.346  1.00 46.82      D000 N
ATOM   4169  CD2 HIS C 247       3.126 -33.978  52.179  1.00 35.16      D000 C
ATOM   4170  CE1 HIS C 247       5.163 -33.185  52.358  1.00 42.11      D000 C
ATOM   4171  NE2 HIS C 247       4.059 -33.130  51.632  1.00 47.04      D000 N
ATOM   4172  O   GLY C 248      -0.747 -38.509  54.445  1.00 40.24      D000 O
ATOM   4173  N   GLY C 248       1.903 -39.018  53.991  1.00 40.96      D000 N
ATOM   4174  CA  GLY C 248       1.118 -39.995  54.720  1.00 37.66      D000 C
ATOM   4175  C   GLY C 248      -0.330 -39.578  54.902  1.00 47.53      D000 C
ATOM   4176  O   LEU C 249      -3.773 -38.603  57.140  1.00 54.25      D000 O
ATOM   4177  N   LEU C 249      -1.097 -40.433  55.574  1.00 52.35      D000 N
ATOM   4178  CA  LEU C 249      -2.508 -40.173  55.842  1.00 52.11      D000 C
ATOM   4179  C   LEU C 249      -2.689 -39.160  56.968  1.00 52.40      D000 C
ATOM   4180  CB  LEU C 249      -3.233 -41.474  56.202  1.00 42.33      D000 C
ATOM   4181  CG  LEU C 249      -3.333 -42.572  55.139  1.00 60.62      D000 C
ATOM   4182  CD2 LEU C 249      -4.287 -42.165  54.027  1.00 56.35      D000 C
ATOM   4183  CD1 LEU C 249      -3.789 -43.874  55.773  1.00 55.71      D000 C
ATOM   4184  O   GLY C 250      -1.984 -35.849  59.639  1.00 57.54      D000 O
ATOM   4185  N   GLY C 250      -1.622 -38.924  57.727  1.00 52.24      D000 N
```

```
ATOM   4186  CA  GLY C 250      -1.698 -38.112  58.930  1.00 50.41      D000 C
ATOM   4187  C   GLY C 250      -1.663 -36.608  58.725  1.00 57.93      D000 C
ATOM   4188  N   GLY C 251      -1.269 -36.168  57.535  1.00 52.64      D000 N
ATOM   4189  CA  GLY C 251      -1.203 -34.746  57.250  1.00 44.98      D000 C
ATOM   4190  C   GLY C 251      -0.639 -34.433  55.880  1.00 46.45      D000 C
ATOM   4191  O   GLY C 251      -0.459 -35.329  55.051  1.00 43.28      D000 O
ATOM   4192  N   GLY C 252      -0.369 -33.152  55.642  1.00 37.49      D000 N
ATOM   4193  CA  GLY C 252       0.205 -32.710  54.387  1.00 32.69      D000 C
ATOM   4194  C   GLY C 252      -0.831 -32.272  53.366  1.00 34.76      D000 C
ATOM   4195  O   GLY C 252      -2.005 -32.646  53.445  1.00 30.54      D000 O
ATOM   4196  N   GLU C 253      -0.385 -31.472  52.402  1.00 33.99      D000 N
ATOM   4197  CA  GLU C 253      -1.250 -30.989  51.331  1.00 40.45      D000 C
ATOM   4198  C   GLU C 253      -1.285 -32.029  50.222  1.00 29.00      D000 C
ATOM   4199  O   GLU C 253      -0.676 -31.860  49.168  1.00 35.30      D000 O
ATOM   4200  CB  GLU C 253      -0.757 -29.632  50.821  1.00 34.32      D000 C
ATOM   4201  CG  GLU C 253      -0.717 -28.572  51.926  1.00 42.40      D000 C
ATOM   4202  CD  GLU C 253      -0.225 -27.217  51.444  1.00 58.06      D000 C
ATOM   4203  OE1 GLU C 253      -0.620 -26.792  50.337  1.00 59.58      D000 O
ATOM   4204  OE2 GLU C 253       0.557 -26.574  52.177  1.00 57.93      D000 O
ATOM   4205  N   ASP C 254      -2.015 -33.109  50.484  1.00 27.38      D000 N
ATOM   4206  CA  ASP C 254      -1.921 -34.327  49.693  1.00 31.18      D000 C
ATOM   4207  C   ASP C 254      -3.140 -34.599  48.805  1.00 33.58      D000 C
ATOM   4208  O   ASP C 254      -3.216 -35.646  48.158  1.00 27.45      D000 O
ATOM   4209  CB  ASP C 254      -1.700 -35.535  50.623  1.00 29.94      D000 C
ATOM   4210  CG  ASP C 254      -0.346 -35.504  51.328  1.00 36.48      D000 C
ATOM   4211  OD1 ASP C 254       0.494 -34.630  51.013  1.00 28.05      D000 O
ATOM   4212  OD2 ASP C 254      -0.117 -36.374  52.196  1.00 35.72      D000 O
ATOM   4213  N   CYS C 255      -4.090 -33.670  48.768  1.00 26.75      D000 N
ATOM   4214  CA  CYS C 255      -5.294 -33.867  47.963  1.00 26.33      D000 C
ATOM   4215  C   CYS C 255      -5.518 -32.727  46.977  1.00 32.54      D000 C
ATOM   4216  O   CYS C 255      -5.323 -31.559  47.316  1.00 27.66      D000 O
ATOM   4217  CB  CYS C 255      -6.514 -34.024  48.869  1.00 27.73      D000 C
ATOM   4218  SG  CYS C 255      -6.407 -35.447  49.969  1.00 35.91      D000 S
ATOM   4219  N   ALA C 256      -5.930 -33.072  45.758  1.00 28.09      D000 N
ATOM   4220  CA  ALA C 256      -6.116 -32.073  44.710  1.00 28.14      D000 C
ATOM   4221  C   ALA C 256      -7.560 -31.598  44.637  1.00 28.47      D000 C
ATOM   4222  O   ALA C 256      -8.500 -32.389  44.749  1.00 30.35      D000 O
ATOM   4223  CB  ALA C 256      -5.678 -32.627  43.357  1.00 25.70      D000 C
ATOM   4224  N   HIS C 257      -7.732 -30.298  44.444  1.00 28.56      D000 N
ATOM   4225  CA  HIS C 257      -9.054 -29.742  44.223  1.00 25.18      D000 C
ATOM   4226  C   HIS C 257      -9.020 -28.689  43.127  1.00 31.48      D000 C
ATOM   4227  O   HIS C 257      -7.990 -28.054  42.895  1.00 26.66      D000 O
ATOM   4228  CB  HIS C 257      -9.615 -29.139  45.514  1.00 24.94      D000 C
ATOM   4229  CG  HIS C 257      -8.842 -27.958  46.023  1.00 29.72      D000 C
ATOM   4230  CD2 HIS C 257      -7.685 -27.880  46.715  1.00 26.19      D000 C
ATOM   4231  ND1 HIS C 257      -9.275 -26.658  45.852  1.00 31.92      D000 N
ATOM   4232  CE1 HIS C 257      -8.411 -25.834  46.415  1.00 33.33      D000 C
ATOM   4233  NE2 HIS C 257      -7.434 -26.546  46.943  1.00 31.64      D000 N
ATOM   4234  N   PHE C 258     -10.146 -28.528  42.441  1.00 25.00      D000 N
ATOM   4235  CA  PHE C 258     -10.340 -27.385  41.567  1.00 28.97      D000 C
ATOM   4236  C   PHE C 258     -10.347 -26.129  42.421  1.00 30.92      D000 C
ATOM   4237  O   PHE C 258     -10.917 -26.128  43.511  1.00 27.46      D000 O
ATOM   4238  CB  PHE C 258     -11.655 -27.491  40.788  1.00 28.67      D000 C
ATOM   4239  CG  PHE C 258     -11.790 -28.752  39.975  1.00 28.57      D000 C
ATOM   4240  CD1 PHE C 258     -11.253 -28.831  38.699  1.00 24.14      D000 C
ATOM   4241  CD2 PHE C 258     -12.475 -29.845  40.477  1.00 26.98      D000 C
ATOM   4242  CE1 PHE C 258     -11.385 -29.982  37.944  1.00 27.83      D000 C
ATOM   4243  CE2 PHE C 258     -12.610 -31.002  39.727  1.00 29.05      D000 C
ATOM   4244  CZ  PHE C 258     -12.064 -31.067  38.458  1.00 26.68      D000 C
ATOM   4245  N   THR C 259      -9.709 -25.068  41.935  1.00 31.52      D000 N
ATOM   4246  CA  THR C 259      -9.778 -23.766  42.596  1.00 27.35      D000 C
ATOM   4247  C   THR C 259     -10.853 -22.908  41.947  1.00 32.37      D000 C
ATOM   4248  O   THR C 259     -11.547 -23.361  41.038  1.00 28.98      D000 O
ATOM   4249  CB  THR C 259      -8.450 -23.013  42.517  1.00 30.50      D000 C
ATOM   4250  CG2 THR C 259      -7.336 -23.832  43.146  1.00 29.47      D000 C
ATOM   4251  OG1 THR C 259      -8.141 -22.759  41.139  1.00 26.60      D000 O
ATOM   4252  N   ASP C 260     -10.966 -21.657  42.383  1.00 33.47      D000 N
ATOM   4253  CA  ASP C 260     -11.989 -20.772  41.841  1.00 32.04      D000 C
ATOM   4254  C   ASP C 260     -11.660 -20.274  40.432  1.00 28.10      D000 C
ATOM   4255  O   ASP C 260     -12.469 -19.571  39.833  1.00 35.94      D000 O
ATOM   4256  CB  ASP C 260     -12.232 -19.574  42.774  1.00 31.62      D000 C
```

```
ATOM   4257  CG  ASP C 260     -10.952 -18.844  43.150  1.00 39.51       D000 C
ATOM   4258  OD1 ASP C 260      -9.894 -19.114  42.544  1.00 46.04       D000 O
ATOM   4259  OD2 ASP C 260     -11.010 -17.986  44.057  1.00 48.87       D000 O
ATOM   4260  N   ASP C 261     -10.494 -20.631  39.890  1.00 32.99       D000 N
ATOM   4261  CA  ASP C 261     -10.219 -20.308  38.483  1.00 33.63       D000 C
ATOM   4262  C   ASP C 261     -10.169 -21.568  37.618  1.00 34.02       D000 C
ATOM   4263  O   ASP C 261      -9.808 -21.517  36.440  1.00 35.61       D000 O
ATOM   4264  CB  ASP C 261      -8.920 -19.493  38.330  1.00 34.41       D000 C
ATOM   4265  CG  ASP C 261      -7.663 -20.257  38.749  1.00 41.30       D000 C
ATOM   4266  OD1 ASP C 261      -7.662 -21.504  38.780  1.00 38.03       D000 O
ATOM   4267  OD2 ASP C 261      -6.644 -19.591  39.031  1.00 47.65       D000 O
ATOM   4268  N   GLY C 262     -10.525 -22.701  38.214  1.00 34.67       D000 N
ATOM   4269  CA  GLY C 262     -10.608 -23.949  37.477  1.00 29.76       D000 C
ATOM   4270  C   GLY C 262      -9.366 -24.810  37.571  1.00 25.05       D000 C
ATOM   4271  O   GLY C 262      -9.449 -26.038  37.513  1.00 31.23       D000 O
ATOM   4272  N   ARG C 263      -8.207 -24.177  37.710  1.00 26.83       D000 N
ATOM   4273  CA  ARG C 263      -6.952 -24.919  37.778  1.00 26.39       D000 C
ATOM   4274  C   ARG C 263      -6.771 -25.578  39.148  1.00 30.19       D000 C
ATOM   4275  O   ARG C 263      -7.392 -25.172  40.135  1.00 28.43       D000 O
ATOM   4276  CB  ARG C 263      -5.775 -24.000  37.443  1.00 27.07       D000 C
ATOM   4277  CG  ARG C 263      -5.652 -23.711  35.943  1.00 29.33       D000 C
ATOM   4278  CD  ARG C 263      -4.595 -22.643  35.649  1.00 33.17       D000 C
ATOM   4279  NE  ARG C 263      -5.071 -21.305  35.982  1.00 44.51       D000 N
ATOM   4280  CZ  ARG C 263      -5.787 -20.547  35.156  1.00 52.96       D000 C
ATOM   4281  NH1 ARG C 263      -6.105 -21.002  33.951  1.00 49.17       D000 N
ATOM   4282  NH2 ARG C 263      -6.188 -19.340  35.532  1.00 51.57       D000 N
ATOM   4283  N   TRP C 264      -5.916 -26.596  39.202  1.00 26.05       D000 N
ATOM   4284  CA  TRP C 264      -5.847 -27.477  40.365  1.00 28.26       D000 C
ATOM   4285  C   TRP C 264      -4.859 -27.000  41.415  1.00 27.92       D000 C
ATOM   4286  O   TRP C 264      -3.844 -26.385  41.097  1.00 28.53       D000 O
ATOM   4287  CB  TRP C 264      -5.460 -28.897  39.938  1.00 24.67       D000 C
ATOM   4288  CG  TRP C 264      -6.268 -29.456  38.814  1.00 25.08       D000 C
ATOM   4289  CD1 TRP C 264      -7.436 -28.958  38.304  1.00 26.48       D000 C
ATOM   4290  CD2 TRP C 264      -5.963 -30.627  38.048  1.00 26.55       D000 C
ATOM   4291  CE2 TRP C 264      -6.994 -30.785  37.098  1.00 22.22       D000 C
ATOM   4292  CE3 TRP C 264      -4.923 -31.565  38.081  1.00 25.16       D000 C
ATOM   4293  NE1 TRP C 264      -7.879 -29.752  37.276  1.00 26.28       D000 N
ATOM   4294  CZ2 TRP C 264      -7.012 -31.837  36.181  1.00 27.60       D000 C
ATOM   4295  CZ3 TRP C 264      -4.944 -32.616  37.170  1.00 22.92       D000 C
ATOM   4296  CH2 TRP C 264      -5.979 -32.739  36.232  1.00 24.94       D000 C
ATOM   4297  N   ASN C 265      -5.155 -27.313  42.670  1.00 30.65       D000 N
ATOM   4298  CA  ASN C 265      -4.243 -27.018  43.762  1.00 29.62       D000 C
ATOM   4299  C   ASN C 265      -4.178 -28.182  44.735  1.00 27.94       D000 C
ATOM   4300  O   ASN C 265      -5.157 -28.904  44.910  1.00 27.71       D000 O
ATOM   4301  CB  ASN C 265      -4.668 -25.746  44.490  1.00 31.63       D000 C
ATOM   4302  CG  ASN C 265      -3.717 -25.373  45.608  1.00 37.30       D000 C
ATOM   4303  ND2 ASN C 265      -4.220 -25.357  46.839  1.00 35.10       D000 N
ATOM   4304  OD1 ASN C 265      -2.541 -25.102  45.367  1.00 39.83       D000 O
ATOM   4305  N   ASP C 266      -3.021 -28.364  45.358  1.00 24.21       D000 N
ATOM   4306  CA  ASP C 266      -2.850 -29.405  46.366  1.00 28.45       D000 C
ATOM   4307  C   ASP C 266      -3.066 -28.832  47.763  1.00 36.19       D000 C
ATOM   4308  O   ASP C 266      -2.397 -27.880  48.157  1.00 35.56       D000 O
ATOM   4309  CB  ASP C 266      -1.463 -30.046  46.253  1.00 25.57       D000 C
ATOM   4310  CG  ASP C 266      -0.349 -29.020  46.030  1.00 36.15       D000 C
ATOM   4311  OD1 ASP C 266      -0.572 -28.006  45.326  1.00 34.08       D000 O
ATOM   4312  OD2 ASP C 266       0.762 -29.236  46.554  1.00 38.58       D000 O
ATOM   4313  N   ASP C 267      -4.007 -29.412  48.507  1.00 32.84       D000 N
ATOM   4314  CA  ASP C 267      -4.386 -28.883  49.817  1.00 30.12       D000 C
ATOM   4315  C   ASP C 267      -4.571 -30.002  50.845  1.00 33.99       D000 C
ATOM   4316  O   ASP C 267      -4.684 -31.181  50.488  1.00 23.96       D000 O
ATOM   4317  CB  ASP C 267      -5.675 -28.058  49.701  1.00 33.91       D000 C
ATOM   4318  CG  ASP C 267      -5.729 -26.898  50.691  1.00 39.18       D000 C
ATOM   4319  OD1 ASP C 267      -4.872 -26.833  51.601  1.00 39.63       D000 O
ATOM   4320  OD2 ASP C 267      -6.640 -26.051  50.560  1.00 41.15       D000 O
ATOM   4321  N   VAL C 268      -4.610 -29.625  52.121  1.00 30.38       D000 N
ATOM   4322  CA  VAL C 268      -4.808 -30.587  53.202  1.00 34.77       D000 C
ATOM   4323  C   VAL C 268      -6.169 -31.260  53.054  1.00 31.59       D000 C
ATOM   4324  O   VAL C 268      -7.157 -30.630  52.685  1.00 30.27       D000 O
ATOM   4325  CB  VAL C 268      -4.683 -29.923  54.596  1.00 36.31       D000 C
ATOM   4326  CG1 VAL C 268      -3.302 -29.294  54.757  1.00 31.26       D000 C
ATOM   4327  CG2 VAL C 268      -5.770 -28.881  54.801  1.00 33.82       D000 C
```

```
ATOM   4328  N   CYS C 269      -6.209 -32.555  53.334  1.00 32.86      D000 N
ATOM   4329  CA  CYS C 269      -7.369 -33.364  52.991  1.00 31.61      D000 C
ATOM   4330  C   CYS C 269      -8.559 -33.098  53.917  1.00 36.95      D000 C
ATOM   4331  O   CYS C 269      -9.684 -33.504  53.627  1.00 36.14      D000 O
ATOM   4332  CB  CYS C 269      -6.984 -34.839  53.009  1.00 44.62      D000 C
ATOM   4333  SG  CYS C 269      -5.637 -35.218  51.830  1.00 60.76      D000 S
ATOM   4334  N   GLN C 270      -8.305 -32.384  55.009  1.00 31.38      D000 N
ATOM   4335  CA  GLN C 270      -9.324 -32.047  55.992  1.00 34.32      D000 C
ATOM   4336  C   GLN C 270     -10.328 -30.995  55.495  1.00 35.28      D000 C
ATOM   4337  O   GLN C 270     -11.434 -30.895  56.022  1.00 38.13      D000 O
ATOM   4338  CB  GLN C 270      -8.640 -31.552  57.265  1.00 41.74      D000 C
ATOM   4339  CG  GLN C 270      -9.526 -31.531  58.491  1.00 57.53      D000 C
ATOM   4340  CD  GLN C 270      -8.755 -31.148  59.743  1.00 62.03      D000 C
ATOM   4341  NE2 GLN C 270      -9.057 -29.975  60.280  1.00 54.32      D000 N
ATOM   4342  OE1 GLN C 270      -7.898 -31.898  60.222  1.00 60.58      D000 O
ATOM   4343  N   ARG C 271      -9.940 -30.207  54.495  1.00 30.92      D000 N
ATOM   4344  CA  ARG C 271     -10.790 -29.124  53.996  1.00 30.72      D000 C
ATOM   4345  C   ARG C 271     -12.159 -29.633  53.533  1.00 38.04      D000 C
ATOM   4346  O   ARG C 271     -12.246 -30.543  52.709  1.00 31.45      D000 O
ATOM   4347  CB  ARG C 271     -10.096 -28.385  52.849  1.00 34.39      D000 C
ATOM   4348  CG  ARG C 271      -8.799 -27.676  53.234  1.00 35.61      D000 C
ATOM   4349  CD  ARG C 271      -9.066 -26.393  53.999  1.00 43.95      D000 C
ATOM   4350  NE  ARG C 271      -7.837 -25.661  54.292  1.00 42.12      D000 N
ATOM   4351  CZ  ARG C 271      -7.169 -25.750  55.438  1.00 45.47      D000 C
ATOM   4352  NH1 ARG C 271      -7.606 -26.547  56.406  1.00 42.46      D000 N
ATOM   4353  NH2 ARG C 271      -6.059 -25.048  55.614  1.00 47.94      D000 N
ATOM   4354  N   PRO C 272     -13.237 -29.045  54.074  1.00 35.02      D000 N
ATOM   4355  CA  PRO C 272     -14.604 -29.446  53.724  1.00 34.48      D000 C
ATOM   4356  C   PRO C 272     -15.064 -28.856  52.392  1.00 34.36      D000 C
ATOM   4357  O   PRO C 272     -16.036 -28.104  52.355  1.00 37.58      D000 O
ATOM   4358  CB  PRO C 272     -15.433 -28.887  54.881  1.00 36.83      D000 C
ATOM   4359  CG  PRO C 272     -14.678 -27.668  55.306  1.00 32.07      D000 C
ATOM   4360  CD  PRO C 272     -13.217 -28.007  55.121  1.00 35.31      D000 C
ATOM   4361  N   TYR C 273     -14.370 -29.197  51.312  1.00 34.00      D000 N
ATOM   4362  CA  TYR C 273     -14.725 -28.690  49.994  1.00 34.47      D000 C
ATOM   4363  C   TYR C 273     -15.886 -29.467  49.399  1.00 31.88      D000 C
ATOM   4364  O   TYR C 273     -16.205 -30.571  49.848  1.00 34.84      D000 O
ATOM   4365  CB  TYR C 273     -13.523 -28.760  49.048  1.00 33.39      D000 C
ATOM   4366  CG  TYR C 273     -12.391 -27.827  49.412  1.00 29.84      D000 C
ATOM   4367  CD1 TYR C 273     -12.634 -26.642  50.096  1.00 31.84      D000 C
ATOM   4368  CD2 TYR C 273     -11.077 -28.131  49.065  1.00 27.54      D000 C
ATOM   4369  CE1 TYR C 273     -11.595 -25.778  50.431  1.00 30.36      D000 C
ATOM   4370  CE2 TYR C 273     -10.036 -27.280  49.391  1.00 31.31      D000 C
ATOM   4371  CZ  TYR C 273     -10.303 -26.104  50.075  1.00 31.94      D000 C
ATOM   4372  OH  TYR C 273      -9.273 -25.261  50.404  1.00 32.60      D000 O
ATOM   4373  N   ARG C 274     -16.510 -28.891  48.377  1.00 29.76      D000 N
ATOM   4374  CA  ARG C 274     -17.470 -29.627  47.566  1.00 28.81      D000 C
ATOM   4375  C   ARG C 274     -16.750 -30.733  46.802  1.00 30.11      D000 C
ATOM   4376  O   ARG C 274     -15.520 -30.772  46.766  1.00 28.45      D000 O
ATOM   4377  CB  ARG C 274     -18.191 -28.689  46.601  1.00 31.26      D000 C
ATOM   4378  CG  ARG C 274     -19.110 -27.703  47.298  1.00 35.55      D000 C
ATOM   4379  CD  ARG C 274     -19.871 -26.844  46.309  1.00 33.61      D000 C
ATOM   4380  NE  ARG C 274     -20.885 -26.046  46.984  1.00 39.40      D000 N
ATOM   4381  CZ  ARG C 274     -21.630 -25.121  46.389  1.00 48.65      D000 C
ATOM   4382  NH1 ARG C 274     -21.474 -24.867  45.097  1.00 48.98      D000 N
ATOM   4383  NH2 ARG C 274     -22.531 -24.446  47.090  1.00 55.24      D000 N
ATOM   4384  N   TRP C 275     -17.507 -31.639  46.198  1.00 28.06      D000 N
ATOM   4385  CA  TRP C 275     -16.887 -32.709  45.432  1.00 28.84      D000 C
ATOM   4386  C   TRP C 275     -17.754 -33.114  44.252  1.00 29.72      D000 C
ATOM   4387  O   TRP C 275     -18.905 -32.693  44.130  1.00 26.78      D000 O
ATOM   4388  CB  TRP C 275     -16.601 -33.927  46.322  1.00 29.81      D000 C
ATOM   4389  CG  TRP C 275     -17.824 -34.715  46.717  1.00 31.96      D000 C
ATOM   4390  CD1 TRP C 275     -18.293 -35.855  46.125  1.00 31.44      D000 C
ATOM   4391  CD2 TRP C 275     -18.726 -34.423  47.795  1.00 29.40      D000 C
ATOM   4392  CE2 TRP C 275     -19.718 -35.426  47.793  1.00 31.93      D000 C
ATOM   4393  CE3 TRP C 275     -18.791 -33.412  48.759  1.00 32.50      D000 C
ATOM   4394  NE1 TRP C 275     -19.430 -36.288  46.767  1.00 36.68      D000 N
ATOM   4395  CZ2 TRP C 275     -20.761 -35.447  48.718  1.00 33.08      D000 C
ATOM   4396  CZ3 TRP C 275     -19.829 -33.433  49.676  1.00 33.96      D000 C
ATOM   4397  CH2 TRP C 275     -20.801 -34.443  49.648  1.00 35.93      D000 C
ATOM   4398  N   VAL C 276     -17.178 -33.926  43.376  1.00 28.10      D000 N
```

```
ATOM   4399  CA  VAL C 276     -17.870 -34.412  42.195  1.00 29.03      D000 C
ATOM   4400  C   VAL C 276     -17.737 -35.924  42.114  1.00 27.19      D000 C
ATOM   4401  O   VAL C 276     -16.628 -36.454  42.177  1.00 28.31      D000 O
ATOM   4402  CB  VAL C 276     -17.302 -33.780  40.905  1.00 28.00      D000 C
ATOM   4403  CG1 VAL C 276     -18.046 -34.293  39.688  1.00 27.41      D000 C
ATOM   4404  CG2 VAL C 276     -17.364 -32.259  40.982  1.00 28.48      D000 C
ATOM   4405  N   CYS C 277     -18.862 -36.619  41.988  1.00 26.93      D000 N
ATOM   4406  CA  CYS C 277     -18.832 -38.058  41.751  1.00 33.14      D000 C
ATOM   4407  C   CYS C 277     -18.994 -38.338  40.262  1.00 37.44      D000 C
ATOM   4408  O   CYS C 277     -19.699 -37.612  39.564  1.00 33.29      D000 O
ATOM   4409  CB  CYS C 277     -19.922 -38.770  42.562  1.00 32.89      D000 C
ATOM   4410  SG  CYS C 277     -19.660 -38.700  44.364  1.00 47.93      D000 S
ATOM   4411  N   GLU C 278     -18.324 -39.386  39.787  1.00 30.10      D000 N
ATOM   4412  CA  GLU C 278     -18.367 -39.774  38.386  1.00 28.53      D000 C
ATOM   4413  C   GLU C 278     -18.528 -41.288  38.252  1.00 32.73      D000 C
ATOM   4414  O   GLU C 278     -17.931 -42.050  39.008  1.00 29.46      D000 O
ATOM   4415  CB  GLU C 278     -17.095 -39.315  37.655  1.00 32.72      D000 C
ATOM   4416  CG  GLU C 278     -16.913 -39.932  36.260  1.00 32.26      D000 C
ATOM   4417  CD  GLU C 278     -15.636 -39.483  35.555  1.00 39.23      D000 C
ATOM   4418  OE1 GLU C 278     -14.646 -39.151  36.241  1.00 36.80      D000 O
ATOM   4419  OE2 GLU C 278     -15.622 -39.463  34.303  1.00 40.68      D000 O
ATOM   4420  N   THR C 279     -19.346 -41.717  37.297  1.00 27.04      D000 N
ATOM   4421  CA  THR C 279     -19.453 -43.132  36.963  1.00 34.21      D000 C
ATOM   4422  C   THR C 279     -19.688 -43.285  35.460  1.00 36.69      D000 C
ATOM   4423  O   THR C 279     -19.848 -42.296  34.746  1.00 39.25      D000 O
ATOM   4424  CB  THR C 279     -20.586 -43.826  37.758  1.00 39.26      D000 C
ATOM   4425  CG2 THR C 279     -21.950 -43.311  37.326  1.00 34.73      D000 C
ATOM   4426  OG1 THR C 279     -20.522 -45.244  37.554  1.00 42.37      D000 O
ATOM   4427  N   GLU C 280     -19.704 -44.522  34.980  1.00 32.85      D000 N
ATOM   4428  CA  GLU C 280     -19.835 -44.782  33.548  1.00 50.68      D000 C
ATOM   4429  C   GLU C 280     -21.239 -45.225  33.156  1.00 52.22      D000 C
ATOM   4430  O   GLU C 280     -22.086 -45.481  34.011  1.00 55.73      D000 O
ATOM   4431  CB  GLU C 280     -18.829 -45.846  33.118  1.00 52.68      D000 C
ATOM   4432  CG  GLU C 280     -17.416 -45.583  33.593  1.00 64.50      D000 C
ATOM   4433  CD  GLU C 280     -16.653 -46.863  33.862  1.00 89.69      D000 C
ATOM   4434  OE1 GLU C 280     -17.283 -47.943  33.861  1.00 93.00      D000 O
ATOM   4435  OE2 GLU C 280     -15.424 -46.790  34.078  1.00104.15      D000 O
ATOM   4436  O   LEU C 281     -22.641 -47.686  29.761  1.00 76.02      D000 O
ATOM   4437  N   LEU C 281     -21.477 -45.319  31.852  1.00 63.81      D000 N
ATOM   4438  CA  LEU C 281     -22.728 -45.870  31.340  1.00 65.22      D000 C
ATOM   4439  C   LEU C 281     -22.565 -47.338  30.941  1.00 72.08      D000 C
ATOM   4440  CB  LEU C 281     -23.228 -45.044  30.158  1.00 59.22      D000 C
ATOM   4441  CG  LEU C 281     -23.879 -43.727  30.578  1.00 63.11      D000 C
ATOM   4442  CD1 LEU C 281     -24.279 -42.891  29.370  1.00 48.41      D000 C
ATOM   4443  CD2 LEU C 281     -25.083 -44.021  31.458  1.00 67.92      D000 C
ATOM   4444  O   ASP C 282     -20.760 -51.176  30.617  1.00 50.93      D000 O
ATOM   4445  N   ASP C 282     -22.342 -48.183  31.947  1.00 77.43      D000 N
ATOM   4446  CA  ASP C 282     -22.184 -49.629  31.778  1.00 80.26      D000 C
ATOM   4447  C   ASP C 282     -21.144 -50.009  30.726  1.00 71.14      D000 C
ATOM   4448  CB  ASP C 282     -23.529 -50.272  31.433  1.00 81.46      D000 C
ATOM   4449  CG  ASP C 282     -24.448 -50.366  32.632  1.00 80.75      D000 C
ATOM   4450  OD1 ASP C 282     -24.417 -49.445  33.476  1.00 77.18      D000 O
ATOM   4451  OD2 ASP C 282     -25.192 -51.364  32.736  1.00 78.02      D000 O
TER
```

【０７４５】

【表４４】

表 10.3

```
ATOM      1  N   GLN C   1      12.778  87.875   6.343  1.00 63.46           N
ATOM      2  CA  GLN C   1      12.935  86.437   6.168  1.00 57.97           C
ATOM      3  C   GLN C   1      11.798  85.716   6.845  1.00 55.78           C
ATOM      4  O   GLN C   1      11.088  86.308   7.656  1.00 58.48           O
ATOM      5  CB  GLN C   1      14.271  85.946   6.714  1.00 51.88           C
ATOM      6  CG  GLN C   1      14.814  84.739   5.974  1.00 59.79           C
ATOM      7  CD  GLN C   1      14.717  84.869   4.445  1.00 78.61           C
ATOM      8  OE1 GLN C   1      14.676  85.980   3.896  1.00 61.52           O
ATOM      9  NE2 GLN C   1      14.669  83.721   3.753  1.00 84.10           N
ATOM     10  N   VAL C   2      11.615  84.445   6.497  1.00 50.14           N
ATOM     11  CA  VAL C   2      10.404  83.710   6.828  1.00 46.16           C
ATOM     12  C   VAL C   2      10.800  82.363   7.396  1.00 45.45           C
ATOM     13  O   VAL C   2      11.642  81.667   6.822  1.00 49.37           O
ATOM     14  CB  VAL C   2       9.493  83.521   5.596  1.00 45.22           C
ATOM     15  CG1 VAL C   2       8.322  82.567   5.911  1.00 45.47           C
ATOM     16  CG2 VAL C   2       8.965  84.848   5.109  1.00 40.64           C
ATOM     17  N   GLN C   3      10.163  81.983   8.498  1.00 50.52           N
ATOM     18  CA  GLN C   3      10.262  80.648   9.066  1.00 49.86           C
ATOM     19  C   GLN C   3       8.856  80.074   9.158  1.00 45.53           C
ATOM     20  O   GLN C   3       7.924  80.766   9.596  1.00 40.46           O
ATOM     21  CB  GLN C   3      10.933  80.674  10.449  1.00 52.58           C
ATOM     22  CG  GLN C   3      12.476  80.689  10.448  1.00 67.48           C
ATOM     23  CD  GLN C   3      13.103  82.051  10.135  1.00 74.06           C
ATOM     24  OE1 GLN C   3      12.444  83.102  10.186  1.00 75.22           O
ATOM     25  NE2 GLN C   3      14.394  82.033   9.811  1.00 80.56           N
ATOM     26  N   LEU C   4       8.702  78.828   8.714  1.00 36.58           N
ATOM     27  CA  LEU C   4       7.451  78.093   8.811  1.00 35.24           C
ATOM     28  C   LEU C   4       7.674  76.836   9.634  1.00 35.32           C
ATOM     29  O   LEU C   4       8.563  76.043   9.319  1.00 34.10           O
ATOM     30  CB  LEU C   4       6.925  77.728   7.417  1.00 35.59           C
ATOM     31  CG  LEU C   4       6.747  78.896   6.452  1.00 38.97           C
ATOM     32  CD1 LEU C   4       6.422  78.423   5.045  1.00 39.74           C
ATOM     33  CD2 LEU C   4       5.653  79.806   6.970  1.00 42.54           C
ATOM     34  N   VAL C   5       6.835  76.623  10.647  1.00 40.31           N
ATOM     35  CA  VAL C   5       6.970  75.492  11.568  1.00 38.30           C
ATOM     36  C   VAL C   5       5.625  74.776  11.675  1.00 41.55           C
ATOM     37  O   VAL C   5       4.663  75.325  12.232  1.00 47.07           O
ATOM     38  CB  VAL C   5       7.451  75.939  12.956  1.00 35.88           C
ATOM     39  CG1 VAL C   5       7.568  74.743  13.871  1.00 36.28           C
ATOM     40  CG2 VAL C   5       8.763  76.660  12.847  1.00 26.29           C
ATOM     41  N   GLU C   6       5.558  73.556  11.169  1.00 42.37           N
ATOM     42  CA  GLU C   6       4.354  72.741  11.241  1.00 43.70           C
ATOM     43  C   GLU C   6       4.281  71.970  12.559  1.00 43.98           C
ATOM     44  O   GLU C   6       5.290  71.677  13.196  1.00 49.49           O
ATOM     45  CB  GLU C   6       4.290  71.749  10.081  1.00 44.93           C
ATOM     46  CG  GLU C   6       4.481  72.363   8.699  1.00 44.29           C
ATOM     47  CD  GLU C   6       5.949  72.419   8.267  1.00 44.27           C
ATOM     48  OE1 GLU C   6       6.215  72.317   7.041  1.00 42.60           O
ATOM     49  OE2 GLU C   6       6.832  72.490   9.153  1.00 47.85           O1-
ATOM     50  N   SER C   7       3.061  71.619  12.950  1.00 48.19           N
ATOM     51  CA  SER C   7       2.851  70.788  14.128  1.00 51.74           C
ATOM     52  C   SER C   7       1.509  70.084  13.994  1.00 45.51           C
ATOM     53  O   SER C   7       0.681  70.437  13.151  1.00 43.94           O
ATOM     54  CB  SER C   7       2.904  71.620  15.410  1.00 38.38           C
ATOM     55  OG  SER C   7       1.907  72.623  15.354  1.00 49.56           O
ATOM     56  N   GLY C   8       1.310  69.067  14.829  1.00 48.93           N
ATOM     57  CA  GLY C   8       0.030  68.405  14.930  1.00 34.09           C
ATOM     58  C   GLY C   8      -0.065  67.069  14.246  1.00 43.11           C
ATOM     59  O   GLY C   8      -1.148  66.466  14.255  1.00 46.79           O
ATOM     60  N   GLY C   9       1.015  66.567  13.666  1.00 37.58           N
ATOM     61  CA  GLY C   9       0.947  65.229  13.116  1.00 47.86           C
ATOM     62  C   GLY C   9       0.747  64.199  14.226  1.00 51.47           C
ATOM     63  O   GLY C   9       0.716  64.509  15.419  1.00 54.50           O
ATOM     64  N   GLY C  10       0.731  62.943  13.833  1.00 46.74           N
ATOM     65  CA  GLY C  10       0.618  61.871  14.804  1.00 46.77           C
ATOM     66  C   GLY C  10      -0.035  60.648  14.193  1.00 52.50           C
ATOM     67  O   GLY C  10      -0.310  60.586  12.994  1.00 47.51           O
ATOM     68  N   VAL C  11      -0.256  59.651  15.049  1.00 51.48           N
ATOM     69  CA  VAL C  11      -0.832  58.380  14.625  1.00 53.97           C
```

```
ATOM     70  C   VAL C  11      -2.320  58.434  14.900  1.00 52.43           C
ATOM     71  O   VAL C  11      -2.739  58.881  15.975  1.00 50.83           O
ATOM     72  CB  VAL C  11      -0.183  57.184  15.345  1.00 43.91           C
ATOM     73  CG1 VAL C  11      -0.742  55.891  14.787  1.00 43.96           C
ATOM     74  CG2 VAL C  11       1.317  57.226  15.201  1.00 43.94           C
ATOM     75  N   VAL C  12      -3.117  58.015  13.916  1.00 45.99           N
ATOM     76  CA  VAL C  12      -4.570  58.072  13.996  1.00 46.88           C
ATOM     77  C   VAL C  12      -5.115  56.950  13.139  1.00 46.73           C
ATOM     78  O   VAL C  12      -4.469  56.494  12.191  1.00 47.91           O
ATOM     79  CB  VAL C  12      -5.179  59.425  13.540  1.00 47.29           C
ATOM     80  CG1 VAL C  12      -4.763  60.547  14.468  1.00 46.14           C
ATOM     81  CG2 VAL C  12      -4.755  59.739  12.130  1.00 48.50           C
ATOM     82  N   GLN C  13      -6.316  56.547  13.443  1.00 51.98           N
ATOM     83  CA  GLN C  13      -7.001  55.451  12.787  1.00 48.11           C
ATOM     84  C   GLN C  13      -7.748  55.950  11.559  1.00 42.02           C
ATOM     85  O   GLN C  13      -8.237  57.082  11.548  1.00 45.22           O
ATOM     86  CB  GLN C  13      -8.005  54.841  13.740  1.00 57.37           C
ATOM     87  CG  GLN C  13      -7.409  54.422  15.035  1.00 67.65           C
ATOM     88  CD  GLN C  13      -8.286  53.439  15.730  1.00 79.97           C
ATOM     89  OE1 GLN C  13      -8.845  53.737  16.788  1.00 93.60           O
ATOM     90  NE2 GLN C  13      -8.446  52.258  15.130  1.00 91.83           N
ATOM     91  N   PRO C  14      -7.878  55.101  10.541  1.00 38.64           N
ATOM     92  CA  PRO C  14      -8.652  55.475   9.351  1.00 37.32           C
ATOM     93  C   PRO C  14     -10.050  55.954   9.725  1.00 48.06           C
ATOM     94  O   PRO C  14     -10.688  55.419  10.634  1.00 50.66           O
ATOM     95  CB  PRO C  14      -8.711  54.174   8.539  1.00 35.18           C
ATOM     96  CG  PRO C  14      -7.556  53.370   9.005  1.00 40.76           C
ATOM     97  CD  PRO C  14      -7.351  53.727  10.456  1.00 40.72           C
ATOM     98  N   GLY C  15     -10.525  56.982   9.023  1.00 45.47           N
ATOM     99  CA  GLY C  15     -11.836  57.526   9.264  1.00 39.13           C
ATOM    100  C   GLY C  15     -11.886  58.622  10.303  1.00 40.65           C
ATOM    101  O   GLY C  15     -12.887  59.331  10.374  1.00 51.10           O
ATOM    102  N   ARG C  16     -10.842  58.781  11.109  1.00 42.12           N
ATOM    103  CA  ARG C  16     -10.775  59.854  12.087  1.00 42.11           C
ATOM    104  C   ARG C  16     -10.275  61.158  11.450  1.00 49.72           C
ATOM    105  O   ARG C  16     -10.040  61.255  10.237  1.00 41.14           O
ATOM    106  CB  ARG C  16      -9.865  59.456  13.243  1.00 48.99           C
ATOM    107  CG  ARG C  16     -10.287  58.203  13.961  1.00 58.16           C
ATOM    108  CD  ARG C  16     -11.621  58.360  14.645  1.00 60.17           C
ATOM    109  NE  ARG C  16     -11.592  57.775  15.983  1.00 78.30           N
ATOM    110  CZ  ARG C  16     -12.669  57.597  16.743  1.00 90.64           C
ATOM    111  NH1 ARG C  16     -13.866  57.952  16.295  1.00 92.41           N1+
ATOM    112  NH2 ARG C  16     -12.552  57.058  17.950  1.00 96.43           N
ATOM    113  N   SER C  17     -10.093  62.174  12.299  1.00 44.14           N
ATOM    114  CA  SER C  17      -9.731  63.516  11.876  1.00 45.83           C
ATOM    115  C   SER C  17      -8.490  63.998  12.604  1.00 44.89           C
ATOM    116  O   SER C  17      -8.207  63.600  13.738  1.00 51.51           O
ATOM    117  CB  SER C  17     -10.853  64.535  12.132  1.00 45.46           C
ATOM    118  OG  SER C  17     -11.938  64.263  11.274  1.00 59.74           O
ATOM    119  N   LEU C  18      -7.817  64.947  11.961  1.00 41.62           N
ATOM    120  CA  LEU C  18      -6.610  65.573  12.473  1.00 44.03           C
ATOM    121  C   LEU C  18      -6.536  66.971  11.886  1.00 41.33           C
ATOM    122  O   LEU C  18      -6.961  67.203  10.756  1.00 44.87           O
ATOM    123  CB  LEU C  18      -5.366  64.772  12.079  1.00 41.97           C
ATOM    124  CG  LEU C  18      -4.114  64.794  12.940  1.00 54.29           C
ATOM    125  CD1 LEU C  18      -4.440  64.407  14.380  1.00 50.61           C
ATOM    126  CD2 LEU C  18      -3.075  63.836  12.334  1.00 49.38           C
ATOM    127  N   ARG C  19      -6.000  67.902  12.654  1.00 39.81           N
ATOM    128  CA  ARG C  19      -5.810  69.262  12.189  1.00 40.64           C
ATOM    129  C   ARG C  19      -4.334  69.605  12.283  1.00 48.86           C
ATOM    130  O   ARG C  19      -3.778  69.652  13.386  1.00 48.74           O
ATOM    131  CB  ARG C  19      -6.650  70.222  13.021  1.00 41.19           C
ATOM    132  CG  ARG C  19      -6.806  71.632  12.452  1.00 46.04           C
ATOM    133  CD  ARG C  19      -6.323  72.509  13.554  1.00 49.64           C
ATOM    134  NE  ARG C  19      -7.182  73.633  13.872  1.00 52.33           N
ATOM    135  CZ  ARG C  19      -6.947  74.447  14.900  1.00 60.69           C
ATOM    136  NH1 ARG C  19      -5.914  74.205  15.702  1.00 60.16           N1+
ATOM    137  NH2 ARG C  19      -7.741  75.487  15.142  1.00 61.67           N
ATOM    138  N   LEU C  20      -3.716  69.890  11.137  1.00 44.47           N
ATOM    139  CA  LEU C  20      -2.328  70.331  11.121  1.00 42.17           C
ATOM    140  C   LEU C  20      -2.270  71.840  11.202  1.00 40.77           C
```

```
ATOM    141  O   LEU C  20      -3.145  72.544  10.691  1.00 39.38           O
ATOM    142  CB  LEU C  20      -1.591  69.860   9.864  1.00 32.38           C
ATOM    143  CG  LEU C  20      -1.658  68.360   9.649  1.00 39.39           C
ATOM    144  CD1 LEU C  20      -0.808  67.907   8.483  1.00 38.47           C
ATOM    145  CD2 LEU C  20      -1.266  67.633  10.930  1.00 41.15           C
ATOM    146  N   SER C  21      -1.221  72.328  11.845  1.00 39.02           N
ATOM    147  CA  SER C  21      -0.951  73.748  11.950  1.00 40.69           C
ATOM    148  C   SER C  21       0.423  74.053  11.372  1.00 47.84           C
ATOM    149  O   SER C  21       1.339  73.221  11.416  1.00 45.59           O
ATOM    150  CB  SER C  21      -1.011  74.211  13.397  1.00 38.57           C
ATOM    151  OG  SER C  21      -2.330  74.127  13.871  1.00 56.62           O
ATOM    152  N   CYS C  22       0.546  75.263  10.834  1.00 38.99           N
ATOM    153  CA  CYS C  22       1.795  75.794  10.299  1.00 44.99           C
ATOM    154  C   CYS C  22       1.951  77.220  10.827  1.00 46.04           C
ATOM    155  O   CYS C  22       1.172  78.113  10.465  1.00 41.82           O
ATOM    156  CB  CYS C  22       1.788  75.761   8.768  1.00 44.73           C
ATOM    157  SG  CYS C  22       3.139  76.705   7.941  1.00 52.54           S
ATOM    158  N   ALA C  23       2.921  77.417  11.717  1.00 39.89           N
ATOM    159  CA  ALA C  23       3.158  78.694  12.375  1.00 39.98           C
ATOM    160  C   ALA C  23       4.271  79.454  11.659  1.00 41.32           C
ATOM    161  O   ALA C  23       5.359  78.912  11.428  1.00 44.39           O
ATOM    162  CB  ALA C  23       3.522  78.488  13.850  1.00 35.18           C
ATOM    163  N   ALA C  24       3.999  80.703  11.327  1.00 39.85           N
ATOM    164  CA  ALA C  24       4.895  81.524  10.537  1.00 43.27           C
ATOM    165  C   ALA C  24       5.477  82.657  11.372  1.00 46.72           C
ATOM    166  O   ALA C  24       4.801  83.237  12.220  1.00 48.85           O
ATOM    167  CB  ALA C  24       4.157  82.110   9.339  1.00 38.90           C
ATOM    168  N   SER C  25       6.720  83.018  11.076  1.00 44.32           N
ATOM    169  CA  SER C  25       7.328  84.177  11.710  1.00 46.12           C
ATOM    170  C   SER C  25       8.226  84.874  10.695  1.00 44.36           C
ATOM    171  O   SER C  25       8.623  84.304   9.673  1.00 43.53           O
ATOM    172  CB  SER C  25       8.122  83.783  12.966  1.00 46.62           C
ATOM    173  OG  SER C  25       9.191  82.915  12.642  1.00 42.94           O
ATOM    174  N   GLY C  26       8.563  86.112  11.001  1.00 46.40           N
ATOM    175  CA  GLY C  26       9.394  86.915  10.124  1.00 42.45           C
ATOM    176  C   GLY C  26       8.527  87.884   9.326  1.00 52.00           C
ATOM    177  O   GLY C  26       7.673  88.572   9.891  1.00 48.03           O
ATOM    178  N   PHE C  27       8.729  87.910   8.013  1.00 49.49           N
ATOM    179  CA  PHE C  27       7.986  88.820   7.151  1.00 45.04           C
ATOM    180  C   PHE C  27       6.479  88.576   7.273  1.00 44.14           C
ATOM    181  O   PHE C  27       6.025  87.430   7.293  1.00 47.90           O
ATOM    182  CB  PHE C  27       8.449  88.611   5.712  1.00 45.76           C
ATOM    183  CG  PHE C  27       7.704  89.421   4.711  1.00 48.04           C
ATOM    184  CD1 PHE C  27       7.470  90.769   4.937  1.00 50.27           C
ATOM    185  CD2 PHE C  27       7.236  88.838   3.539  1.00 49.31           C
ATOM    186  CE1 PHE C  27       6.784  91.537   4.011  1.00 53.69           C
ATOM    187  CE2 PHE C  27       6.550  89.591   2.606  1.00 47.82           C
ATOM    188  CZ  PHE C  27       6.320  90.951   2.846  1.00 49.54           C
ATOM    189  N   THR C  28       5.709  89.671   7.335  1.00 44.86           N
ATOM    190  CA  THR C  28       4.261  89.693   7.577  1.00 38.38           C
ATOM    191  C   THR C  28       3.475  88.544   6.941  1.00 42.91           C
ATOM    192  O   THR C  28       3.343  88.483   5.711  1.00 36.78           O
ATOM    193  CB  THR C  28       3.679  90.998   7.038  1.00 49.68           C
ATOM    194  OG1 THR C  28       4.434  92.106   7.536  1.00 46.23           O
ATOM    195  CG2 THR C  28       2.208  91.133   7.410  1.00 44.54           C
ATOM    196  N   PHE C  29       2.891  87.687   7.790  1.00 38.44           N
ATOM    197  CA  PHE C  29       2.154  86.502   7.350  1.00 40.01           C
ATOM    198  C   PHE C  29       1.089  86.822   6.304  1.00 36.82           C
ATOM    199  O   PHE C  29       0.942  86.092   5.316  1.00 36.46           O
ATOM    200  CB  PHE C  29       1.508  85.858   8.571  1.00 39.47           C
ATOM    201  CG  PHE C  29       0.772  84.586   8.296  1.00 41.07           C
ATOM    202  CD1 PHE C  29       1.443  83.470   7.809  1.00 39.25           C
ATOM    203  CD2 PHE C  29      -0.586  84.484   8.581  1.00 37.61           C
ATOM    204  CE1 PHE C  29       0.782  82.271   7.600  1.00 37.53           C
ATOM    205  CE2 PHE C  29      -1.260  83.280   8.380  1.00 42.81           C
ATOM    206  CZ  PHE C  29      -0.575  82.170   7.878  1.00 41.35           C
ATOM    207  N   SER C  30       0.352  87.917   6.489  1.00 34.06           N
ATOM    208  CA  SER C  30      -0.719  88.270   5.564  1.00 37.45           C
ATOM    209  C   SER C  30      -0.200  88.707   4.203  1.00 39.61           C
ATOM    210  O   SER C  30      -1.018  88.991   3.319  1.00 35.46           O
ATOM    211  CB  SER C  30      -1.587  89.392   6.141  1.00 31.23           C
```

```
ATOM    212  OG  SER C  30      -0.804  90.566   6.341  1.00 38.68           O
ATOM    213  N   SER C  31       1.115  88.752   3.998  1.00 31.95           N
ATOM    214  CA  SER C  31       1.653  89.144   2.705  1.00 42.10           C
ATOM    215  C   SER C  31       1.858  87.979   1.743  1.00 36.93           C
ATOM    216  O   SER C  31       2.347  88.199   0.629  1.00 40.45           O
ATOM    217  CB  SER C  31       2.975  89.887   2.883  1.00 38.00           C
ATOM    218  OG  SER C  31       2.725  91.165   3.425  1.00 50.55           O
ATOM    219  N   TYR C  32       1.476  86.759   2.103  1.00 32.77           N
ATOM    220  CA  TYR C  32       1.671  85.678   1.145  1.00 37.31           C
ATOM    221  C   TYR C  32       0.613  84.597   1.312  1.00 35.54           C
ATOM    222  O   TYR C  32       0.059  84.403   2.401  1.00 33.81           O
ATOM    223  CB  TYR C  32       3.083  85.087   1.282  1.00 33.59           C
ATOM    224  CG  TYR C  32       3.516  84.779   2.701  1.00 29.77           C
ATOM    225  CD1 TYR C  32       3.130  83.599   3.315  1.00 33.82           C
ATOM    226  CD2 TYR C  32       4.353  85.643   3.405  1.00 38.18           C
ATOM    227  CE1 TYR C  32       3.550  83.271   4.603  1.00 38.72           C
ATOM    228  CE2 TYR C  32       4.781  85.340   4.703  1.00 39.15           C
ATOM    229  CZ  TYR C  32       4.365  84.145   5.296  1.00 45.73           C
ATOM    230  OH  TYR C  32       4.741  83.816   6.579  1.00 41.78           O
ATOM    231  N   GLY C  33       0.344  83.893   0.209  1.00 34.05           N
ATOM    232  CA  GLY C  33      -0.428  82.670   0.260  1.00 32.21           C
ATOM    233  C   GLY C  33       0.446  81.497   0.679  1.00 39.56           C
ATOM    234  O   GLY C  33       1.665  81.640   0.823  1.00 32.33           O
ATOM    235  N   LEU C  34      -0.196  80.340   0.907  1.00 32.53           N
ATOM    236  CA  LEU C  34       0.521  79.169   1.401  1.00 34.46           C
ATOM    237  C   LEU C  34      -0.060  77.886   0.824  1.00 30.24           C
ATOM    238  O   LEU C  34      -1.200  77.841   0.360  1.00 33.75           O
ATOM    239  CB  LEU C  34       0.515  79.085   2.933  1.00 38.99           C
ATOM    240  CG  LEU C  34       1.236  80.236   3.655  1.00 41.08           C
ATOM    241  CD1 LEU C  34       0.223  81.245   4.217  1.00 33.75           C
ATOM    242  CD2 LEU C  34       2.165  79.704   4.725  1.00 35.97           C
ATOM    243  N   HIS C  35       0.768  76.846   0.863  1.00 31.72           N
ATOM    244  CA  HIS C  35       0.503  75.507   0.371  1.00 29.96           C
ATOM    245  C   HIS C  35       0.618  74.498   1.498  1.00 33.37           C
ATOM    246  O   HIS C  35       1.323  74.717   2.484  1.00 34.65           O
ATOM    247  CB  HIS C  35       1.534  75.064  -0.671  1.00 31.82           C
ATOM    248  CG  HIS C  35       1.514  75.835  -1.949  1.00 38.58           C
ATOM    249  ND1 HIS C  35       0.781  75.435  -3.047  1.00 31.99           N
ATOM    250  CD2 HIS C  35       2.200  76.940  -2.333  1.00 34.19           C
ATOM    251  CE1 HIS C  35       1.008  76.269  -4.046  1.00 28.49           C
ATOM    252  NE2 HIS C  35       1.855  77.197  -3.635  1.00 33.84           N
ATOM    253  N   TRP C  36      -0.010  73.347   1.298  1.00 29.55           N
ATOM    254  CA  TRP C  36       0.381  72.110   1.957  1.00 30.04           C
ATOM    255  C   TRP C  36       0.870  71.151   0.887  1.00 32.99           C
ATOM    256  O   TRP C  36       0.217  70.995  -0.149  1.00 33.39           O
ATOM    257  CB  TRP C  36      -0.771  71.490   2.735  1.00 30.51           C
ATOM    258  CG  TRP C  36      -1.084  72.233   3.977  1.00 36.65           C
ATOM    259  CD1 TRP C  36      -2.063  73.191   4.152  1.00 36.08           C
ATOM    260  CD2 TRP C  36      -0.447  72.073   5.246  1.00 33.16           C
ATOM    261  NE1 TRP C  36      -2.055  73.637   5.456  1.00 34.80           N
ATOM    262  CE2 TRP C  36      -1.073  72.972   6.146  1.00 31.89           C
ATOM    263  CE3 TRP C  36       0.602  71.272   5.706  1.00 33.27           C
ATOM    264  CZ2 TRP C  36      -0.690  73.079   7.475  1.00 35.29           C
ATOM    265  CZ3 TRP C  36       0.976  71.373   7.022  1.00 36.31           C
ATOM    266  CH2 TRP C  36       0.334  72.276   7.898  1.00 37.43           C
ATOM    267  N   VAL C  37       2.037  70.544   1.114  1.00 31.46           N
ATOM    268  CA  VAL C  37       2.588  69.540   0.215  1.00 28.53           C
ATOM    269  C   VAL C  37       2.937  68.334   1.066  1.00 37.43           C
ATOM    270  O   VAL C  37       3.354  68.473   2.221  1.00 38.22           O
ATOM    271  CB  VAL C  37       3.832  70.056  -0.554  1.00 32.46           C
ATOM    272  CG1 VAL C  37       4.424  68.959  -1.463  1.00 28.26           C
ATOM    273  CG2 VAL C  37       3.501  71.313  -1.364  1.00 25.69           C
ATOM    274  N   ARG C  38       2.787  67.142   0.503  1.00 30.65           N
ATOM    275  CA  ARG C  38       3.030  65.960   1.303  1.00 35.42           C
ATOM    276  C   ARG C  38       3.936  64.983   0.565  1.00 33.75           C
ATOM    277  O   ARG C  38       4.133  65.061  -0.657  1.00 31.48           O
ATOM    278  CB  ARG C  38       1.721  65.273   1.714  1.00 31.04           C
ATOM    279  CG  ARG C  38       1.037  64.459   0.654  1.00 31.84           C
ATOM    280  CD  ARG C  38      -0.318  63.986   1.190  1.00 28.76           C
ATOM    281  NE  ARG C  38      -1.059  63.233   0.184  1.00 33.40           N
ATOM    282  CZ  ARG C  38      -2.280  62.718   0.368  1.00 33.79           C
```

```
ATOM    283  NH1 ARG C  38      -2.940  62.867   1.523  1.00 29.44           N1+
ATOM    284  NH2 ARG C  38      -2.845  62.057  -0.617  1.00 27.56           N
ATOM    285  N   GLN C  39       4.517  64.077   1.344  1.00 31.44           N
ATOM    286  CA  GLN C  39       5.466  63.101   0.809  1.00 33.90           C
ATOM    287  C   GLN C  39       5.299  61.833   1.621  1.00 30.60           C
ATOM    288  O   GLN C  39       5.589  61.823   2.816  1.00 37.53           O
ATOM    289  CB  GLN C  39       6.908  63.606   0.880  1.00 29.62           C
ATOM    290  CG  GLN C  39       7.950  62.614   0.336  1.00 33.68           C
ATOM    291  CD  GLN C  39       9.317  63.272   0.142  1.00 38.26           C
ATOM    292  OE1 GLN C  39       9.832  63.941   1.041  1.00 36.27           O
ATOM    293  NE2 GLN C  39       9.884  63.121  -1.051  1.00 31.46           N
ATOM    294  N   ALA C  40       4.806  60.795   0.980  1.00 33.74           N
ATOM    295  CA  ALA C  40       4.687  59.501   1.621  1.00 42.24           C
ATOM    296  C   ALA C  40       6.082  58.868   1.723  1.00 41.93           C
ATOM    297  O   ALA C  40       6.967  59.180   0.921  1.00 39.79           O
ATOM    298  CB  ALA C  40       3.726  58.625   0.811  1.00 21.89           C
ATOM    299  N   PRO C  41       6.304  57.974   2.691  1.00 47.02           N
ATOM    300  CA  PRO C  41       7.671  57.444   2.920  1.00 46.31           C
ATOM    301  C   PRO C  41       8.252  56.774   1.681  1.00 40.48           C
ATOM    302  O   PRO C  41       7.677  55.834   1.127  1.00 49.95           O
ATOM    303  CB  PRO C  41       7.475  56.438   4.065  1.00 38.60           C
ATOM    304  CG  PRO C  41       6.179  56.872   4.754  1.00 43.78           C
ATOM    305  CD  PRO C  41       5.319  57.433   3.651  1.00 44.84           C
ATOM    306  N   GLY C  42       9.416  57.254   1.256  1.00 49.67           N
ATOM    307  CA  GLY C  42      10.049  56.738   0.054  1.00 47.19           C
ATOM    308  C   GLY C  42       9.476  57.189  -1.279  1.00 48.22           C
ATOM    309  O   GLY C  42       9.825  56.588  -2.300  1.00 45.62           O
ATOM    310  N   LYS C  43       8.627  58.223  -1.325  1.00 42.77           N
ATOM    311  CA  LYS C  43       7.904  58.581  -2.556  1.00 40.19           C
ATOM    312  C   LYS C  43       8.149  60.040  -2.956  1.00 36.26           C
ATOM    313  O   LYS C  43       8.895  60.789  -2.310  1.00 41.39           O
ATOM    314  CB  LYS C  43       6.402  58.338  -2.390  1.00 43.74           C
ATOM    315  CG  LYS C  43       6.020  56.900  -2.068  1.00 44.39           C
ATOM    316  CD  LYS C  43       6.527  55.936  -3.112  1.00 56.25           C
ATOM    317  CE  LYS C  43       5.920  54.540  -2.918  1.00 72.49           C
ATOM    318  NZ  LYS C  43       6.709  53.467  -3.617  1.00 73.82           N1+
ATOM    319  N   GLY C  44       7.498  60.457  -4.036  1.00 35.63           N
ATOM    320  CA  GLY C  44       7.709  61.788  -4.551  1.00 29.55           C
ATOM    321  C   GLY C  44       6.833  62.802  -3.843  1.00 34.99           C
ATOM    322  O   GLY C  44       6.008  62.475  -2.990  1.00 36.77           O
ATOM    323  N   LEU C  45       7.026  64.067  -4.205  1.00 30.55           N
ATOM    324  CA  LEU C  45       6.192  65.134  -3.664  1.00 32.18           C
ATOM    325  C   LEU C  45       4.783  65.057  -4.257  1.00 31.76           C
ATOM    326  O   LEU C  45       4.597  64.740  -5.440  1.00 25.93           O
ATOM    327  CB  LEU C  45       6.820  66.508  -3.939  1.00 31.66           C
ATOM    328  CG  LEU C  45       8.233  66.714  -3.370  1.00 32.55           C
ATOM    329  CD1 LEU C  45       8.776  68.091  -3.682  1.00 27.48           C
ATOM    330  CD2 LEU C  45       8.219  66.491  -1.871  1.00 28.43           C
ATOM    331  N   GLU C  46       3.784  65.298  -3.413  1.00 27.12           N
ATOM    332  CA  GLU C  46       2.404  65.402  -3.865  1.00 32.84           C
ATOM    333  C   GLU C  46       1.799  66.669  -3.286  1.00 32.06           C
ATOM    334  O   GLU C  46       1.754  66.837  -2.062  1.00 31.76           O
ATOM    335  CB  GLU C  46       1.579  64.183  -3.451  1.00 36.78           C
ATOM    336  CG  GLU C  46       0.226  64.173  -4.126  1.00 44.38           C
ATOM    337  CD  GLU C  46      -0.758  63.166  -3.539  1.00 46.89           C
ATOM    338  OE1 GLU C  46      -0.435  62.467  -2.548  1.00 45.34           O
ATOM    339  OE2 GLU C  46      -1.871  63.088  -4.092  1.00 50.23           O1-
ATOM    340  N   TRP C  47       1.330  67.548  -4.162  1.00 27.92           N
ATOM    341  CA  TRP C  47       0.676  68.764  -3.715  1.00 31.90           C
ATOM    342  C   TRP C  47      -0.664  68.439  -3.079  1.00 31.01           C
ATOM    343  O   TRP C  47      -1.386  67.555  -3.546  1.00 32.31           O
ATOM    344  CB  TRP C  47       0.485  69.713  -4.900  1.00 35.33           C
ATOM    345  CG  TRP C  47      -0.297  70.972  -4.630  1.00 30.11           C
ATOM    346  CD1 TRP C  47       0.104  72.068  -3.910  1.00 29.39           C
ATOM    347  CD2 TRP C  47      -1.616  71.270  -5.118  1.00 29.40           C
ATOM    348  NE1 TRP C  47      -0.886  73.032  -3.925  1.00 32.24           N
ATOM    349  CE2 TRP C  47      -1.952  72.563  -4.660  1.00 34.57           C
ATOM    350  CE3 TRP C  47      -2.534  70.575  -5.913  1.00 30.62           C
ATOM    351  CZ2 TRP C  47      -3.190  73.165  -4.958  1.00 29.29           C
ATOM    352  CZ3 TRP C  47      -3.764  71.177  -6.215  1.00 31.59           C
ATOM    353  CH2 TRP C  47      -4.075  72.459  -5.736  1.00 32.18           C
```

```
ATOM    354  N   VAL C  48      -1.010  69.189  -2.031  1.00 31.17           N
ATOM    355  CA  VAL C  48      -2.268  69.019  -1.303  1.00 28.29           C
ATOM    356  C   VAL C  48      -3.239  70.192  -1.553  1.00 34.03           C
ATOM    357  O   VAL C  48      -4.371  69.989  -2.002  1.00 29.40           O
ATOM    358  CB  VAL C  48      -2.007  68.824   0.206  1.00 29.92           C
ATOM    359  CG1 VAL C  48      -3.321  68.671   0.944  1.00 32.67           C
ATOM    360  CG2 VAL C  48      -1.117  67.606   0.433  1.00 28.26           C
ATOM    361  N   ALA C  49      -2.825  71.421  -1.237  1.00 30.79           N
ATOM    362  CA  ALA C  49      -3.747  72.546  -1.373  1.00 31.82           C
ATOM    363  C   ALA C  49      -2.974  73.854  -1.325  1.00 32.29           C
ATOM    364  O   ALA C  49      -1.845  73.908  -0.823  1.00 30.87           O
ATOM    365  CB  ALA C  49      -4.821  72.517  -0.277  1.00 30.36           C
ATOM    366  N  AVAL C  50      -3.605  74.914  -1.835  0.50 31.84           N
ATOM    367  CA AVAL C  50      -3.060  76.269  -1.763  0.50 30.56           C
ATOM    368  C  AVAL C  50      -4.179  77.222  -1.373  0.50 31.68           C
ATOM    369  O  AVAL C  50      -5.333  77.047  -1.784  0.50 29.47           O
ATOM    370  CB AVAL C  50      -2.408  76.711  -3.093  0.50 30.12           C
ATOM    371  CG1AVAL C  50      -3.459  76.855  -4.204  0.50 28.96           C
ATOM    372  CG2AVAL C  50      -1.624  77.987  -2.912  0.50 24.87           C
ATOM    373  N  BVAL C  50      -3.584  74.900  -1.900  0.50 32.14           N
ATOM    374  CA BVAL C  50      -3.117  76.279  -1.776  0.50 30.77           C
ATOM    375  C  BVAL C  50      -4.231  77.106  -1.160  0.50 31.70           C
ATOM    376  O  BVAL C  50      -5.415  76.765  -1.240  0.50 30.32           O
ATOM    377  CB BVAL C  50      -2.698  76.932  -3.115  0.50 30.01           C
ATOM    378  CG1BVAL C  50      -2.103  75.960  -4.000  0.50 36.11           C
ATOM    379  CG2BVAL C  50      -3.896  77.491  -3.831  0.50 31.66           C
ATOM    380  N   ILE C  51      -3.834  78.232  -0.574  1.00 31.49           N
ATOM    381  CA  ILE C  51      -4.770  79.260  -0.151  1.00 28.89           C
ATOM    382  C   ILE C  51      -4.143  80.593  -0.519  1.00 37.27           C
ATOM    383  O   ILE C  51      -2.913  80.736  -0.534  1.00 32.74           O
ATOM    384  CB  ILE C  51      -5.085  79.203   1.356  1.00 33.18           C
ATOM    385  CG1 ILE C  51      -6.238  80.154   1.691  1.00 31.97           C
ATOM    386  CG2 ILE C  51      -3.837  79.550   2.210  1.00 26.57           C
ATOM    387  CD1 ILE C  51      -6.766  79.971   3.093  1.00 31.63           C
ATOM    388  N   TRP C  52      -5.000  81.561  -0.838  1.00 30.70           N
ATOM    389  CA  TRP C  52      -4.563  82.882  -1.241  1.00 25.99           C
ATOM    390  C   TRP C  52      -4.040  83.652  -0.036  1.00 29.12           C
ATOM    391  O   TRP C  52      -4.302  83.303   1.117  1.00 36.14           O
ATOM    392  CB  TRP C  52      -5.722  83.638  -1.898  1.00 27.78           C
ATOM    393  CG  TRP C  52      -5.405  84.135  -3.270  1.00 33.59           C
ATOM    394  CD1 TRP C  52      -5.333  85.445  -3.676  1.00 32.68           C
ATOM    395  CD2 TRP C  52      -5.102  83.340  -4.426  1.00 30.76           C
ATOM    396  NE1 TRP C  52      -5.004  85.510  -5.010  1.00 32.81           N
ATOM    397  CE2 TRP C  52      -4.853  84.235  -5.495  1.00 33.10           C
ATOM    398  CE3 TRP C  52      -4.989  81.962  -4.657  1.00 33.14           C
ATOM    399  CZ2 TRP C  52      -4.516  83.792  -6.779  1.00 32.67           C
ATOM    400  CZ3 TRP C  52      -4.670  81.524  -5.941  1.00 33.56           C
ATOM    401  CH2 TRP C  52      -4.435  82.436  -6.983  1.00 32.43           C
ATOM    402  N   TYR C  53      -3.304  84.726  -0.315  1.00 29.93           N
ATOM    403  CA  TYR C  53      -2.784  85.558   0.768  1.00 38.06           C
ATOM    404  C   TYR C  53      -3.898  86.148   1.630  1.00 40.02           C
ATOM    405  O   TYR C  53      -3.690  86.389   2.829  1.00 43.14           O
ATOM    406  CB  TYR C  53      -1.915  86.685   0.203  1.00 36.99           C
ATOM    407  CG  TYR C  53      -2.522  87.380  -0.992  1.00 42.26           C
ATOM    408  CD1 TYR C  53      -3.449  88.409  -0.831  1.00 39.71           C
ATOM    409  CD2 TYR C  53      -2.172  86.999  -2.290  1.00 38.52           C
ATOM    410  CE1 TYR C  53      -4.015  89.042  -1.927  1.00 38.70           C
ATOM    411  CE2 TYR C  53      -2.720  87.631  -3.397  1.00 43.88           C
ATOM    412  CZ  TYR C  53      -3.647  88.654  -3.211  1.00 46.93           C
ATOM    413  OH  TYR C  53      -4.205  89.264  -4.318  1.00 49.29           O
ATOM    414  N   ASP C  54      -5.082  86.385   1.058  1.00 35.51           N
ATOM    415  CA  ASP C  54      -6.200  86.943   1.811  1.00 38.58           C
ATOM    416  C   ASP C  54      -7.258  85.899   2.166  1.00 37.13           C
ATOM    417  O   ASP C  54      -8.397  86.262   2.468  1.00 42.80           O
ATOM    418  CB  ASP C  54      -6.839  88.093   1.036  1.00 35.61           C
ATOM    419  CG  ASP C  54      -7.319  87.664  -0.336  1.00 39.47           C
ATOM    420  OD1 ASP C  54      -7.355  86.435  -0.617  1.00 40.37           O
ATOM    421  OD2 ASP C  54      -7.678  88.551  -1.129  1.00 40.04           O1-
ATOM    422  N   GLY C  55      -6.921  84.614   2.110  1.00 38.50           N
ATOM    423  CA  GLY C  55      -7.878  83.579   2.451  1.00 30.61           C
ATOM    424  C   GLY C  55      -9.007  83.374   1.465  1.00 39.39           C
```

```
ATOM    425  O   GLY C  55      -9.946  82.625   1.773  1.00 37.86           O
ATOM    426  N   SER C  56      -8.944  83.988   0.276  1.00 37.78           N
ATOM    427  CA  SER C  56     -10.036  83.866  -0.689  1.00 30.88           C
ATOM    428  C   SER C  56      -9.948  82.566  -1.485  1.00 29.51           C
ATOM    429  O   SER C  56     -10.561  81.560  -1.107  1.00 35.66           O
ATOM    430  CB  SER C  56     -10.050  85.075  -1.634  1.00 31.22           C
ATOM    431  OG  SER C  56      -8.824  85.214  -2.331  1.00 32.22           O
ATOM    432  N   ASN C  57      -9.192  82.555  -2.578  1.00 28.37           N
ATOM    433  CA  ASN C  57      -9.143  81.363  -3.423  1.00 35.02           C
ATOM    434  C   ASN C  57      -8.480  80.196  -2.691  1.00 32.70           C
ATOM    435  O   ASN C  57      -7.544  80.388  -1.909  1.00 29.84           O
ATOM    436  CB  ASN C  57      -8.407  81.655  -4.733  1.00 29.59           C
ATOM    437  CG  ASN C  57      -9.224  82.532  -5.682  1.00 35.30           C
ATOM    438  OD1 ASN C  57     -10.082  83.295  -5.248  1.00 31.05           O
ATOM    439  ND2 ASN C  57      -8.982  82.390  -6.988  1.00 33.63           N
ATOM    440  N   LYS C  58      -9.018  78.992  -2.915  1.00 28.81           N
ATOM    441  CA  LYS C  58      -8.510  77.731  -2.374  1.00 33.21           C
ATOM    442  C   LYS C  58      -8.561  76.699  -3.485  1.00 31.65           C
ATOM    443  O   LYS C  58      -9.609  76.539  -4.111  1.00 31.96           O
ATOM    444  CB  LYS C  58      -9.356  77.210  -1.201  1.00 29.22           C
ATOM    445  CG  LYS C  58      -9.438  78.136  -0.030  1.00 39.00           C
ATOM    446  CD  LYS C  58     -10.443  77.655   1.024  1.00 28.02           C
ATOM    447  CE  LYS C  58     -10.456  78.663   2.179  1.00 29.93           C
ATOM    448  NZ  LYS C  58     -11.039  78.171   3.465  1.00 34.24           N1+
ATOM    449  N   TYR C  59      -7.465  75.969  -3.693  1.00 33.17           N
ATOM    450  CA  TYR C  59      -7.402  74.893  -4.680  1.00 31.69           C
ATOM    451  C   TYR C  59      -6.931  73.623  -3.988  1.00 32.39           C
ATOM    452  O   TYR C  59      -6.165  73.681  -3.025  1.00 32.73           O
ATOM    453  CB  TYR C  59      -6.450  75.203  -5.856  1.00 33.11           C
ATOM    454  CG  TYR C  59      -6.646  76.536  -6.574  1.00 41.69           C
ATOM    455  CD1 TYR C  59      -6.539  77.741  -5.914  1.00 48.94           C
ATOM    456  CD2 TYR C  59      -6.892  76.574  -7.925  1.00 52.57           C
ATOM    457  CE1 TYR C  59      -6.714  78.936  -6.579  1.00 54.05           C
ATOM    458  CE2 TYR C  59      -7.055  77.762  -8.590  1.00 51.75           C
ATOM    459  CZ  TYR C  59      -6.973  78.936  -7.916  1.00 42.38           C
ATOM    460  OH  TYR C  59      -7.155  80.120  -8.583  1.00 40.63           O
ATOM    461  N   TYR C  60      -7.401  72.470  -4.475  1.00 28.26           N
ATOM    462  CA  TYR C  60      -7.080  71.205  -3.835  1.00 26.89           C
ATOM    463  C   TYR C  60      -6.720  70.156  -4.864  1.00 32.21           C
ATOM    464  O   TYR C  60      -7.276  70.128  -5.967  1.00 30.27           O
ATOM    465  CB  TYR C  60      -8.232  70.657  -3.004  1.00 28.01           C
ATOM    466  CG  TYR C  60      -8.665  71.517  -1.854  1.00 34.24           C
ATOM    467  CD1 TYR C  60      -9.607  72.540  -2.036  1.00 31.75           C
ATOM    468  CD2 TYR C  60      -8.169  71.297  -0.570  1.00 31.69           C
ATOM    469  CE1 TYR C  60     -10.020  73.341  -0.963  1.00 28.22           C
ATOM    470  CE2 TYR C  60      -8.595  72.093   0.512  1.00 30.87           C
ATOM    471  CZ  TYR C  60      -9.516  73.111   0.301  1.00 28.55           C
ATOM    472  OH  TYR C  60      -9.924  73.903   1.354  1.00 30.94           O
ATOM    473  N   ALA C  61      -5.807  69.267  -4.468  1.00 27.28           N
ATOM    474  CA  ALA C  61      -5.533  68.075  -5.252  1.00 28.59           C
ATOM    475  C   ALA C  61      -6.745  67.149  -5.238  1.00 34.61           C
ATOM    476  O   ALA C  61      -7.493  67.080  -4.260  1.00 31.50           O
ATOM    477  CB  ALA C  61      -4.315  67.342  -4.706  1.00 23.81           C
ATOM    478  N   ASP C  62      -6.920  66.423  -6.341  1.00 38.58           N
ATOM    479  CA  ASP C  62      -8.069  65.537  -6.487  1.00 40.90           C
ATOM    480  C   ASP C  62      -8.129  64.490  -5.382  1.00 41.29           C
ATOM    481  O   ASP C  62      -9.210  64.175  -4.884  1.00 43.64           O
ATOM    482  CB  ASP C  62      -8.027  64.862  -7.858  1.00 41.48           C
ATOM    483  CG  ASP C  62      -8.775  65.657  -8.908  1.00 52.54           C
ATOM    484  OD1 ASP C  62      -9.074  66.853  -8.639  1.00 50.91           O
ATOM    485  OD2 ASP C  62      -9.074  65.083  -9.984  1.00 54.03           O1-
ATOM    486  N   SER C  63      -6.978  63.960  -4.967  1.00 38.35           N
ATOM    487  CA  SER C  63      -6.931  62.918  -3.948  1.00 40.77           C
ATOM    488  C   SER C  63      -7.429  63.398  -2.589  1.00 41.73           C
ATOM    489  O   SER C  63      -7.557  62.586  -1.666  1.00 37.97           O
ATOM    490  CB  SER C  63      -5.493  62.386  -3.804  1.00 39.37           C
ATOM    491  OG  SER C  63      -4.582  63.445  -3.547  1.00 39.82           O
ATOM    492  N   VAL C  64      -7.730  64.681  -2.445  1.00 37.08           N
ATOM    493  CA  VAL C  64      -7.937  65.265  -1.130  1.00 34.49           C
ATOM    494  C   VAL C  64      -9.234  66.090  -1.105  1.00 35.91           C
ATOM    495  O   VAL C  64      -9.766  66.419  -0.033  1.00 35.61           O
```

```
ATOM    496  CB  VAL C  64      -6.652  66.052  -0.800  1.00 37.75           C
ATOM    497  CG1 VAL C  64      -6.895  67.438  -0.272  1.00 34.28           C
ATOM    498  CG2 VAL C  64      -5.734  65.214   0.078  1.00 37.52           C
ATOM    499  N   LYS C  65      -9.774  66.389  -2.294  1.00 33.05           N
ATOM    500  CA  LYS C  65     -11.007  67.169  -2.424  1.00 35.12           C
ATOM    501  C   LYS C  65     -12.143  66.581  -1.599  1.00 41.45           C
ATOM    502  O   LYS C  65     -12.378  65.368  -1.600  1.00 37.85           O
ATOM    503  CB  LYS C  65     -11.463  67.244  -3.888  1.00 35.87           C
ATOM    504  CG  LYS C  65     -10.771  68.290  -4.714  1.00 35.54           C
ATOM    505  CD  LYS C  65     -11.454  68.428  -6.057  1.00 42.42           C
ATOM    506  CE  LYS C  65     -10.975  69.680  -6.795  1.00 38.45           C
ATOM    507  NZ  LYS C  65      -9.588  69.479  -7.281  1.00 40.01           N1+
ATOM    508  N   GLY C  66     -12.876  67.460  -0.925  1.00 38.42           N
ATOM    509  CA  GLY C  66     -14.008  67.048  -0.131  1.00 34.79           C
ATOM    510  C   GLY C  66     -13.656  66.580   1.252  1.00 43.32           C
ATOM    511  O   GLY C  66     -14.504  66.628   2.139  1.00 44.56           O
ATOM    512  N   ARG C  67     -12.416  66.177   1.488  1.00 42.85           N
ATOM    513  CA  ARG C  67     -12.040  65.681   2.798  1.00 33.59           C
ATOM    514  C   ARG C  67     -11.185  66.653   3.587  1.00 38.28           C
ATOM    515  O   ARG C  67     -11.308  66.698   4.812  1.00 35.39           O
ATOM    516  CB  ARG C  67     -11.317  64.333   2.663  1.00 38.43           C
ATOM    517  CG  ARG C  67     -12.241  63.220   2.171  1.00 33.48           C
ATOM    518  CD  ARG C  67     -11.540  61.860   2.172  1.00 39.76           C
ATOM    519  NE  ARG C  67     -10.284  61.891   1.423  1.00 38.65           N
ATOM    520  CZ  ARG C  67      -9.081  61.717   1.967  1.00 39.28           C
ATOM    521  NH1 ARG C  67      -8.981  61.482   3.259  1.00 31.68           N1+
ATOM    522  NH2 ARG C  67      -7.977  61.785   1.224  1.00 36.70           N
ATOM    523  N   PHE C  68     -10.304  67.413   2.922  1.00 37.96           N
ATOM    524  CA  PHE C  68      -9.395  68.344   3.576  1.00 30.65           C
ATOM    525  C   PHE C  68      -9.874  69.766   3.351  1.00 34.00           C
ATOM    526  O   PHE C  68     -10.488  70.071   2.325  1.00 36.05           O
ATOM    527  CB  PHE C  68      -7.959  68.224   3.047  1.00 37.02           C
ATOM    528  CG  PHE C  68      -7.264  66.900   3.360  1.00 38.71           C
ATOM    529  CD1 PHE C  68      -7.954  65.814   3.888  1.00 35.33           C
ATOM    530  CD2 PHE C  68      -5.894  66.767   3.140  1.00 37.81           C
ATOM    531  CE1 PHE C  68      -7.299  64.615   4.164  1.00 36.61           C
ATOM    532  CE2 PHE C  68      -5.218  65.569   3.425  1.00 33.40           C
ATOM    533  CZ  PHE C  68      -5.919  64.498   3.934  1.00 40.51           C
ATOM    534  N   THR C  69      -9.582  70.646   4.307  1.00 35.34           N
ATOM    535  CA  THR C  69      -9.924  72.055   4.163  1.00 29.08           C
ATOM    536  C   THR C  69      -8.743  72.900   4.621  1.00 31.52           C
ATOM    537  O   THR C  69      -8.229  72.710   5.725  1.00 33.87           O
ATOM    538  CB  THR C  69     -11.198  72.407   4.954  1.00 32.76           C
ATOM    539  OG1 THR C  69     -12.294  71.663   4.427  1.00 36.96           O
ATOM    540  CG2 THR C  69     -11.545  73.923   4.828  1.00 25.39           C
ATOM    541  N   ILE C  70      -8.309  73.827   3.778  1.00 33.09           N
ATOM    542  CA  ILE C  70      -7.201  74.720   4.113  1.00 29.02           C
ATOM    543  C   ILE C  70      -7.786  76.038   4.602  1.00 32.22           C
ATOM    544  O   ILE C  70      -8.810  76.503   4.093  1.00 33.11           O
ATOM    545  CB  ILE C  70      -6.265  74.911   2.899  1.00 35.27           C
ATOM    546  CG1 ILE C  70      -4.942  75.579   3.288  1.00 31.47           C
ATOM    547  CG2 ILE C  70      -6.939  75.726   1.800  1.00 23.76           C
ATOM    548  CD1 ILE C  70      -3.965  75.590   2.138  1.00 31.12           C
ATOM    549  N   SER C  71      -7.174  76.618   5.627  1.00 35.69           N
ATOM    550  CA  SER C  71      -7.670  77.883   6.153  1.00 38.73           C
ATOM    551  C   SER C  71      -6.513  78.588   6.845  1.00 37.39           C
ATOM    552  O   SER C  71      -5.444  78.009   7.046  1.00 41.40           O
ATOM    553  CB  SER C  71      -8.849  77.655   7.100  1.00 37.80           C
ATOM    554  OG  SER C  71      -8.444  76.880   8.217  1.00 38.72           O
ATOM    555  N   ARG C  72      -6.726  79.852   7.204  1.00 35.68           N
ATOM    556  CA  ARG C  72      -5.674  80.600   7.876  1.00 36.89           C
ATOM    557  C   ARG C  72      -6.274  81.545   8.908  1.00 40.29           C
ATOM    558  O   ARG C  72      -7.421  81.973   8.791  1.00 38.24           O
ATOM    559  CB  ARG C  72      -4.825  81.385   6.864  1.00 35.87           C
ATOM    560  CG  ARG C  72      -5.636  82.390   6.057  1.00 34.72           C
ATOM    561  CD  ARG C  72      -4.828  82.983   4.903  1.00 30.54           C
ATOM    562  NE  ARG C  72      -3.674  83.722   5.397  1.00 39.63           N
ATOM    563  CZ  ARG C  72      -2.575  83.951   4.694  1.00 41.45           C
ATOM    564  NH1 ARG C  72      -2.475  83.499   3.449  1.00 37.50           N1+
ATOM    565  NH2 ARG C  72      -1.579  84.643   5.240  1.00 38.82           N
ATOM    566  N   ASP C  73      -5.478  81.878   9.920  1.00 38.55           N
```

```
ATOM    567  CA  ASP C  73      -5.852  82.875  10.919  1.00 40.45           C
ATOM    568  C   ASP C  73      -4.704  83.871  11.015  1.00 44.31           C
ATOM    569  O   ASP C  73      -3.699  83.601  11.676  1.00 47.19           O
ATOM    570  CB  ASP C  73      -6.142  82.239  12.277  1.00 45.34           C
ATOM    571  CG  ASP C  73      -6.685  83.247  13.303  1.00 48.06           C
ATOM    572  OD1 ASP C  73      -6.492  84.479  13.138  1.00 54.90           O
ATOM    573  OD2 ASP C  73      -7.277  82.797  14.305  1.00 53.87           O1-
ATOM    574  N   ASN C  74      -4.865  85.028  10.374  1.00 39.84           N
ATOM    575  CA  ASN C  74      -3.778  85.991  10.341  1.00 43.99           C
ATOM    576  C   ASN C  74      -3.450  86.497  11.739  1.00 48.38           C
ATOM    577  O   ASN C  74      -2.282  86.767  12.040  1.00 55.63           O
ATOM    578  CB  ASN C  74      -4.126  87.136   9.385  1.00 39.05           C
ATOM    579  CG  ASN C  74      -3.974  86.735   7.922  1.00 46.52           C
ATOM    580  OD1 ASN C  74      -3.620  85.591   7.606  1.00 45.49           O
ATOM    581  ND2 ASN C  74      -4.238  87.668   7.024  1.00 41.67           N
ATOM    582  N   SER C  75      -4.444  86.570  12.626  1.00 52.35           N
ATOM    583  CA  SER C  75      -4.172  87.063  13.973  1.00 49.93           C
ATOM    584  C   SER C  75      -3.251  86.138  14.759  1.00 51.44           C
ATOM    585  O   SER C  75      -2.606  86.596  15.705  1.00 53.63           O
ATOM    586  CB  SER C  75      -5.480  87.277  14.735  1.00 45.73           C
ATOM    587  OG  SER C  75      -6.025  86.059  15.205  1.00 53.39           O
ATOM    588  N   LYS C  76      -3.158  84.860  14.387  1.00 49.51           N
ATOM    589  CA  LYS C  76      -2.235  83.925  15.018  1.00 43.14           C
ATOM    590  C   LYS C  76      -1.069  83.563  14.114  1.00 50.55           C
ATOM    591  O   LYS C  76      -0.325  82.632  14.440  1.00 45.43           O
ATOM    592  CB  LYS C  76      -2.951  82.633  15.422  1.00 45.66           C
ATOM    593  CG  LYS C  76      -4.185  82.802  16.282  1.00 49.74           C
ATOM    594  CD  LYS C  76      -4.789  81.447  16.612  1.00 50.31           C
ATOM    595  CE  LYS C  76      -6.149  81.588  17.303  1.00 56.50           C
ATOM    596  NZ  LYS C  76      -6.769  80.256  17.607  1.00 68.70           N1+
ATOM    597  N   ASN C  77      -0.896  84.275  12.992  1.00 47.54           N
ATOM    598  CA  ASN C  77       0.093  83.953  11.963  1.00 44.06           C
ATOM    599  C   ASN C  77       0.174  82.458  11.667  1.00 45.22           C
ATOM    600  O   ASN C  77       1.278  81.913  11.537  1.00 43.31           O
ATOM    601  CB  ASN C  77       1.470  84.476  12.358  1.00 41.59           C
ATOM    602  CG  ASN C  77       1.530  85.984  12.365  1.00 44.41           C
ATOM    603  OD1 ASN C  77       0.827  86.646  11.609  1.00 48.47           O
ATOM    604  ND2 ASN C  77       2.354  86.535  13.232  1.00 44.19           N
ATOM    605  N   THR C  78      -0.981  81.789  11.547  1.00 36.70           N
ATOM    606  CA  THR C  78      -1.021  80.336  11.472  1.00 40.83           C
ATOM    607  C   THR C  78      -1.861  79.905  10.280  1.00 44.26           C
ATOM    608  O   THR C  78      -2.909  80.500  10.003  1.00 37.17           O
ATOM    609  CB  THR C  78      -1.599  79.724  12.774  1.00 40.36           C
ATOM    610  OG1 THR C  78      -0.819  80.156  13.888  1.00 45.18           O
ATOM    611  CG2 THR C  78      -1.572  78.205  12.739  1.00 38.53           C
ATOM    612  N   LEU C  79      -1.365  78.886   9.574  1.00 39.56           N
ATOM    613  CA  LEU C  79      -2.067  78.174   8.513  1.00 33.74           C
ATOM    614  C   LEU C  79      -2.557  76.821   9.033  1.00 37.68           C
ATOM    615  O   LEU C  79      -1.875  76.162   9.822  1.00 39.25           O
ATOM    616  CB  LEU C  79      -1.133  77.969   7.307  1.00 40.59           C
ATOM    617  CG  LEU C  79      -1.615  77.032   6.178  1.00 40.09           C
ATOM    618  CD1 LEU C  79      -2.574  77.739   5.277  1.00 28.75           C
ATOM    619  CD2 LEU C  79      -0.476  76.386   5.372  1.00 31.11           C
ATOM    620  N   TYR C  80      -3.738  76.399   8.599  1.00 35.37           N
ATOM    621  CA  TYR C  80      -4.296  75.136   9.067  1.00 38.96           C
ATOM    622  C   TYR C  80      -4.592  74.197   7.909  1.00 36.52           C
ATOM    623  O   TYR C  80      -4.895  74.629   6.798  1.00 37.65           O
ATOM    624  CB  TYR C  80      -5.592  75.328   9.872  1.00 36.20           C
ATOM    625  CG  TYR C  80      -5.421  76.193  11.073  1.00 41.77           C
ATOM    626  CD1 TYR C  80      -4.830  75.697  12.234  1.00 41.02           C
ATOM    627  CD2 TYR C  80      -5.845  77.516  11.052  1.00 39.70           C
ATOM    628  CE1 TYR C  80      -4.655  76.511  13.345  1.00 44.22           C
ATOM    629  CE2 TYR C  80      -5.685  78.340  12.152  1.00 40.29           C
ATOM    630  CZ  TYR C  80      -5.089  77.837  13.297  1.00 49.44           C
ATOM    631  OH  TYR C  80      -4.938  78.666  14.388  1.00 54.21           O
ATOM    632  N   LEU C  81      -4.520  72.901   8.194  1.00 36.72           N
ATOM    633  CA  LEU C  81      -5.055  71.869   7.317  1.00 41.79           C
ATOM    634  C   LEU C  81      -5.970  70.979   8.151  1.00 40.31           C
ATOM    635  O   LEU C  81      -5.497  70.223   9.006  1.00 40.72           O
ATOM    636  CB  LEU C  81      -3.943  71.050   6.665  1.00 36.53           C
ATOM    637  CG  LEU C  81      -4.473  70.006   5.677  1.00 29.95           C
```

```
ATOM    638  CD1 LEU C  81      -5.070  70.688   4.452  1.00 35.27           C
ATOM    639  CD2 LEU C  81      -3.369  69.024   5.277  1.00 31.44           C
ATOM    640  N   GLN C  82      -7.274  71.101   7.926  1.00 38.93           N
ATOM    641  CA  GLN C  82      -8.277  70.254   8.566  1.00 35.95           C
ATOM    642  C   GLN C  82      -8.454  68.996   7.728  1.00 36.48           C
ATOM    643  O   GLN C  82      -8.834  69.081   6.557  1.00 41.11           O
ATOM    644  CB  GLN C  82      -9.606  71.009   8.718  1.00 32.87           C
ATOM    645  CG  GLN C  82     -10.720  70.190   9.383  1.00 27.13           C
ATOM    646  CD  GLN C  82     -10.339  69.723  10.783  1.00 41.21           C
ATOM    647  OE1 GLN C  82      -9.875  70.511  11.621  1.00 41.00           O
ATOM    648  NE2 GLN C  82     -10.466  68.418  11.018  1.00 37.49           N
ATOM    649  N   MET C  83      -8.136  67.839   8.304  1.00 36.04           N
ATOM    650  CA  MET C  83      -8.151  66.557   7.594  1.00 39.43           C
ATOM    651  C   MET C  83      -9.242  65.670   8.174  1.00 41.49           C
ATOM    652  O   MET C  83      -9.145  65.225   9.321  1.00 46.39           O
ATOM    653  CB  MET C  83      -6.791  65.854   7.669  1.00 42.85           C
ATOM    654  CG  MET C  83      -5.616  66.618   7.030  1.00 44.37           C
ATOM    655  SD  MET C  83      -4.047  65.719   7.166  1.00 45.89           S
ATOM    656  CE  MET C  83      -3.833  65.851   8.911  1.00 41.39           C
ATOM    657  N   ASN C  84     -10.284  65.432   7.400  1.00 37.96           N
ATOM    658  CA  ASN C  84     -11.368  64.560   7.811  1.00 38.76           C
ATOM    659  C   ASN C  84     -11.332  63.268   7.002  1.00 40.86           C
ATOM    660  O   ASN C  84     -10.744  63.205   5.918  1.00 40.04           O
ATOM    661  CB  ASN C  84     -12.715  65.273   7.649  1.00 33.01           C
ATOM    662  CG  ASN C  84     -12.807  66.525   8.498  1.00 37.92           C
ATOM    663  OD1 ASN C  84     -12.179  66.617   9.548  1.00 46.79           O
ATOM    664  ND2 ASN C  84     -13.617  67.480   8.071  1.00 40.77           N
ATOM    665  N   SER C  85     -11.956  62.226   7.547  1.00 43.43           N
ATOM    666  CA  SER C  85     -12.072  60.945   6.852  1.00 40.65           C
ATOM    667  C   SER C  85     -10.714  60.421   6.406  1.00 39.67           C
ATOM    668  O   SER C  85     -10.529  60.022   5.252  1.00 36.84           O
ATOM    669  CB  SER C  85     -13.010  61.055   5.654  1.00 38.73           C
ATOM    670  OG  SER C  85     -14.333  61.254   6.094  1.00 48.16           O
ATOM    671  N   LEU C  86      -9.757  60.421   7.331  1.00 38.73           N
ATOM    672  CA  LEU C  86      -8.390  60.056   6.977  1.00 37.86           C
ATOM    673  C   LEU C  86      -8.328  58.625   6.457  1.00 38.76           C
ATOM    674  O   LEU C  86      -9.063  57.749   6.909  1.00 43.94           O
ATOM    675  CB  LEU C  86      -7.471  60.241   8.184  1.00 39.02           C
ATOM    676  CG  LEU C  86      -7.098  61.711   8.395  1.00 38.85           C
ATOM    677  CD1 LEU C  86      -6.467  61.983   9.765  1.00 37.48           C
ATOM    678  CD2 LEU C  86      -6.157  62.137   7.290  1.00 41.68           C
ATOM    679  N   ARG C  87      -7.468  58.400   5.470  1.00 41.40           N
ATOM    680  CA  ARG C  87      -7.251  57.088   4.882  1.00 37.22           C
ATOM    681  C   ARG C  87      -5.782  56.695   5.005  1.00 43.89           C
ATOM    682  O   ARG C  87      -4.900  57.546   5.190  1.00 37.28           O
ATOM    683  CB  ARG C  87      -7.661  57.052   3.409  1.00 41.43           C
ATOM    684  CG  ARG C  87      -8.995  57.661   3.103  1.00 47.94           C
ATOM    685  CD  ARG C  87      -9.556  57.025   1.858  1.00 52.28           C
ATOM    686  NE  ARG C  87      -9.802  57.968   0.770  1.00 59.65           N
ATOM    687  CZ  ARG C  87     -10.945  58.629   0.592  1.00 56.84           C
ATOM    688  NH1 ARG C  87     -11.947  58.483   1.459  1.00 62.30           N1+
ATOM    689  NH2 ARG C  87     -11.079  59.444  -0.449  1.00 58.47           N
ATOM    690  N   VAL C  88      -5.536  55.384   4.900  1.00 37.13           N
ATOM    691  CA  VAL C  88      -4.184  54.851   5.067  1.00 40.40           C
ATOM    692  C   VAL C  88      -3.218  55.550   4.113  1.00 41.32           C
ATOM    693  O   VAL C  88      -2.142  56.021   4.510  1.00 39.20           O
ATOM    694  CB  VAL C  88      -4.191  53.320   4.863  1.00 38.65           C
ATOM    695  CG1 VAL C  88      -2.774  52.764   4.702  1.00 37.78           C
ATOM    696  CG2 VAL C  88      -4.883  52.634   6.045  1.00 35.60           C
ATOM    697  N   GLU C  89      -3.621  55.684   2.856  1.00 36.74           N
ATOM    698  CA  GLU C  89      -2.794  56.334   1.849  1.00 37.93           C
ATOM    699  C   GLU C  89      -2.629  57.845   2.082  1.00 39.72           C
ATOM    700  O   GLU C  89      -1.953  58.480   1.274  1.00 41.02           O
ATOM    701  CB  GLU C  89      -3.324  56.041   0.434  1.00 30.08           C
ATOM    702  CG  GLU C  89      -4.747  56.489   0.150  1.00 44.00           C
ATOM    703  CD  GLU C  89      -5.802  55.528   0.720  1.00 65.19           C
ATOM    704  OE1 GLU C  89      -7.001  55.726   0.398  1.00 72.89           O
ATOM    705  OE2 GLU C  89      -5.434  54.580   1.479  1.00 57.08           O1-
ATOM    706  N   ASP C  90      -3.261  58.456   3.092  1.00 34.66           N
ATOM    707  CA  ASP C  90      -2.892  59.824   3.461  1.00 35.63           C
ATOM    708  C   ASP C  90      -1.648  59.885   4.344  1.00 36.64           C
```

```
ATOM    709  O   ASP C  90      -1.213  60.994   4.704  1.00 34.03           O
ATOM    710  CB  ASP C  90      -4.032  60.545   4.200  1.00 37.08           C
ATOM    711  CG  ASP C  90      -5.265  60.761   3.338  1.00 41.53           C
ATOM    712  OD1 ASP C  90      -5.126  61.135   2.135  1.00 39.64           O
ATOM    713  OD2 ASP C  90      -6.380  60.541   3.882  1.00 36.67           O1-
ATOM    714  N   THR C  91      -1.085  58.733   4.713  1.00 35.16           N
ATOM    715  CA  THR C  91       0.114  58.684   5.552  1.00 38.29           C
ATOM    716  C   THR C  91       1.260  59.354   4.826  1.00 31.75           C
ATOM    717  O   THR C  91       1.572  58.989   3.690  1.00 36.79           O
ATOM    718  CB  THR C  91       0.484  57.225   5.857  1.00 49.62           C
ATOM    719  OG1 THR C  91      -0.561  56.594   6.611  1.00 40.91           O
ATOM    720  CG2 THR C  91       1.824  57.138   6.602  1.00 35.10           C
ATOM    721  N   ALA C  92       1.876  60.340   5.462  1.00 34.05           N
ATOM    722  CA  ALA C  92       2.886  61.136   4.778  1.00 32.82           C
ATOM    723  C   ALA C  92       3.495  62.111   5.760  1.00 30.84           C
ATOM    724  O   ALA C  92       2.938  62.368   6.827  1.00 30.26           O
ATOM    725  CB  ALA C  92       2.304  61.923   3.596  1.00 36.15           C
ATOM    726  N   VAL C  93       4.648  62.657   5.382  1.00 35.57           N
ATOM    727  CA  VAL C  93       5.111  63.910   5.967  1.00 35.12           C
ATOM    728  C   VAL C  93       4.408  65.064   5.265  1.00 34.14           C
ATOM    729  O   VAL C  93       4.322  65.099   4.032  1.00 35.63           O
ATOM    730  CB  VAL C  93       6.633  64.038   5.857  1.00 34.90           C
ATOM    731  CG1 VAL C  93       7.077  65.442   6.323  1.00 28.59           C
ATOM    732  CG2 VAL C  93       7.297  62.925   6.680  1.00 31.28           C
ATOM    733  N   TYR C  94       3.897  66.006   6.045  1.00 33.45           N
ATOM    734  CA  TYR C  94       3.184  67.159   5.518  1.00 37.19           C
ATOM    735  C   TYR C  94       4.043  68.395   5.707  1.00 36.22           C
ATOM    736  O   TYR C  94       4.511  68.654   6.820  1.00 37.12           O
ATOM    737  CB  TYR C  94       1.826  67.335   6.216  1.00 29.33           C
ATOM    738  CG  TYR C  94       0.818  66.349   5.708  1.00 38.48           C
ATOM    739  CD1 TYR C  94       0.931  64.986   6.003  1.00 33.38           C
ATOM    740  CD2 TYR C  94      -0.223  66.760   4.887  1.00 34.11           C
ATOM    741  CE1 TYR C  94       0.012  64.069   5.508  1.00 35.06           C
ATOM    742  CE2 TYR C  94      -1.143  65.848   4.386  1.00 32.26           C
ATOM    743  CZ  TYR C  94      -1.033  64.510   4.706  1.00 31.31           C
ATOM    744  OH  TYR C  94      -1.955  63.614   4.184  1.00 29.76           O
ATOM    745  N   TYR C  95       4.240  69.154   4.625  1.00 33.06           N
ATOM    746  CA  TYR C  95       4.988  70.408   4.660  1.00 37.25           C
ATOM    747  C   TYR C  95       4.091  71.583   4.292  1.00 38.95           C
ATOM    748  O   TYR C  95       3.283  71.491   3.356  1.00 34.73           O
ATOM    749  CB  TYR C  95       6.160  70.409   3.680  1.00 33.44           C
ATOM    750  CG  TYR C  95       7.187  69.311   3.833  1.00 36.03           C
ATOM    751  CD1 TYR C  95       8.260  69.444   4.718  1.00 30.51           C
ATOM    752  CD2 TYR C  95       7.124  68.165   3.036  1.00 34.65           C
ATOM    753  CE1 TYR C  95       9.231  68.431   4.825  1.00 35.04           C
ATOM    754  CE2 TYR C  95       8.078  67.163   3.132  1.00 35.40           C
ATOM    755  CZ  TYR C  95       9.124  67.295   4.023  1.00 36.07           C
ATOM    756  OH  TYR C  95      10.054  66.281   4.097  1.00 43.55           O
ATOM    757  N   CYS C  96       4.277  72.713   4.969  1.00 32.29           N
ATOM    758  CA  CYS C  96       3.722  73.935   4.419  1.00 35.55           C
ATOM    759  C   CYS C  96       4.819  74.668   3.674  1.00 34.71           C
ATOM    760  O   CYS C  96       6.007  74.463   3.919  1.00 37.92           O
ATOM    761  CB  CYS C  96       3.090  74.846   5.484  1.00 37.18           C
ATOM    762  SG  CYS C  96       4.149  75.311   6.821  1.00 55.09           S
ATOM    763  N   ALA C  97       4.391  75.493   2.720  1.00 37.06           N
ATOM    764  CA  ALA C  97       5.252  76.388   1.965  1.00 33.86           C
ATOM    765  C   ALA C  97       4.453  77.646   1.659  1.00 36.16           C
ATOM    766  O   ALA C  97       3.224  77.620   1.638  1.00 37.96           O
ATOM    767  CB  ALA C  97       5.744  75.736   0.667  1.00 31.03           C
ATOM    768  N   ASN C  98       5.141  78.756   1.411  1.00 36.24           N
ATOM    769  CA  ASN C  98       4.402  79.933   0.984  1.00 36.16           C
ATOM    770  C   ASN C  98       4.643  80.154  -0.505  1.00 33.85           C
ATOM    771  O   ASN C  98       5.379  79.405  -1.150  1.00 34.25           O
ATOM    772  CB  ASN C  98       4.750  81.159   1.836  1.00 33.87           C
ATOM    773  CG  ASN C  98       6.152  81.689   1.602  1.00 36.19           C
ATOM    774  OD1 ASN C  98       6.912  81.172   0.781  1.00 35.81           O
ATOM    775  ND2 ASN C  98       6.490  82.759   2.312  1.00 32.46           N
ATOM    776  N   TRP C  99       4.001  81.179  -1.060  1.00 29.34           N
ATOM    777  CA  TRP C  99       4.253  81.534  -2.451  1.00 32.42           C
ATOM    778  C   TRP C  99       4.141  83.043  -2.609  1.00 34.35           C
ATOM    779  O   TRP C  99       3.294  83.677  -1.978  1.00 36.87           O
```

```
ATOM    780  CB  TRP C  99       3.301  80.808  -3.409  1.00 31.13           C
ATOM    781  CG  TRP C  99       1.832  81.172  -3.311  1.00 38.60           C
ATOM    782  CD1 TRP C  99       0.869  80.545  -2.558  1.00 36.35           C
ATOM    783  CD2 TRP C  99       1.160  82.217  -4.028  1.00 33.13           C
ATOM    784  NE1 TRP C  99      -0.359  81.151  -2.754  1.00 32.28           N
ATOM    785  CE2 TRP C  99      -0.207  82.175  -3.653  1.00 36.97           C
ATOM    786  CE3 TRP C  99       1.580  83.187  -4.949  1.00 33.81           C
ATOM    787  CZ2 TRP C  99      -1.155  83.078  -4.160  1.00 35.91           C
ATOM    788  CZ3 TRP C  99       0.639  84.078  -5.459  1.00 33.25           C
ATOM    789  CH2 TRP C  99      -0.712  84.016  -5.059  1.00 34.18           C
ATOM    790  N   TYR C 100       5.011  83.606  -3.443  1.00 35.97           N
ATOM    791  CA  TYR C 100       5.148  85.048  -3.651  1.00 34.82           C
ATOM    792  C   TYR C 100       4.693  85.512  -5.022  1.00 35.71           C
ATOM    793  O   TYR C 100       4.101  86.591  -5.143  1.00 33.01           O
ATOM    794  CB  TYR C 100       6.615  85.472  -3.493  1.00 28.22           C
ATOM    795  CG  TYR C 100       7.184  85.286  -2.114  1.00 36.73           C
ATOM    796  CD1 TYR C 100       6.415  85.536  -0.971  1.00 34.55           C
ATOM    797  CD2 TYR C 100       8.496  84.852  -1.946  1.00 35.48           C
ATOM    798  CE1 TYR C 100       6.951  85.365   0.299  1.00 36.55           C
ATOM    799  CE2 TYR C 100       9.032  84.666  -0.684  1.00 33.46           C
ATOM    800  CZ  TYR C 100       8.263  84.929   0.430  1.00 36.36           C
ATOM    801  OH  TYR C 100       8.813  84.749   1.674  1.00 36.68           O
ATOM    802  N   TYR C 101       4.990  84.731  -6.059  1.00 32.01           N
ATOM    803  CA  TYR C 101       4.927  85.197  -7.439  1.00 35.14           C
ATOM    804  C   TYR C 101       3.758  84.539  -8.159  1.00 31.46           C
ATOM    805  O   TYR C 101       2.795  85.215  -8.492  1.00 32.52           O
ATOM    806  CB  TYR C 101       6.249  84.921  -8.157  1.00 25.12           C
ATOM    807  CG  TYR C 101       7.430  85.482  -7.409  1.00 31.29           C
ATOM    808  CD1 TYR C 101       7.594  86.850  -7.307  1.00 30.52           C
ATOM    809  CD2 TYR C 101       8.385  84.653  -6.796  1.00 34.01           C
ATOM    810  CE1 TYR C 101       8.646  87.393  -6.644  1.00 31.83           C
ATOM    811  CE2 TYR C 101       9.470  85.205  -6.099  1.00 29.33           C
ATOM    812  CZ  TYR C 101       9.586  86.589  -6.042  1.00 34.04           C
ATOM    813  OH  TYR C 101      10.613  87.238  -5.396  1.00 38.85           O
ATOM    814  N   TYR C 102       3.818  83.241  -8.407  1.00 32.18           N
ATOM    815  CA  TYR C 102       2.692  82.528  -8.984  1.00 26.83           C
ATOM    816  C   TYR C 102       2.185  81.474  -8.000  1.00 34.57           C
ATOM    817  O   TYR C 102       2.959  80.888  -7.237  1.00 30.16           O
ATOM    818  CB  TYR C 102       3.069  81.916 -10.328  1.00 26.41           C
ATOM    819  CG  TYR C 102       4.422  81.207 -10.424  1.00 31.59           C
ATOM    820  CD1 TYR C 102       5.586  81.894 -10.776  1.00 25.87           C
ATOM    821  CD2 TYR C 102       4.510  79.827 -10.218  1.00 34.03           C
ATOM    822  CE1 TYR C 102       6.807  81.225 -10.900  1.00 28.32           C
ATOM    823  CE2 TYR C 102       5.708  79.150 -10.339  1.00 29.44           C
ATOM    824  CZ  TYR C 102       6.856  79.842 -10.677  1.00 37.60           C
ATOM    825  OH  TYR C 102       8.030  79.125 -10.804  1.00 31.27           O
ATOM    826  N   TYR C 103       0.861  81.255  -8.005  1.00 34.62           N
ATOM    827  CA  TYR C 103       0.206  80.545  -6.908  1.00 30.24           C
ATOM    828  C   TYR C 103       0.561  79.069  -6.860  1.00 33.90           C
ATOM    829  O   TYR C 103       0.334  78.431  -5.826  1.00 33.35           O
ATOM    830  CB  TYR C 103      -1.330  80.708  -6.981  1.00 32.59           C
ATOM    831  CG  TYR C 103      -1.968  80.050  -8.196  1.00 30.66           C
ATOM    832  CD1 TYR C 103      -2.097  80.744  -9.398  1.00 32.62           C
ATOM    833  CD2 TYR C 103      -2.439  78.739  -8.145  1.00 31.75           C
ATOM    834  CE1 TYR C 103      -2.677  80.151 -10.526  1.00 34.17           C
ATOM    835  CE2 TYR C 103      -3.030  78.132  -9.277  1.00 35.45           C
ATOM    836  CZ  TYR C 103      -3.140  78.851 -10.460  1.00 38.01           C
ATOM    837  OH  TYR C 103      -3.707  78.286 -11.585  1.00 43.93           O
ATOM    838  N   TYR C 104       1.090  78.503  -7.941  1.00 33.41           N
ATOM    839  CA  TYR C 104       1.431  77.088  -7.959  1.00 31.54           C
ATOM    840  C   TYR C 104       2.921  76.846  -7.775  1.00 35.80           C
ATOM    841  O   TYR C 104       3.383  75.706  -7.933  1.00 34.83           O
ATOM    842  CB  TYR C 104       0.942  76.437  -9.254  1.00 31.39           C
ATOM    843  CG  TYR C 104       1.310  77.192 -10.505  1.00 35.92           C
ATOM    844  CD1 TYR C 104       2.537  76.979 -11.134  1.00 29.90           C
ATOM    845  CD2 TYR C 104       0.431  78.136 -11.058  1.00 37.72           C
ATOM    846  CE1 TYR C 104       2.887  77.682 -12.297  1.00 31.96           C
ATOM    847  CE2 TYR C 104       0.773  78.853 -12.216  1.00 33.33           C
ATOM    848  CZ  TYR C 104       1.997  78.611 -12.832  1.00 37.08           C
ATOM    849  OH  TYR C 104       2.322  79.290 -13.988  1.00 38.85           O
ATOM    850  N   GLY C 105       3.677  77.881  -7.424  1.00 30.57           N
```

```
ATOM    851  CA  GLY C 105       5.069  77.729  -7.046  1.00 31.29           C
ATOM    852  C   GLY C 105       5.189  77.804  -5.536  1.00 35.97           C
ATOM    853  O   GLY C 105       4.381  78.439  -4.880  1.00 39.78           O
ATOM    854  N   MET C 106       6.174  77.104  -4.983  1.00 35.79           N
ATOM    855  CA  MET C 106       6.477  77.149  -3.560  1.00 29.65           C
ATOM    856  C   MET C 106       7.811  77.844  -3.359  1.00 34.76           C
ATOM    857  O   MET C 106       8.814  77.447  -3.964  1.00 40.34           O
ATOM    858  CB  MET C 106       6.531  75.749  -2.967  1.00 33.58           C
ATOM    859  CG  MET C 106       5.200  75.079  -2.997  1.00 40.63           C
ATOM    860  SD  MET C 106       5.175  73.827  -4.259  1.00 38.99           S
ATOM    861  CE  MET C 106       3.449  73.894  -4.753  1.00 39.97           C
ATOM    862  N   ASP C 107       7.833  78.872  -2.510  1.00 32.14           N
ATOM    863  CA  ASP C 107       9.038  79.679  -2.359  1.00 36.28           C
ATOM    864  C   ASP C 107       9.814  79.363  -1.087  1.00 36.05           C
ATOM    865  O   ASP C 107      10.987  79.000  -1.168  1.00 43.22           O
ATOM    866  CB  ASP C 107       8.684  81.166  -2.419  1.00 35.85           C
ATOM    867  CG  ASP C 107       8.243  81.582  -3.791  1.00 36.58           C
ATOM    868  OD1 ASP C 107       9.126  81.733  -4.663  1.00 39.74           O1-
ATOM    869  OD2 ASP C 107       7.024  81.741  -4.005  1.00 38.36           O
ATOM    870  N   VAL C 108       9.185  79.486   0.079  1.00 34.27           N
ATOM    871  CA  VAL C 108       9.795  79.131   1.354  1.00 37.63           C
ATOM    872  C   VAL C 108       9.081  77.906   1.893  1.00 35.71           C
ATOM    873  O   VAL C 108       7.853  77.818   1.820  1.00 36.94           O
ATOM    874  CB  VAL C 108       9.716  80.275   2.375  1.00 39.13           C
ATOM    875  CG1 VAL C 108      10.395  79.854   3.662  1.00 34.94           C
ATOM    876  CG2 VAL C 108      10.334  81.534   1.809  1.00 37.63           C
ATOM    877  N   TRP C 109       9.845  76.969   2.442  1.00 35.86           N
ATOM    878  CA  TRP C 109       9.305  75.713   2.950  1.00 38.43           C
ATOM    879  C   TRP C 109       9.523  75.578   4.452  1.00 36.07           C
ATOM    880  O   TRP C 109      10.470  76.127   5.011  1.00 34.83           O
ATOM    881  CB  TRP C 109       9.935  74.510   2.270  1.00 28.64           C
ATOM    882  CG  TRP C 109       9.627  74.379   0.834  1.00 32.20           C
ATOM    883  CD1 TRP C 109      10.053  75.196  -0.178  1.00 33.19           C
ATOM    884  CD2 TRP C 109       8.857  73.338   0.215  1.00 30.88           C
ATOM    885  NE1 TRP C 109       9.589  74.729  -1.385  1.00 32.70           N
ATOM    886  CE2 TRP C 109       8.853  73.589  -1.171  1.00 32.73           C
ATOM    887  CE3 TRP C 109       8.175  72.219   0.696  1.00 31.39           C
ATOM    888  CZ2 TRP C 109       8.183  72.759  -2.079  1.00 27.14           C
ATOM    889  CZ3 TRP C 109       7.510  71.395  -0.205  1.00 25.68           C
ATOM    890  CH2 TRP C 109       7.532  71.661  -1.575  1.00 25.11           C
ATOM    891  N   GLY C 110       8.611  74.852   5.095  1.00 38.56           N
ATOM    892  CA  GLY C 110       8.732  74.483   6.489  1.00 37.65           C
ATOM    893  C   GLY C 110       9.578  73.243   6.689  1.00 38.90           C
ATOM    894  O   GLY C 110      10.348  72.825   5.821  1.00 44.35           O
ATOM    895  N   GLN C 111       9.417  72.638   7.864  1.00 37.08           N
ATOM    896  CA  GLN C 111      10.257  71.526   8.265  1.00 37.72           C
ATOM    897  C   GLN C 111       9.554  70.171   8.274  1.00 39.10           C
ATOM    898  O   GLN C 111      10.241  69.143   8.268  1.00 46.62           O
ATOM    899  CB  GLN C 111      10.854  71.823   9.646  1.00 41.49           C
ATOM    900  CG  GLN C 111       9.971  71.407  10.795  1.00 57.57           C
ATOM    901  CD  GLN C 111      10.317  72.142  12.083  1.00 71.42           C
ATOM    902  OE1 GLN C 111      11.162  73.046  12.079  1.00 67.32           O
ATOM    903  NE2 GLN C 111       9.662  71.761  13.194  1.00 62.29           N
ATOM    904  N   GLY C 112       8.229  70.137   8.247  1.00 38.85           N
ATOM    905  CA  GLY C 112       7.483  68.892   8.185  1.00 37.13           C
ATOM    906  C   GLY C 112       6.892  68.477   9.528  1.00 40.61           C
ATOM    907  O   GLY C 112       7.389  68.837  10.601  1.00 43.71           O
ATOM    908  N   THR C 113       5.771  67.754   9.462  1.00 38.16           N
ATOM    909  CA  THR C 113       5.125  67.066  10.574  1.00 37.93           C
ATOM    910  C   THR C 113       4.592  65.777   9.967  1.00 40.18           C
ATOM    911  O   THR C 113       4.106  65.791   8.834  1.00 43.97           O
ATOM    912  CB  THR C 113       4.008  67.924  11.231  1.00 40.04           C
ATOM    913  OG1 THR C 113       3.470  67.248  12.370  1.00 48.01           O
ATOM    914  CG2 THR C 113       2.863  68.248  10.265  1.00 39.86           C
ATOM    915  N  ATHR C 114       4.716  64.665  10.689  0.50 39.81           N
ATOM    916  CA ATHR C 114       4.418  63.359  10.110  0.50 39.05           C
ATOM    917  C  ATHR C 114       3.038  62.873  10.545  0.50 39.83           C
ATOM    918  O  ATHR C 114       2.650  63.015  11.709  0.50 39.84           O
ATOM    919  CB ATHR C 114       5.484  62.320  10.487  0.50 39.38           C
ATOM    920  OG1ATHR C 114       5.310  61.937  11.853  0.50 49.44           O
ATOM    921  CG2ATHR C 114       6.901  62.878  10.295  0.50 34.14           C
```

```
ATOM    922  N  BTHR C 114       4.722  64.656  10.669  0.50 39.81           N
ATOM    923  CA BTHR C 114       4.413  63.376  10.040  0.50 39.04           C
ATOM    924  C  BTHR C 114       3.083  62.819  10.539  0.50 39.82           C
ATOM    925  O  BTHR C 114       2.766  62.880  11.731  0.50 39.90           O
ATOM    926  CB BTHR C 114       5.554  62.360  10.232  0.50 39.16           C
ATOM    927  OG1BTHR C 114       5.037  61.021  10.248  0.50 33.47           O
ATOM    928  CG2BTHR C 114       6.343  62.647  11.490  0.50 42.84           C
ATOM    929  N   VAL C 115       2.298  62.308   9.592  1.00 38.42           N
ATOM    930  CA  VAL C 115       0.962  61.778   9.817  1.00 36.25           C
ATOM    931  C   VAL C 115       0.968  60.298   9.446  1.00 37.55           C
ATOM    932  O   VAL C 115       1.310  59.940   8.313  1.00 39.55           O
ATOM    933  CB  VAL C 115      -0.092  62.536   8.991  1.00 37.32           C
ATOM    934  CG1 VAL C 115      -1.443  61.798   9.049  1.00 33.92           C
ATOM    935  CG2 VAL C 115      -0.223  63.961   9.492  1.00 31.70           C
ATOM    936  N   THR C 116       0.580  59.443  10.388  1.00 35.49           N
ATOM    937  CA  THR C 116       0.471  58.014  10.145  1.00 38.36           C
ATOM    938  C   THR C 116      -0.987  57.603  10.309  1.00 43.76           C
ATOM    939  O   THR C 116      -1.596  57.873  11.350  1.00 43.30           O
ATOM    940  CB  THR C 116       1.379  57.223  11.096  1.00 45.91           C
ATOM    941  OG1 THR C 116       2.734  57.660  10.937  1.00 47.40           O
ATOM    942  CG2 THR C 116       1.342  55.751  10.742  1.00 42.59           C
ATOM    943  N   VAL C 117      -1.553  56.977   9.283  1.00 36.12           N
ATOM    944  CA  VAL C 117      -2.926  56.501   9.346  1.00 41.60           C
ATOM    945  C   VAL C 117      -2.891  54.978   9.276  1.00 45.74           C
ATOM    946  O   VAL C 117      -2.634  54.394   8.211  1.00 44.01           O
ATOM    947  CB  VAL C 117      -3.813  57.107   8.244  1.00 42.69           C
ATOM    948  CG1 VAL C 117      -5.257  56.664   8.437  1.00 34.13           C
ATOM    949  CG2 VAL C 117      -3.720  58.666   8.235  1.00 38.65           C
ATOM    950  N   SER C 118      -3.181  54.330  10.407  1.00 42.18           N
ATOM    951  CA  SER C 118      -3.101  52.882  10.500  1.00 45.65           C
ATOM    952  C   SER C 118      -4.244  52.329  11.345  1.00 46.76           C
ATOM    953  O   SER C 118      -4.596  52.891  12.389  1.00 43.45           O
ATOM    954  CB  SER C 118      -1.764  52.442  11.101  1.00 45.42           C
ATOM    955  OG  SER C 118      -1.694  51.028  11.142  1.00 53.46           O
ATOM    956  N   SER C 119      -4.800  51.204  10.901  1.00 39.96           N
ATOM    957  CA  SER C 119      -5.765  50.456  11.697  1.00 55.76           C
ATOM    958  C   SER C 119      -5.145  49.241  12.384  1.00 58.97           C
ATOM    959  O   SER C 119      -5.879  48.417  12.940  1.00 56.42           O
ATOM    960  CB  SER C 119      -6.956  50.024  10.833  1.00 47.59           C
ATOM    961  OG  SER C 119      -6.537  49.473   9.592  1.00 60.90           O
ATOM    962  N   ALA C 120      -3.821  49.092  12.325  1.00 53.37           N
ATOM    963  CA  ALA C 120      -3.157  47.942  12.923  1.00 49.27           C
ATOM    964  C   ALA C 120      -3.115  48.063  14.439  1.00 53.61           C
ATOM    965  O   ALA C 120      -3.088  49.160  15.007  1.00 51.80           O
ATOM    966  CB  ALA C 120      -1.736  47.799  12.376  1.00 54.97           C
ATOM    967  N   SER C 121      -3.101  46.918  15.104  1.00 50.81      GZ00 N
ATOM    968  CA  SER C 121      -2.922  46.921  16.546  1.00 62.62      GZ00 C
ATOM    969  C   SER C 121      -1.817  45.945  16.925  1.00 55.18      GZ00 C
ATOM    970  O   SER C 121      -1.492  45.015  16.175  1.00 50.22      GZ00 O
ATOM    971  CB  SER C 121      -4.226  46.571  17.271  1.00 60.87      GZ00 C
ATOM    972  OG  SER C 121      -4.902  45.539  16.576  1.00 67.02      GZ00 O
ATOM    973  N   THR C 122      -1.276  46.170  18.123  1.00 43.63      GZ00 N
ATOM    974  CA  THR C 122      -0.125  45.444  18.640  1.00 49.19      GZ00 C
ATOM    975  C   THR C 122      -0.197  43.955  18.342  1.00 48.67      GZ00 C
ATOM    976  O   THR C 122      -1.207  43.300  18.591  1.00 54.63      GZ00 O
ATOM    977  CB  THR C 122      -0.014  45.661  20.147  1.00 51.65      GZ00 C
ATOM    978  OG1 THR C 122       0.017  47.074  20.426  1.00 49.30      GZ00 O
ATOM    979  CG2 THR C 122       1.260  44.988  20.690  1.00 49.88      GZ00 C
ATOM    980  N   LYS C 123       0.890  43.430  17.795  1.00 50.80      GZ00 N
ATOM    981  CA  LYS C 123       0.976  42.015  17.485  1.00 49.10      GZ00 C
ATOM    982  C   LYS C 123       2.446  41.622  17.506  1.00 56.41      GZ00 C
ATOM    983  O   LYS C 123       3.290  42.358  16.985  1.00 49.74      GZ00 O
ATOM    984  CB  LYS C 123       0.338  41.693  16.133  1.00 44.99      GZ00 C
ATOM    985  CG  LYS C 123       0.499  40.238  15.807  1.00 44.28      GZ00 C
ATOM    986  CD  LYS C 123      -0.078  39.820  14.484  1.00 49.15      GZ00 C
ATOM    987  CE  LYS C 123       0.361  38.368  14.217  1.00 62.00      GZ00 C
ATOM    988  NZ  LYS C 123      -0.182  37.795  12.951  1.00 72.41      GZ00 N1+
ATOM    989  N   GLY C 124       2.752  40.507  18.178  1.00 53.97      GZ00 N
ATOM    990  CA  GLY C 124       4.094  39.983  18.217  1.00 39.15      GZ00 C
ATOM    991  C   GLY C 124       4.382  39.194  16.962  1.00 43.80      GZ00 C
ATOM    992  O   GLY C 124       3.474  38.686  16.297  1.00 46.60      GZ00 O
```

```
ATOM    993  N   PRO C 125       5.658  39.060  16.625  1.00 47.07      GZ00 N
ATOM    994  CA  PRO C 125       6.043  38.419  15.362  1.00 48.03      GZ00 C
ATOM    995  C   PRO C 125       6.129  36.902  15.443  1.00 43.83      GZ00 C
ATOM    996  O   PRO C 125       6.341  36.326  16.503  1.00 45.86      GZ00 O
ATOM    997  CB  PRO C 125       7.440  38.999  15.095  1.00 45.07      GZ00 C
ATOM    998  CG  PRO C 125       7.989  39.254  16.464  1.00 48.96      GZ00 C
ATOM    999  CD  PRO C 125       6.800  39.689  17.314  1.00 46.04      GZ00 C
ATOM   1000  N   SER C 126       5.963  36.270  14.280  1.00 42.83      GZ00 N
ATOM   1001  CA  SER C 126       6.393  34.900  14.053  1.00 46.91      GZ00 C
ATOM   1002  C   SER C 126       7.817  34.900  13.498  1.00 49.79      GZ00 C
ATOM   1003  O   SER C 126       8.157  35.713  12.635  1.00 45.82      GZ00 O
ATOM   1004  CB  SER C 126       5.461  34.192  13.071  1.00 50.64      GZ00 C
ATOM   1005  OG  SER C 126       4.145  34.158  13.572  1.00 58.04      GZ00 O
ATOM   1006  N   VAL C 127       8.645  33.980  13.986  1.00 49.68      GZ00 N
ATOM   1007  CA  VAL C 127      10.059  33.915  13.624  1.00 45.00      GZ00 C
ATOM   1008  C   VAL C 127      10.335  32.584  12.950  1.00 42.10      GZ00 C
ATOM   1009  O   VAL C 127      10.021  31.528  13.504  1.00 57.42      GZ00 O
ATOM   1010  CB  VAL C 127      10.958  34.110  14.855  1.00 44.31      GZ00 C
ATOM   1011  CG1 VAL C 127      12.431  34.119  14.456  1.00 47.62      GZ00 C
ATOM   1012  CG2 VAL C 127      10.577  35.406  15.554  1.00 41.45      GZ00 C
ATOM   1013  N   PHE C 128      10.912  32.635  11.758  1.00 43.32      GZ00 N
ATOM   1014  CA  PHE C 128      11.244  31.451  10.983  1.00 44.87      GZ00 C
ATOM   1015  C   PHE C 128      12.729  31.447  10.629  1.00 50.79      GZ00 C
ATOM   1016  O   PHE C 128      13.327  32.511  10.435  1.00 47.46      GZ00 O
ATOM   1017  CB  PHE C 128      10.425  31.399   9.694  1.00 48.10      GZ00 C
ATOM   1018  CG  PHE C 128       8.942  31.384   9.922  1.00 58.19      GZ00 C
ATOM   1019  CD1 PHE C 128       8.272  30.200  10.176  1.00 58.46      GZ00 C
ATOM   1020  CD2 PHE C 128       8.220  32.566   9.912  1.00 56.25      GZ00 C
ATOM   1021  CE1 PHE C 128       6.912  30.198  10.387  1.00 58.84      GZ00 C
ATOM   1022  CE2 PHE C 128       6.855  32.568  10.128  1.00 55.91      GZ00 C
ATOM   1023  CZ  PHE C 128       6.205  31.387  10.358  1.00 55.09      GZ00 C
ATOM   1024  N   PRO C 129      13.360  30.275  10.560  1.00 52.29      GZ00 N
ATOM   1025  CA  PRO C 129      14.779  30.230  10.200  1.00 40.71      GZ00 C
ATOM   1026  C   PRO C 129      14.975  30.363   8.705  1.00 44.60      GZ00 C
ATOM   1027  O   PRO C 129      14.205  29.819   7.907  1.00 48.43      GZ00 O
ATOM   1028  CB  PRO C 129      15.218  28.840  10.681  1.00 53.19      GZ00 C
ATOM   1029  CG  PRO C 129      13.998  28.000  10.486  1.00 46.32      GZ00 C
ATOM   1030  CD  PRO C 129      12.829  28.925  10.840  1.00 50.96      GZ00 C
ATOM   1031  N   LEU C 130      16.017  31.101   8.330  1.00 39.68      GZ00 N
ATOM   1032  CA  LEU C 130      16.463  31.190   6.947  1.00 38.79      GZ00 C
ATOM   1033  C   LEU C 130      17.725  30.330   6.838  1.00 45.86      GZ00 C
ATOM   1034  O   LEU C 130      18.834  30.778   7.150  1.00 44.51      GZ00 O
ATOM   1035  CB  LEU C 130      16.699  32.647   6.568  1.00 41.81      GZ00 C
ATOM   1036  CG  LEU C 130      15.436  33.491   6.795  1.00 45.70      GZ00 C
ATOM   1037  CD1 LEU C 130      15.639  34.968   6.444  1.00 40.24      GZ00 C
ATOM   1038  CD2 LEU C 130      14.275  32.910   6.003  1.00 44.72      GZ00 C
ATOM   1039  N   ALA C 131      17.552  29.096   6.402  1.00 46.13      GZ00 N
ATOM   1040  CA  ALA C 131      18.618  28.113   6.528  1.00 43.66      GZ00 C
ATOM   1041  C   ALA C 131      19.672  28.301   5.441  1.00 44.63      GZ00 C
ATOM   1042  O   ALA C 131      19.339  28.524   4.278  1.00 46.42      GZ00 O
ATOM   1043  CB  ALA C 131      18.060  26.703   6.457  1.00 36.60      GZ00 C
ATOM   1044  N   PRO C 132      20.943  28.159   5.792  1.00 50.91      GZ00 N
ATOM   1045  CA  PRO C 132      22.009  28.205   4.784  1.00 52.92      GZ00 C
ATOM   1046  C   PRO C 132      22.027  26.951   3.921  1.00 63.10      GZ00 C
ATOM   1047  O   PRO C 132      21.557  25.876   4.315  1.00 65.83      GZ00 O
ATOM   1048  CB  PRO C 132      23.279  28.301   5.631  1.00 51.34      GZ00 C
ATOM   1049  CG  PRO C 132      22.910  27.548   6.901  1.00 47.48      GZ00 C
ATOM   1050  CD  PRO C 132      21.454  27.876   7.145  1.00 49.36      GZ00 C
ATOM   1051  N   SER C 133      22.606  27.103   2.724  1.00 65.77      GZ00 N
ATOM   1052  CA  SER C 133      22.642  26.041   1.718  1.00 75.34      GZ00 C
ATOM   1053  C   SER C 133      23.713  26.317   0.668  1.00 79.20      GZ00 C
ATOM   1054  O   SER C 133      24.893  26.462   0.990  1.00 81.66      GZ00 O
ATOM   1055  CB  SER C 133      21.272  25.900   1.043  1.00 74.63      GZ00 C
ATOM   1056  OG  SER C 133      20.727  27.170   0.711  1.00 72.62      GZ00 O
ATOM   1057  N   SER C 134      23.317  26.372  -0.599  1.00 91.08      GZ00 N
ATOM   1058  CA  SER C 134      24.136  27.032  -1.612  1.00 84.25      GZ00 C
ATOM   1059  C   SER C 134      23.720  28.503  -1.692  1.00 85.59      GZ00 C
ATOM   1060  O   SER C 134      23.292  29.031  -2.718  1.00 89.34      GZ00 O
ATOM   1061  CB  SER C 134      24.022  26.312  -2.950  1.00 90.76      GZ00 C
ATOM   1062  OG  SER C 134      24.604  25.016  -2.867  1.00 71.01      GZ00 O
ATOM   1063  N   SER C 136      23.766  29.125  -0.514  1.00 87.58      GZ00 N
```

```
ATOM   1064  CA  SER C 136      23.877  30.568  -0.336  1.00 76.32      GZ00 C
ATOM   1065  C   SER C 136      25.274  30.904   0.199  1.00 70.77      GZ00 C
ATOM   1066  O   SER C 136      25.441  31.713   1.121  1.00 56.45      GZ00 O
ATOM   1067  CB  SER C 136      22.777  31.098   0.588  1.00 64.27      GZ00 C
ATOM   1068  OG  SER C 136      22.863  30.567   1.905  1.00 55.15      GZ00 O
ATOM   1069  N   THR C 137      26.294  30.248  -0.363  1.00 68.34      GZ00 N
ATOM   1070  CA  THR C 137      27.686  30.490  -0.008  1.00 69.91      GZ00 C
ATOM   1071  C   THR C 137      28.416  31.190  -1.157  1.00 67.19      GZ00 C
ATOM   1072  O   THR C 137      28.180  30.891  -2.332  1.00 69.81      GZ00 O
ATOM   1073  CB  THR C 137      28.407  29.183   0.387  1.00 64.52      GZ00 C
ATOM   1074  OG1 THR C 137      29.096  28.626  -0.739  1.00 77.04      GZ00 O
ATOM   1075  CG2 THR C 137      27.427  28.167   0.946  1.00 58.14      GZ00 C
ATOM   1076  N   SER C 138      29.289  32.144  -0.810  1.00 68.23      GZ00 N
ATOM   1077  CA  SER C 138      30.030  32.950  -1.784  1.00 66.23      GZ00 C
ATOM   1078  C   SER C 138      31.526  32.891  -1.454  1.00 65.41      GZ00 C
ATOM   1079  O   SER C 138      32.054  33.661  -0.629  1.00 62.93      GZ00 O
ATOM   1080  CB  SER C 138      29.508  34.383  -1.828  1.00 70.26      GZ00 C
ATOM   1081  OG  SER C 138      29.183  34.732  -3.162  1.00 77.29      GZ00 O
ATOM   1082  N   GLY C 139      32.210  31.988  -2.153  1.00 65.74      GZ00 N
ATOM   1083  CA  GLY C 139      33.577  31.673  -1.822  1.00 55.52      GZ00 C
ATOM   1084  C   GLY C 139      33.581  30.952  -0.495  1.00 52.92      GZ00 C
ATOM   1085  O   GLY C 139      32.963  29.889  -0.339  1.00 56.98      GZ00 O
ATOM   1086  N   GLY C 140      34.241  31.550   0.483  1.00 39.11      GZ00 N
ATOM   1087  CA  GLY C 140      34.394  30.917   1.767  1.00 37.84      GZ00 C
ATOM   1088  C   GLY C 140      33.435  31.476   2.782  1.00 35.31      GZ00 C
ATOM   1089  O   GLY C 140      33.686  31.410   3.987  1.00 35.90      GZ00 O
ATOM   1090  N   THR C 141      32.312  31.990   2.314  1.00 30.60      GZ00 N
ATOM   1091  CA  THR C 141      31.371  32.678   3.180  1.00 35.07      GZ00 C
ATOM   1092  C   THR C 141      29.975  32.121   2.959  1.00 45.03      GZ00 C
ATOM   1093  O   THR C 141      29.638  31.698   1.858  1.00 45.95      GZ00 O
ATOM   1094  CB  THR C 141      31.469  34.196   2.898  1.00 34.50      GZ00 C
ATOM   1095  OG1 THR C 141      31.995  34.851   4.055  1.00 45.09      GZ00 O
ATOM   1096  CG2 THR C 141      30.182  34.807   2.446  1.00 40.84      GZ00 C
ATOM   1097  N   ALA C 142      29.186  32.058   4.026  1.00 40.91      GZ00 N
ATOM   1098  CA  ALA C 142      27.833  31.528   3.943  1.00 37.80      GZ00 C
ATOM   1099  C   ALA C 142      26.893  32.457   4.683  1.00 34.33      GZ00 C
ATOM   1100  O   ALA C 142      27.251  33.006   5.730  1.00 37.65      GZ00 O
ATOM   1101  CB  ALA C 142      27.729  30.125   4.539  1.00 37.82      GZ00 C
ATOM   1102  N   ALA C 143      25.685  32.608   4.148  1.00 31.94      GZ00 N
ATOM   1103  CA  ALA C 143      24.649  33.451   4.731  1.00 31.30      GZ00 C
ATOM   1104  C   ALA C 143      23.527  32.602   5.324  1.00 38.60      GZ00 C
ATOM   1105  O   ALA C 143      23.079  31.624   4.715  1.00 36.49      GZ00 O
ATOM   1106  CB  ALA C 143      24.062  34.401   3.689  1.00 33.71      GZ00 C
ATOM   1107  N   LEU C 144      23.099  32.976   6.529  1.00 37.05      GZ00 N
ATOM   1108  CA  LEU C 144      21.975  32.361   7.208  1.00 40.29      GZ00 C
ATOM   1109  C   LEU C 144      21.227  33.458   7.957  1.00 40.87      GZ00 C
ATOM   1110  O   LEU C 144      21.800  34.504   8.281  1.00 41.49      GZ00 O
ATOM   1111  CB  LEU C 144      22.463  31.247   8.144  1.00 42.35      GZ00 C
ATOM   1112  CG  LEU C 144      23.403  31.747   9.239  1.00 47.05      GZ00 C
ATOM   1113  CD1 LEU C 144      22.647  31.926  10.545  1.00 49.65      GZ00 C
ATOM   1114  CD2 LEU C 144      24.583  30.834   9.410  1.00 40.72      GZ00 C
ATOM   1115  N   GLY C 145      19.949  33.219   8.252  1.00 37.19      GZ00 N
ATOM   1116  CA  GLY C 145      19.181  34.289   8.851  1.00 39.70      GZ00 C
ATOM   1117  C   GLY C 145      17.884  33.886   9.522  1.00 40.16      GZ00 C
ATOM   1118  O   GLY C 145      17.574  32.702   9.685  1.00 44.79      GZ00 O
ATOM   1119  N   CYS C 146      17.133  34.916   9.910  1.00 38.48      GZ00 N
ATOM   1120  CA  CYS C 146      15.879  34.810  10.641  1.00 40.61      GZ00 C
ATOM   1121  C   CYS C 146      14.846  35.719   9.998  1.00 48.21      GZ00 C
ATOM   1122  O   CYS C 146      15.099  36.916   9.820  1.00 41.15      GZ00 O
ATOM   1123  CB  CYS C 146      16.058  35.212  12.114  1.00 36.30      GZ00 C
ATOM   1124  SG  CYS C 146      16.447  33.783  13.156  1.00 70.07      GZ00 S
ATOM   1125  N   LEU C 147      13.679  35.163   9.688  1.00 47.77      GZ00 N
ATOM   1126  CA  LEU C 147      12.549  35.928   9.168  1.00 37.79      GZ00 C
ATOM   1127  C   LEU C 147      11.641  36.320  10.333  1.00 45.95      GZ00 C
ATOM   1128  O   LEU C 147      11.217  35.458  11.112  1.00 45.78      GZ00 O
ATOM   1129  CB  LEU C 147      11.786  35.101   8.140  1.00 39.44      GZ00 C
ATOM   1130  CG  LEU C 147      10.457  35.637   7.600  1.00 42.29      GZ00 C
ATOM   1131  CD1 LEU C 147      10.605  37.010   6.924  1.00 35.22      GZ00 C
ATOM   1132  CD2 LEU C 147       9.902  34.623   6.626  1.00 41.37      GZ00 C
ATOM   1133  N   VAL C 148      11.392  37.614  10.493  1.00 36.60      GZ00 N
ATOM   1134  CA  VAL C 148      10.604  38.136  11.607  1.00 39.69      GZ00 C
```

```
ATOM   1135  C   VAL C 148       9.309  38.707  11.027  1.00 47.33      GZ00 C
ATOM   1136  O   VAL C 148       9.266  39.872  10.617  1.00 45.03      GZ00 O
ATOM   1137  CB  VAL C 148      11.375  39.192  12.409  1.00 42.14      GZ00 C
ATOM   1138  CG1 VAL C 148      10.549  39.661  13.557  1.00 34.51      GZ00 C
ATOM   1139  CG2 VAL C 148      12.701  38.631  12.933  1.00 38.14      GZ00 C
ATOM   1140  N   LYS C 149       8.226  37.923  11.045  1.00 47.26      GZ00 N
ATOM   1141  CA  LYS C 149       7.039  38.205  10.244  1.00 49.61      GZ00 C
ATOM   1142  C   LYS C 149       5.887  38.797  11.059  1.00 48.25      GZ00 C
ATOM   1143  O   LYS C 149       5.698  38.455  12.228  1.00 50.60      GZ00 O
ATOM   1144  CB  LYS C 149       6.563  36.933   9.547  1.00 49.65      GZ00 C
ATOM   1145  CG  LYS C 149       6.317  37.131   8.074  1.00 60.63      GZ00 C
ATOM   1146  CD  LYS C 149       5.120  36.330   7.579  1.00 59.80      GZ00 C
ATOM   1147  CE  LYS C 149       5.405  34.849   7.597  1.00 63.78      GZ00 C
ATOM   1148  NZ  LYS C 149       4.321  34.077   6.887  1.00 62.06      GZ00 N1+
ATOM   1149  N   ASP C 150       5.154  39.729  10.430  1.00 52.54      GZ00 N
ATOM   1150  CA  ASP C 150       3.795  40.160  10.809  1.00 43.96      GZ00 C
ATOM   1151  C   ASP C 150       3.707  40.710  12.236  1.00 45.35      GZ00 C
ATOM   1152  O   ASP C 150       2.955  40.200  13.068  1.00 47.95      GZ00 O
ATOM   1153  CB  ASP C 150       2.782  39.021  10.633  1.00 43.67      GZ00 C
ATOM   1154  CG  ASP C 150       2.587  38.624   9.190  1.00 49.50      GZ00 C
ATOM   1155  OD1 ASP C 150       2.874  39.436   8.284  1.00 47.60      GZ00 O
ATOM   1156  OD2 ASP C 150       2.133  37.486   8.957  1.00 63.54      GZ00 O1-
ATOM   1157  N   TYR C 151       4.437  41.792  12.498  1.00 38.78      GZ00 N
ATOM   1158  CA  TYR C 151       4.395  42.435  13.802  1.00 42.10      GZ00 C
ATOM   1159  C   TYR C 151       4.012  43.911  13.689  1.00 41.99      GZ00 C
ATOM   1160  O   TYR C 151       4.115  44.534  12.628  1.00 46.82      GZ00 O
ATOM   1161  CB  TYR C 151       5.751  42.308  14.529  1.00 46.66      GZ00 C
ATOM   1162  CG  TYR C 151       6.892  43.080  13.890  1.00 45.23      GZ00 C
ATOM   1163  CD1 TYR C 151       7.665  42.517  12.871  1.00 43.89      GZ00 C
ATOM   1164  CD2 TYR C 151       7.206  44.366  14.317  1.00 45.36      GZ00 C
ATOM   1165  CE1 TYR C 151       8.726  43.223  12.280  1.00 43.44      GZ00 C
ATOM   1166  CE2 TYR C 151       8.259  45.082  13.739  1.00 52.49      GZ00 C
ATOM   1167  CZ  TYR C 151       9.018  44.504  12.721  1.00 50.42      GZ00 C
ATOM   1168  OH  TYR C 151      10.045  45.224  12.149  1.00 41.96      GZ00 O
ATOM   1169  N   PHE C 152       3.617  44.474  14.824  1.00 40.95      GZ00 N
ATOM   1170  CA  PHE C 152       3.224  45.868  14.926  1.00 45.04      GZ00 C
ATOM   1171  C   PHE C 152       3.209  46.273  16.388  1.00 42.56      GZ00 C
ATOM   1172  O   PHE C 152       2.802  45.496  17.235  1.00 45.01      GZ00 O
ATOM   1173  CB  PHE C 152       1.847  46.113  14.294  1.00 47.75      GZ00 C
ATOM   1174  CG  PHE C 152       1.465  47.558  14.260  1.00 48.38      GZ00 C
ATOM   1175  CD1 PHE C 152       0.824  48.148  15.339  1.00 48.32      GZ00 C
ATOM   1176  CD2 PHE C 152       1.783  48.342  13.167  1.00 51.92      GZ00 C
ATOM   1177  CE1 PHE C 152       0.510  49.493  15.322  1.00 46.78      GZ00 C
ATOM   1178  CE2 PHE C 152       1.451  49.693  13.144  1.00 49.11      GZ00 C
ATOM   1179  CZ  PHE C 152       0.824  50.262  14.228  1.00 41.05      GZ00 C
ATOM   1180  N   PRO C 153       3.698  47.479  16.702  1.00 42.68      GZ00 N
ATOM   1181  CA  PRO C 153       4.419  48.428  15.848  1.00 52.96      GZ00 C
ATOM   1182  C   PRO C 153       5.930  48.163  15.829  1.00 52.60      GZ00 C
ATOM   1183  O   PRO C 153       6.398  47.155  16.353  1.00 54.71      GZ00 O
ATOM   1184  CB  PRO C 153       4.152  49.766  16.532  1.00 43.17      GZ00 C
ATOM   1185  CG  PRO C 153       4.224  49.393  17.978  1.00 39.59      GZ00 C
ATOM   1186  CD  PRO C 153       3.545  48.016  18.065  1.00 40.76      GZ00 C
ATOM   1187  N   GLU C 154       6.682  49.068  15.220  1.00 50.80      GZ00 N
ATOM   1188  CA  GLU C 154       8.130  49.012  15.287  1.00 47.84      GZ00 C
ATOM   1189  C   GLU C 154       8.530  49.382  16.706  1.00 45.65      GZ00 C
ATOM   1190  O   GLU C 154       7.755  49.990  17.417  1.00 48.79      GZ00 O
ATOM   1191  CB  GLU C 154       8.749  49.958  14.264  1.00 45.04      GZ00 C
ATOM   1192  CG  GLU C 154       8.425  49.586  12.831  1.00 49.34      GZ00 C
ATOM   1193  CD  GLU C 154       9.635  49.012  12.119  1.00 59.99      GZ00 C
ATOM   1194  OE1 GLU C 154      10.114  49.663  11.168  1.00 58.68      GZ00 O
ATOM   1195  OE2 GLU C 154      10.120  47.929  12.535  1.00 57.95      GZ00 O1-
ATOM   1196  N   PRO C 155       9.737  49.006  17.137  1.00 50.54      GZ00 N
ATOM   1197  CA  PRO C 155      10.755  48.195  16.472  1.00 44.50      GZ00 C
ATOM   1198  C   PRO C 155      10.803  46.753  16.983  1.00 53.89      GZ00 C
ATOM   1199  O   PRO C 155      10.174  46.436  17.999  1.00 55.35      GZ00 O
ATOM   1200  CB  PRO C 155      12.031  48.921  16.845  1.00 44.74      GZ00 C
ATOM   1201  CG  PRO C 155      11.773  49.333  18.257  1.00 44.99      GZ00 C
ATOM   1202  CD  PRO C 155      10.279  49.641  18.350  1.00 39.64      GZ00 C
ATOM   1203  N   VAL C 156      11.530  45.887  16.278  1.00 45.82      GZ00 N
ATOM   1204  CA  VAL C 156      12.054  44.666  16.870  1.00 55.31      GZ00 C
ATOM   1205  C   VAL C 156      13.562  44.814  16.945  1.00 52.03      GZ00 C
```

```
ATOM   1206  O   VAL C 156      14.183  45.530  16.153  1.00 55.45      GZ00 O
ATOM   1207  CB  VAL C 156      11.698  43.375  16.105  1.00 52.00      GZ00 C
ATOM   1208  CG1 VAL C 156      10.204  43.139  16.092  1.00 51.44      GZ00 C
ATOM   1209  CG2 VAL C 156      12.231  43.446  14.719  1.00 48.82      GZ00 C
ATOM   1210  N   THR C 157      14.153  44.146  17.919  1.00 53.96      GZ00 N
ATOM   1211  CA  THR C 157      15.596  44.007  17.989  1.00 54.98      GZ00 C
ATOM   1212  C   THR C 157      15.949  42.554  17.732  1.00 54.62      GZ00 C
ATOM   1213  O   THR C 157      15.221  41.644  18.142  1.00 54.87      GZ00 O
ATOM   1214  CB  THR C 157      16.140  44.458  19.341  1.00 45.77      GZ00 C
ATOM   1215  OG1 THR C 157      15.663  43.570  20.361  1.00 57.07      GZ00 O
ATOM   1216  CG2 THR C 157      15.691  45.877  19.627  1.00 51.52      GZ00 C
ATOM   1217  N   VAL C 158      17.042  42.345  17.015  1.00 51.30      GZ00 N
ATOM   1218  CA  VAL C 158      17.521  41.010  16.706  1.00 47.26      GZ00 C
ATOM   1219  C   VAL C 158      18.988  40.957  17.085  1.00 50.93      GZ00 C
ATOM   1220  O   VAL C 158      19.767  41.833  16.692  1.00 49.49      GZ00 O
ATOM   1221  CB  VAL C 158      17.343  40.660  15.219  1.00 46.28      GZ00 C
ATOM   1222  CG1 VAL C 158      17.733  39.213  14.986  1.00 46.68      GZ00 C
ATOM   1223  CG2 VAL C 158      15.911  40.951  14.752  1.00 43.16      GZ00 C
ATOM   1224  N   SER C 159      19.361  39.943  17.850  1.00 51.31      GZ00 N
ATOM   1225  CA  SER C 159      20.756  39.667  18.134  1.00 44.21      GZ00 C
ATOM   1226  C   SER C 159      21.001  38.215  17.769  1.00 45.69      GZ00 C
ATOM   1227  O   SER C 159      20.063  37.437  17.578  1.00 44.40      GZ00 O
ATOM   1228  CB  SER C 159      21.126  39.946  19.605  1.00 39.33      GZ00 C
ATOM   1229  OG  SER C 159      20.384  39.132  20.511  1.00 48.22      GZ00 O
ATOM   1230  N   TRP C 160      22.270  37.863  17.648  1.00 44.65      GZ00 N
ATOM   1231  CA  TRP C 160      22.671  36.505  17.332  1.00 38.87      GZ00 C
ATOM   1232  C   TRP C 160      23.533  35.984  18.468  1.00 43.64      GZ00 C
ATOM   1233  O   TRP C 160      24.351  36.729  19.025  1.00 42.33      GZ00 O
ATOM   1234  CB  TRP C 160      23.420  36.436  15.998  1.00 36.78      GZ00 C
ATOM   1235  CG  TRP C 160      22.520  36.662  14.845  1.00 41.44      GZ00 C
ATOM   1236  CD1 TRP C 160      22.178  37.861  14.294  1.00 39.79      GZ00 C
ATOM   1237  CD2 TRP C 160      21.786  35.664  14.123  1.00 40.51      GZ00 C
ATOM   1238  NE1 TRP C 160      21.304  37.671  13.245  1.00 37.10      GZ00 N
ATOM   1239  CE2 TRP C 160      21.038  36.335  13.125  1.00 36.83      GZ00 C
ATOM   1240  CE3 TRP C 160      21.695  34.270  14.216  1.00 38.13      GZ00 C
ATOM   1241  CZ2 TRP C 160      20.209  35.662  12.228  1.00 37.10      GZ00 C
ATOM   1242  CZ3 TRP C 160      20.878  33.596  13.314  1.00 42.58      GZ00 C
ATOM   1243  CH2 TRP C 160      20.142  34.294  12.336  1.00 43.28      GZ00 C
ATOM   1244  N   ASN C 161      23.291  34.718  18.825  1.00 41.18      GZ00 N
ATOM   1245  CA  ASN C 161      23.956  34.018  19.929  1.00 45.75      GZ00 C
ATOM   1246  C   ASN C 161      24.057  34.898  21.169  1.00 45.89      GZ00 C
ATOM   1247  O   ASN C 161      25.123  35.079  21.763  1.00 49.59      GZ00 O
ATOM   1248  CB  ASN C 161      25.315  33.479  19.496  1.00 36.85      GZ00 C
ATOM   1249  CG  ASN C 161      25.181  32.440  18.399  1.00 44.50      GZ00 C
ATOM   1250  OD1 ASN C 161      24.067  32.010  18.062  1.00 46.14      GZ00 O
ATOM   1251  ND2 ASN C 161      26.306  31.997  17.865  1.00 43.54      GZ00 N
ATOM   1252  N   SER C 162      22.918  35.503  21.508  1.00 46.88      GZ00 N
ATOM   1253  CA  SER C 162      22.740  36.290  22.727  1.00 43.45      GZ00 C
ATOM   1254  C   SER C 162      23.687  37.476  22.784  1.00 47.59      GZ00 C
ATOM   1255  O   SER C 162      24.110  37.883  23.866  1.00 49.00      GZ00 O
ATOM   1256  CB  SER C 162      22.879  35.412  23.972  1.00 38.83      GZ00 C
ATOM   1257  OG  SER C 162      22.029  34.280  23.821  1.00 48.75      GZ00 O
ATOM   1258  N   GLY C 163      24.028  38.040  21.622  1.00 48.38      GZ00 N
ATOM   1259  CA  GLY C 163      24.887  39.205  21.551  1.00 40.94      GZ00 C
ATOM   1260  C   GLY C 163      26.359  38.927  21.292  1.00 53.03      GZ00 C
ATOM   1261  O   GLY C 163      27.105  39.878  20.999  1.00 49.49      GZ00 O
ATOM   1262  N   ALA C 164      26.804  37.665  21.374  1.00 39.35      GZ00 N
ATOM   1263  CA  ALA C 164      28.227  37.381  21.179  1.00 50.46      GZ00 C
ATOM   1264  C   ALA C 164      28.658  37.609  19.732  1.00 52.21      GZ00 C
ATOM   1265  O   ALA C 164      29.776  38.077  19.475  1.00 52.82      GZ00 O
ATOM   1266  CB  ALA C 164      28.544  35.947  21.599  1.00 41.14      GZ00 C
ATOM   1267  N   LEU C 165      27.793  37.267  18.780  1.00 42.69      GZ00 N
ATOM   1268  CA  LEU C 165      28.085  37.349  17.355  1.00 43.42      GZ00 C
ATOM   1269  C   LEU C 165      27.513  38.653  16.821  1.00 44.45      GZ00 C
ATOM   1270  O   LEU C 165      26.292  38.824  16.778  1.00 55.89      GZ00 O
ATOM   1271  CB  LEU C 165      27.476  36.152  16.631  1.00 43.81      GZ00 C
ATOM   1272  CG  LEU C 165      27.622  36.030  15.125  1.00 44.99      GZ00 C
ATOM   1273  CD1 LEU C 165      29.090  36.095  14.649  1.00 39.41      GZ00 C
ATOM   1274  CD2 LEU C 165      26.958  34.734  14.708  1.00 42.07      GZ00 C
ATOM   1275  N   THR C 166      28.389  39.563  16.411  1.00 43.67      GZ00 N
ATOM   1276  CA  THR C 166      28.013  40.872  15.890  1.00 50.96      GZ00 C
```

```
ATOM   1277  C   THR C 166      28.621  41.169  14.521  1.00 48.02      GZ00 C
ATOM   1278  O   THR C 166      27.950  41.770  13.676  1.00 46.23      GZ00 O
ATOM   1279  CB  THR C 166      28.415  41.954  16.912  1.00 52.37      GZ00 C
ATOM   1280  OG1 THR C 166      29.835  41.950  17.073  1.00 48.81      GZ00 O
ATOM   1281  CG2 THR C 166      27.770  41.663  18.271  1.00 45.85      GZ00 C
ATOM   1282  N   SER C 167      29.856  40.736  14.268  1.00 44.72      GZ00 N
ATOM   1283  CA  SER C 167      30.445  40.880  12.941  1.00 46.25      GZ00 C
ATOM   1284  C   SER C 167      29.673  40.045  11.937  1.00 42.05      GZ00 C
ATOM   1285  O   SER C 167      29.319  38.894  12.201  1.00 43.05      GZ00 O
ATOM   1286  CB  SER C 167      31.909  40.437  12.933  1.00 39.29      GZ00 C
ATOM   1287  OG  SER C 167      32.675  41.320  13.706  1.00 49.43      GZ00 O
ATOM   1288  N   GLY C 168      29.424  40.629  10.779  1.00 39.63      GZ00 N
ATOM   1289  CA  GLY C 168      28.689  39.955   9.740  1.00 37.44      GZ00 C
ATOM   1290  C   GLY C 168      27.189  39.958   9.919  1.00 39.53      GZ00 C
ATOM   1291  O   GLY C 168      26.500  39.304   9.131  1.00 41.74      GZ00 O
ATOM   1292  N   VAL C 169      26.653  40.702  10.893  1.00 37.21      GZ00 N
ATOM   1293  CA  VAL C 169      25.219  40.711  11.158  1.00 39.62      GZ00 C
ATOM   1294  C   VAL C 169      24.583  41.858  10.391  1.00 34.91      GZ00 C
ATOM   1295  O   VAL C 169      24.991  43.010  10.529  1.00 35.65      GZ00 O
ATOM   1296  CB  VAL C 169      24.921  40.858  12.660  1.00 42.01      GZ00 C
ATOM   1297  CG1 VAL C 169      23.404  41.063  12.867  1.00 36.86      GZ00 C
ATOM   1298  CG2 VAL C 169      25.410  39.673  13.434  1.00 42.36      GZ00 C
ATOM   1299  N   HIS C 170      23.545  41.564   9.630  1.00 37.60      GZ00 N
ATOM   1300  CA  HIS C 170      22.842  42.603   8.889  1.00 37.31      GZ00 C
ATOM   1301  C   HIS C 170      21.345  42.438   9.134  1.00 37.74      GZ00 C
ATOM   1302  O   HIS C 170      20.704  41.559   8.554  1.00 38.41      GZ00 O
ATOM   1303  CB  HIS C 170      23.180  42.538   7.406  1.00 34.76      GZ00 C
ATOM   1304  CG  HIS C 170      22.719  43.735   6.634  1.00 43.07      GZ00 C
ATOM   1305  ND1 HIS C 170      22.966  43.897   5.287  1.00 43.71      GZ00 N
ATOM   1306  CD2 HIS C 170      22.022  44.830   7.023  1.00 40.56      GZ00 C
ATOM   1307  CE1 HIS C 170      22.453  45.045   4.883  1.00 45.93      GZ00 C
ATOM   1308  NE2 HIS C 170      21.866  45.626   5.915  1.00 45.52      GZ00 N
ATOM   1309  N   THR C 171      20.787  43.270  10.006  1.00 40.13      GZ00 N
ATOM   1310  CA  THR C 171      19.342  43.337  10.182  1.00 39.22      GZ00 C
ATOM   1311  C   THR C 171      18.800  44.400   9.230  1.00 39.29      GZ00 C
ATOM   1312  O   THR C 171      19.079  45.581   9.404  1.00 36.69      GZ00 O
ATOM   1313  CB  THR C 171      18.984  43.680  11.629  1.00 39.31      GZ00 C
ATOM   1314  OG1 THR C 171      19.473  42.647  12.494  1.00 41.01      GZ00 O
ATOM   1315  CG2 THR C 171      17.445  43.812  11.801  1.00 33.43      GZ00 C
ATOM   1316  N   PHE C 172      17.989  43.982   8.262  1.00 38.72      GZ00 N
ATOM   1317  CA  PHE C 172      17.457  44.839   7.215  1.00 38.37      GZ00 C
ATOM   1318  C   PHE C 172      16.263  45.638   7.728  1.00 39.77      GZ00 C
ATOM   1319  O   PHE C 172      15.478  45.140   8.537  1.00 41.83      GZ00 O
ATOM   1320  CB  PHE C 172      16.990  44.017   6.013  1.00 35.77      GZ00 C
ATOM   1321  CG  PHE C 172      18.092  43.449   5.195  1.00 34.43      GZ00 C
ATOM   1322  CD1 PHE C 172      18.884  42.416   5.679  1.00 40.25      GZ00 C
ATOM   1323  CD2 PHE C 172      18.354  43.957   3.936  1.00 40.94      GZ00 C
ATOM   1324  CE1 PHE C 172      19.914  41.886   4.906  1.00 37.45      GZ00 C
ATOM   1325  CE2 PHE C 172      19.389  43.434   3.162  1.00 43.89      GZ00 C
ATOM   1326  CZ  PHE C 172      20.164  42.395   3.650  1.00 36.64      GZ00 C
ATOM   1327  N   PRO C 173      16.092  46.871   7.252  1.00 37.95      GZ00 N
ATOM   1328  CA  PRO C 173      14.883  47.639   7.596  1.00 33.97      GZ00 C
ATOM   1329  C   PRO C 173      13.616  46.905   7.173  1.00 35.10      GZ00 C
ATOM   1330  O   PRO C 173      13.585  46.195   6.163  1.00 33.25      GZ00 O
ATOM   1331  CB  PRO C 173      15.064  48.945   6.817  1.00 35.19      GZ00 C
ATOM   1332  CG  PRO C 173      16.573  49.046   6.616  1.00 34.04      GZ00 C
ATOM   1333  CD  PRO C 173      17.049  47.638   6.441  1.00 32.78      GZ00 C
ATOM   1334  N   ALA C 174      12.550  47.109   7.945  1.00 39.15      GZ00 N
ATOM   1335  CA  ALA C 174      11.316  46.339   7.783  1.00 39.81      GZ00 C
ATOM   1336  C   ALA C 174      10.533  46.750   6.532  1.00 35.98      GZ00 C
ATOM   1337  O   ALA C 174      10.677  47.856   6.028  1.00 39.58      GZ00 O
ATOM   1338  CB  ALA C 174      10.432  46.527   9.013  1.00 43.39      GZ00 C
ATOM   1339  N   VAL C 175       9.686  45.824   6.013  1.00 38.79      GZ00 N
ATOM   1340  CA  VAL C 175       8.639  46.209   5.066  1.00 39.33      GZ00 C
ATOM   1341  C   VAL C 175       7.400  46.592   5.844  1.00 44.21      GZ00 C
ATOM   1342  O   VAL C 175       7.056  45.957   6.847  1.00 43.28      GZ00 O
ATOM   1343  CB  VAL C 175       8.256  45.087   4.084  1.00 50.56      GZ00 C
ATOM   1344  CG1 VAL C 175       8.851  45.303   2.713  1.00 51.62      GZ00 C
ATOM   1345  CG2 VAL C 175       8.510  43.718   4.667  1.00 44.82      GZ00 C
ATOM   1346  N   LEU C 176       6.686  47.587   5.342  1.00 46.20      GZ00 N
ATOM   1347  CA  LEU C 176       5.329  47.863   5.785  1.00 41.81      GZ00 C
```

```
ATOM   1348  C   LEU C 176       4.400  47.199   4.775  1.00 42.53      GZ00 C
ATOM   1349  O   LEU C 176       4.405  47.554   3.595  1.00 55.35      GZ00 O
ATOM   1350  CB  LEU C 176       5.082  49.361   5.889  1.00 43.16      GZ00 C
ATOM   1351  CG  LEU C 176       3.653  49.738   6.270  1.00 46.81      GZ00 C
ATOM   1352  CD1 LEU C 176       3.258  48.982   7.523  1.00 39.25      GZ00 C
ATOM   1353  CD2 LEU C 176       3.565  51.241   6.509  1.00 41.80      GZ00 C
ATOM   1354  N   GLN C 177       3.666  46.189   5.219  1.00 44.53      GZ00 N
ATOM   1355  CA  GLN C 177       2.809  45.403   4.345  1.00 50.59      GZ00 C
ATOM   1356  C   GLN C 177       1.442  46.069   4.173  1.00 49.14      GZ00 C
ATOM   1357  O   GLN C 177       0.999  46.856   5.018  1.00 43.05      GZ00 O
ATOM   1358  CB  GLN C 177       2.634  43.990   4.909  1.00 46.96      GZ00 C
ATOM   1359  CG  GLN C 177       3.923  43.188   5.105  1.00 49.24      GZ00 C
ATOM   1360  CD  GLN C 177       3.666  41.894   5.863  1.00 56.86      GZ00 C
ATOM   1361  OE1 GLN C 177       3.214  40.898   5.285  1.00 62.22      GZ00 O
ATOM   1362  NE2 GLN C 177       3.939  41.905   7.170  1.00 48.26      GZ00 N
ATOM   1363  N   SER C 178       0.751  45.698   3.084  1.00 45.38      GZ00 N
ATOM   1364  CA  SER C 178      -0.624  46.166   2.867  1.00 48.86      GZ00 C
ATOM   1365  C   SER C 178      -1.544  45.854   4.039  1.00 46.49      GZ00 C
ATOM   1366  O   SER C 178      -2.528  46.562   4.260  1.00 57.16      GZ00 O
ATOM   1367  CB  SER C 178      -1.216  45.531   1.617  1.00 50.40      GZ00 C
ATOM   1368  OG  SER C 178      -0.204  45.003   0.795  1.00 71.70      GZ00 O
ATOM   1369  N   SER C 179      -1.258  44.793   4.786  1.00 50.74      GZ00 N
ATOM   1370  CA  SER C 179      -1.988  44.477   6.007  1.00 43.18      GZ00 C
ATOM   1371  C   SER C 179      -1.776  45.503   7.110  1.00 49.34      GZ00 C
ATOM   1372  O   SER C 179      -2.482  45.454   8.121  1.00 48.58      GZ00 O
ATOM   1373  CB  SER C 179      -1.546  43.111   6.513  1.00 44.27      GZ00 C
ATOM   1374  OG  SER C 179      -0.258  43.204   7.095  1.00 48.97      GZ00 O
ATOM   1375  N   GLY C 180      -0.798  46.398   6.970  1.00 46.74      GZ00 N
ATOM   1376  CA  GLY C 180      -0.440  47.281   8.059  1.00 45.92      GZ00 C
ATOM   1377  C   GLY C 180       0.566  46.707   9.037  1.00 50.25      GZ00 C
ATOM   1378  O   GLY C 180       0.916  47.389  10.012  1.00 43.25      GZ00 O
ATOM   1379  N   LEU C 181       1.039  45.481   8.813  1.00 44.89      GZ00 N
ATOM   1380  CA  LEU C 181       2.003  44.836   9.695  1.00 49.99      GZ00 C
ATOM   1381  C   LEU C 181       3.408  44.908   9.101  1.00 47.59      GZ00 C
ATOM   1382  O   LEU C 181       3.594  45.023   7.887  1.00 47.03      GZ00 O
ATOM   1383  CB  LEU C 181       1.621  43.373   9.938  1.00 43.97      GZ00 C
ATOM   1384  CG  LEU C 181       0.269  43.159  10.616  1.00 50.80      GZ00 C
ATOM   1385  CD1 LEU C 181      -0.047  41.676  10.719  1.00 43.98      GZ00 C
ATOM   1386  CD2 LEU C 181       0.246  43.830  11.981  1.00 46.56      GZ00 C
ATOM   1387  N   TYR C 182       4.404  44.833   9.973  1.00 45.32      GZ00 N
ATOM   1388  CA  TYR C 182       5.793  44.866   9.536  1.00 45.62      GZ00 C
ATOM   1389  C   TYR C 182       6.381  43.465   9.437  1.00 44.85      GZ00 C
ATOM   1390  O   TYR C 182       5.955  42.536  10.124  1.00 51.18      GZ00 O
ATOM   1391  CB  TYR C 182       6.645  45.701  10.484  1.00 44.25      GZ00 C
ATOM   1392  CG  TYR C 182       6.265  47.162  10.529  1.00 49.19      GZ00 C
ATOM   1393  CD1 TYR C 182       6.805  48.072   9.628  1.00 49.61      GZ00 C
ATOM   1394  CD2 TYR C 182       5.368  47.633  11.474  1.00 51.64      GZ00 C
ATOM   1395  CE1 TYR C 182       6.474  49.408   9.678  1.00 43.85      GZ00 C
ATOM   1396  CE2 TYR C 182       5.029  48.974  11.530  1.00 55.94      GZ00 C
ATOM   1397  CZ  TYR C 182       5.587  49.853  10.626  1.00 50.36      GZ00 C
ATOM   1398  OH  TYR C 182       5.243  51.177  10.679  1.00 43.75      GZ00 O
ATOM   1399  N   SER C 183       7.374  43.326   8.569  1.00 46.44      GZ00 N
ATOM   1400  CA  SER C 183       8.231  42.152   8.534  1.00 42.34      GZ00 C
ATOM   1401  C   SER C 183       9.673  42.600   8.304  1.00 42.61      GZ00 C
ATOM   1402  O   SER C 183       9.927  43.635   7.681  1.00 42.07      GZ00 O
ATOM   1403  CB  SER C 183       7.799  41.173   7.452  1.00 40.89      GZ00 C
ATOM   1404  OG  SER C 183       6.531  40.617   7.751  1.00 50.66      GZ00 O
ATOM   1405  N   LEU C 184      10.622  41.838   8.842  1.00 42.23      GZ00 N
ATOM   1406  CA  LEU C 184      12.018  42.081   8.515  1.00 39.25      GZ00 C
ATOM   1407  C   LEU C 184      12.794  40.772   8.518  1.00 43.48      GZ00 C
ATOM   1408  O   LEU C 184      12.337  39.746   9.029  1.00 40.77      GZ00 O
ATOM   1409  CB  LEU C 184      12.650  43.095   9.473  1.00 35.18      GZ00 C
ATOM   1410  CG  LEU C 184      12.809  42.808  10.965  1.00 45.00      GZ00 C
ATOM   1411  CD1 LEU C 184      13.869  41.700  11.303  1.00 40.29      GZ00 C
ATOM   1412  CD2 LEU C 184      13.218  44.117  11.588  1.00 33.99      GZ00 C
ATOM   1413  N   SER C 185      14.012  40.842   7.986  1.00 44.24      GZ00 N
ATOM   1414  CA  SER C 185      14.963  39.747   8.041  1.00 35.64      GZ00 C
ATOM   1415  C   SER C 185      16.258  40.228   8.669  1.00 41.38      GZ00 C
ATOM   1416  O   SER C 185      16.650  41.392   8.526  1.00 39.54      GZ00 O
ATOM   1417  CB  SER C 185      15.260  39.197   6.661  1.00 36.15      GZ00 C
ATOM   1418  OG  SER C 185      14.075  38.752   6.055  1.00 40.64      GZ00 O
```

```
ATOM   1419  N   SER C 186      16.927  39.308   9.349  1.00 38.32      GZ00 N
ATOM   1420  CA  SER C 186      18.265  39.524   9.871  1.00 36.92      GZ00 C
ATOM   1421  C   SER C 186      19.108  38.382   9.349  1.00 40.04      GZ00 C
ATOM   1422  O   SER C 186      18.687  37.226   9.434  1.00 43.87      GZ00 O
ATOM   1423  CB  SER C 186      18.273  39.558  11.396  1.00 38.94      GZ00 C
ATOM   1424  OG  SER C 186      19.589  39.675  11.902  1.00 39.68      GZ00 O
ATOM   1425  N   VAL C 187      20.267  38.698   8.773  1.00 38.05      GZ00 N
ATOM   1426  CA  VAL C 187      21.164  37.675   8.245  1.00 39.23      GZ00 C
ATOM   1427  C   VAL C 187      22.543  37.869   8.849  1.00 38.02      GZ00 C
ATOM   1428  O   VAL C 187      22.977  38.990   9.130  1.00 40.44      GZ00 O
ATOM   1429  CB  VAL C 187      21.291  37.714   6.708  1.00 42.17      GZ00 C
ATOM   1430  CG1 VAL C 187      19.984  37.334   6.048  1.00 51.50      GZ00 C
ATOM   1431  CG2 VAL C 187      21.733  39.100   6.265  1.00 42.55      GZ00 C
ATOM   1432  N   VAL C 188      23.252  36.770   9.018  1.00 36.36      GZ00 N
ATOM   1433  CA  VAL C 188      24.640  36.836   9.426  1.00 36.04      GZ00 C
ATOM   1434  C   VAL C 188      25.458  36.076   8.397  1.00 29.41      GZ00 C
ATOM   1435  O   VAL C 188      25.037  35.025   7.901  1.00 36.76      GZ00 O
ATOM   1436  CB  VAL C 188      24.848  36.314  10.861  1.00 42.84      GZ00 C
ATOM   1437  CG1 VAL C 188      24.200  34.977  11.043  1.00 38.37      GZ00 C
ATOM   1438  CG2 VAL C 188      26.343  36.272  11.210  1.00 41.22      GZ00 C
ATOM   1439  N   THR C 189      26.558  36.673   8.000  1.00 28.33      GZ00 N
ATOM   1440  CA  THR C 189      27.541  36.056   7.132  1.00 32.84      GZ00 C
ATOM   1441  C   THR C 189      28.628  35.434   8.001  1.00 34.03      GZ00 C
ATOM   1442  O   THR C 189      29.180  36.100   8.883  1.00 35.30      GZ00 O
ATOM   1443  CB  THR C 189      28.159  37.112   6.215  1.00 32.93      GZ00 C
ATOM   1444  OG1 THR C 189      27.144  37.724   5.438  1.00 45.99      GZ00 O
ATOM   1445  CG2 THR C 189      29.182  36.491   5.293  1.00 42.71      GZ00 C
ATOM   1446  N   VAL C 190      28.939  34.171   7.745  1.00 34.62      GZ00 N
ATOM   1447  CA  VAL C 190      29.911  33.429   8.544  1.00 31.43      GZ00 C
ATOM   1448  C   VAL C 190      30.828  32.676   7.590  1.00 33.62      GZ00 C
ATOM   1449  O   VAL C 190      30.489  32.452   6.412  1.00 32.38      GZ00 O
ATOM   1450  CB  VAL C 190      29.217  32.438   9.514  1.00 32.44      GZ00 C
ATOM   1451  CG1 VAL C 190      28.249  33.160  10.466  1.00 30.52      GZ00 C
ATOM   1452  CG2 VAL C 190      28.516  31.364   8.716  1.00 32.19      GZ00 C
ATOM   1453  N   PRO C 191      31.989  32.240   8.078  1.00 30.12      GZ00 N
ATOM   1454  CA  PRO C 191      32.826  31.359   7.271  1.00 32.76      GZ00 C
ATOM   1455  C   PRO C 191      32.058  30.080   6.963  1.00 30.65      GZ00 C
ATOM   1456  O   PRO C 191      31.363  29.531   7.820  1.00 33.10      GZ00 O
ATOM   1457  CB  PRO C 191      34.045  31.120   8.172  1.00 32.26      GZ00 C
ATOM   1458  CG  PRO C 191      34.060  32.297   9.081  1.00 34.77      GZ00 C
ATOM   1459  CD  PRO C 191      32.645  32.579   9.350  1.00 27.68      GZ00 C
ATOM   1460  N   SER C 192      32.149  29.634   5.711  1.00 29.53      GZ00 N
ATOM   1461  CA  SER C 192      31.350  28.487   5.287  1.00 39.33      GZ00 C
ATOM   1462  C   SER C 192      31.675  27.230   6.099  1.00 36.23      GZ00 C
ATOM   1463  O   SER C 192      30.769  26.485   6.472  1.00 42.93      GZ00 O
ATOM   1464  CB  SER C 192      31.541  28.240   3.789  1.00 38.81      GZ00 C
ATOM   1465  OG  SER C 192      32.874  27.909   3.459  1.00 43.23      GZ00 O
ATOM   1466  N   SER C 193      32.938  27.035   6.471  1.00 34.82      GZ00 N
ATOM   1467  CA  SER C 193      33.323  25.884   7.287  1.00 34.53      GZ00 C
ATOM   1468  C   SER C 193      32.696  25.922   8.671  1.00 34.09      GZ00 C
ATOM   1469  O   SER C 193      32.757  24.928   9.386  1.00 39.08      GZ00 O
ATOM   1470  CB  SER C 193      34.853  25.776   7.406  1.00 30.12      GZ00 C
ATOM   1471  OG  SER C 193      35.392  26.892   8.093  1.00 36.36      GZ00 O
ATOM   1472  N   SER C 194      32.163  27.056   9.102  1.00 38.37      GZ00 N
ATOM   1473  CA  SER C 194      31.530  27.087  10.411  1.00 33.39      GZ00 C
ATOM   1474  C   SER C 194      30.113  26.516  10.401  1.00 42.74      GZ00 C
ATOM   1475  O   SER C 194      29.523  26.338  11.474  1.00 39.11      GZ00 O
ATOM   1476  CB  SER C 194      31.499  28.525  10.943  1.00 36.98      GZ00 C
ATOM   1477  OG  SER C 194      32.808  29.033  11.127  1.00 48.78      GZ00 O
ATOM   1478  N   LEU C 195      29.544  26.221   9.235  1.00 39.64      GZ00 N
ATOM   1479  CA  LEU C 195      28.171  25.716   9.219  1.00 49.46      GZ00 C
ATOM   1480  C   LEU C 195      28.073  24.358   9.912  1.00 44.13      GZ00 C
ATOM   1481  O   LEU C 195      27.079  24.064  10.584  1.00 58.41      GZ00 O
ATOM   1482  CB  LEU C 195      27.658  25.619   7.783  1.00 39.54      GZ00 C
ATOM   1483  CG  LEU C 195      27.446  26.952   7.097  1.00 40.14      GZ00 C
ATOM   1484  CD1 LEU C 195      26.943  26.739   5.696  1.00 44.58      GZ00 C
ATOM   1485  CD2 LEU C 195      26.470  27.772   7.904  1.00 40.80      GZ00 C
ATOM   1486  N   GLY C 196      29.081  23.506   9.744  1.00 51.36      GZ00 N
ATOM   1487  CA  GLY C 196      29.046  22.221  10.420  1.00 65.18      GZ00 C
ATOM   1488  C   GLY C 196      29.407  22.268  11.889  1.00 66.41      GZ00 C
ATOM   1489  O   GLY C 196      29.013  21.375  12.644  1.00 61.49      GZ00 O
```

```
ATOM   1490  N   THR C 197      30.128  23.300  12.314  1.00 62.25      GZ00 N
ATOM   1491  CA  THR C 197      30.755  23.340  13.626  1.00 58.93      GZ00 C
ATOM   1492  C   THR C 197      29.995  24.161  14.655  1.00 58.26      GZ00 C
ATOM   1493  O   THR C 197      30.047  23.842  15.845  1.00 62.50      GZ00 O
ATOM   1494  CB  THR C 197      32.165  23.899  13.486  1.00 60.74      GZ00 C
ATOM   1495  OG1 THR C 197      32.802  23.224  12.405  1.00 62.30      GZ00 O
ATOM   1496  CG2 THR C 197      32.961  23.642  14.759  1.00 74.83      GZ00 C
ATOM   1497  N   GLN C 198      29.373  25.261  14.243  1.00 52.75      GZ00 N
ATOM   1498  CA  GLN C 198      28.836  26.250  15.166  1.00 50.37      GZ00 C
ATOM   1499  C   GLN C 198      27.314  26.260  15.176  1.00 47.44      GZ00 C
ATOM   1500  O   GLN C 198      26.650  25.910  14.197  1.00 47.96      GZ00 O
ATOM   1501  CB  GLN C 198      29.345  27.650  14.839  1.00 49.33      GZ00 C
ATOM   1502  CG  GLN C 198      30.852  27.725  14.782  1.00 55.27      GZ00 C
ATOM   1503  CD  GLN C 198      31.515  27.225  16.062  1.00 61.24      GZ00 C
ATOM   1504  OE1 GLN C 198      32.566  26.585  16.007  1.00 51.30      GZ00 O
ATOM   1505  NE2 GLN C 198      30.903  27.517  17.218  1.00 56.92      GZ00 N
ATOM   1506  N   THR C 199      26.773  26.623  16.322  1.00 52.47      GZ00 N
ATOM   1507  CA  THR C 199      25.343  26.782  16.481  1.00 55.26      GZ00 C
ATOM   1508  C   THR C 199      25.008  28.268  16.402  1.00 49.37      GZ00 C
ATOM   1509  O   THR C 199      25.618  29.094  17.092  1.00 42.11      GZ00 O
ATOM   1510  CB  THR C 199      24.875  26.156  17.795  1.00 51.51      GZ00 C
ATOM   1511  OG1 THR C 199      24.993  24.734  17.686  1.00 63.19      GZ00 O
ATOM   1512  CG2 THR C 199      23.428  26.505  18.070  1.00 53.59      GZ00 C
ATOM   1513  N   TYR C 200      24.078  28.610  15.518  1.00 48.90      GZ00 N
ATOM   1514  CA  TYR C 200      23.662  29.990  15.315  1.00 48.61      GZ00 C
ATOM   1515  C   TYR C 200      22.209  30.127  15.721  1.00 46.13      GZ00 C
ATOM   1516  O   TYR C 200      21.332  29.443  15.173  1.00 44.41      GZ00 O
ATOM   1517  CB  TYR C 200      23.885  30.425  13.871  1.00 40.49      GZ00 C
ATOM   1518  CG  TYR C 200      25.348  30.403  13.527  1.00 43.98      GZ00 C
ATOM   1519  CD1 TYR C 200      26.196  31.359  14.053  1.00 42.42      GZ00 C
ATOM   1520  CD2 TYR C 200      25.891  29.415  12.718  1.00 41.47      GZ00 C
ATOM   1521  CE1 TYR C 200      27.536  31.356  13.770  1.00 39.19      GZ00 C
ATOM   1522  CE2 TYR C 200      27.254  29.408  12.425  1.00 45.38      GZ00 C
ATOM   1523  CZ  TYR C 200      28.062  30.394  12.954  1.00 39.23      GZ00 C
ATOM   1524  OH  TYR C 200      29.417  30.433  12.699  1.00 45.19      GZ00 O
ATOM   1525  N   ILE C 201      21.975  30.996  16.697  1.00 42.87      GZ00 N
ATOM   1526  CA  ILE C 201      20.663  31.253  17.264  1.00 42.84      GZ00 C
ATOM   1527  C   ILE C 201      20.414  32.743  17.188  1.00 44.10      GZ00 C
ATOM   1528  O   ILE C 201      21.240  33.530  17.663  1.00 46.46      GZ00 O
ATOM   1529  CB  ILE C 201      20.581  30.788  18.727  1.00 50.09      GZ00 C
ATOM   1530  CG1 ILE C 201      20.743  29.262  18.814  1.00 45.99      GZ00 C
ATOM   1531  CG2 ILE C 201      19.298  31.312  19.375  1.00 42.60      GZ00 C
ATOM   1532  CD1 ILE C 201      20.953  28.790  20.208  1.00 32.65      GZ00 C
ATOM   1533  N   CYS C 202      19.279  33.131  16.604  1.00 42.47      GZ00 N
ATOM   1534  CA  CYS C 202      18.862  34.523  16.601  1.00 43.27      GZ00 C
ATOM   1535  C   CYS C 202      17.860  34.776  17.723  1.00 49.37      GZ00 C
ATOM   1536  O   CYS C 202      17.021  33.922  18.040  1.00 48.50      GZ00 O
ATOM   1537  CB  CYS C 202      18.262  34.923  15.250  1.00 47.82      GZ00 C
ATOM   1538  SG  CYS C 202      16.539  34.525  15.045  1.00 59.08      GZ00 S
ATOM   1539  N   ASN C 203      17.976  35.945  18.341  1.00 44.56      GZ00 N
ATOM   1540  CA  ASN C 203      17.167  36.321  19.492  1.00 39.69      GZ00 C
ATOM   1541  C   ASN C 203      16.329  37.519  19.079  1.00 46.86      GZ00 C
ATOM   1542  O   ASN C 203      16.862  38.616  18.876  1.00 43.01      GZ00 O
ATOM   1543  CB  ASN C 203      18.043  36.660  20.698  1.00 40.17      GZ00 C
ATOM   1544  CG  ASN C 203      19.277  35.769  20.785  1.00 50.91      GZ00 C
ATOM   1545  OD1 ASN C 203      20.407  36.239  20.626  1.00 44.43      GZ00 O
ATOM   1546  ND2 ASN C 203      19.057  34.467  20.968  1.00 40.98      GZ00 N
ATOM   1547  N   VAL C 204      15.027  37.320  18.972  1.00 44.56      GZ00 N
ATOM   1548  CA  VAL C 204      14.126  38.360  18.515  1.00 46.34      GZ00 C
ATOM   1549  C   VAL C 204      13.377  38.894  19.715  1.00 43.52      GZ00 C
ATOM   1550  O   VAL C 204      12.839  38.122  20.516  1.00 51.43      GZ00 O
ATOM   1551  CB  VAL C 204      13.166  37.826  17.447  1.00 50.83      GZ00 C
ATOM   1552  CG1 VAL C 204      12.204  38.932  17.006  1.00 40.92      GZ00 C
ATOM   1553  CG2 VAL C 204      13.984  37.271  16.291  1.00 38.78      GZ00 C
ATOM   1554  N   ASN C 205      13.361  40.208  19.858  1.00 40.86      GZ00 N
ATOM   1555  CA  ASN C 205      12.687  40.856  20.970  1.00 54.57      GZ00 C
ATOM   1556  C   ASN C 205      11.772  41.947  20.431  1.00 58.30      GZ00 C
ATOM   1557  O   ASN C 205      12.237  42.886  19.776  1.00 55.70      GZ00 O
ATOM   1558  CB  ASN C 205      13.691  41.445  21.965  1.00 49.16      GZ00 C
ATOM   1559  CG  ASN C 205      13.009  42.013  23.204  1.00 69.12      GZ00 C
ATOM   1560  OD1 ASN C 205      11.837  41.702  23.489  1.00 63.20      GZ00 O
```

```
ATOM   1561  ND2 ASN C 205      13.716  42.884  23.921  1.00 72.08      GZ00 N
ATOM   1562  N   HIS C 206      10.482  41.839  20.732  1.00 55.60      GZ00 N
ATOM   1563  CA  HIS C 206       9.489  42.834  20.326  1.00 56.54      GZ00 C
ATOM   1564  C   HIS C 206       8.843  43.347  21.611  1.00 58.64      GZ00 C
ATOM   1565  O   HIS C 206       7.857  42.788  22.098  1.00 54.70      GZ00 O
ATOM   1566  CB  HIS C 206       8.472  42.249  19.356  1.00 51.09      GZ00 C
ATOM   1567  CG  HIS C 206       7.482  43.251  18.851  1.00 60.00      GZ00 C
ATOM   1568  ND1 HIS C 206       6.150  42.954  18.660  1.00 56.09      GZ00 N
ATOM   1569  CD2 HIS C 206       7.633  44.548  18.494  1.00 60.16      GZ00 C
ATOM   1570  CE1 HIS C 206       5.525  44.026  18.209  1.00 55.91      GZ00 C
ATOM   1571  NE2 HIS C 206       6.402  45.007  18.100  1.00 50.50      GZ00 N
ATOM   1572  N   LYS C 207       9.435  44.398  22.179  1.00 59.62      GZ00 N
ATOM   1573  CA  LYS C 207       8.977  44.892  23.475  1.00 60.73      GZ00 C
ATOM   1574  C   LYS C 207       7.519  45.338  23.493  1.00 69.23      GZ00 C
ATOM   1575  O   LYS C 207       6.848  45.083  24.509  1.00 66.50      GZ00 O
ATOM   1576  CB  LYS C 207       9.906  46.014  23.956  1.00 58.40      GZ00 C
ATOM   1577  CG  LYS C 207      11.292  45.481  24.321  1.00 69.34      GZ00 C
ATOM   1578  CD  LYS C 207      12.257  46.543  24.809  1.00 77.26      GZ00 C
ATOM   1579  CE  LYS C 207      13.596  45.890  25.148  1.00 81.04      GZ00 C
ATOM   1580  NZ  LYS C 207      14.641  46.873  25.530  1.00 87.24      GZ00 N1+
ATOM   1581  N   PRO C 208       6.956  45.959  22.441  1.00 69.40      GZ00 N
ATOM   1582  CA  PRO C 208       5.540  46.372  22.538  1.00 59.57      GZ00 C
ATOM   1583  C   PRO C 208       4.585  45.244  22.898  1.00 64.04      GZ00 C
ATOM   1584  O   PRO C 208       3.640  45.466  23.666  1.00 69.66      GZ00 O
ATOM   1585  CB  PRO C 208       5.257  46.942  21.145  1.00 53.38      GZ00 C
ATOM   1586  CG  PRO C 208       6.582  47.479  20.704  1.00 65.93      GZ00 C
ATOM   1587  CD  PRO C 208       7.608  46.524  21.241  1.00 55.91      GZ00 C
ATOM   1588  N   SER C 209       4.814  44.034  22.401  1.00 60.28      GZ00 N
ATOM   1589  CA  SER C 209       4.019  42.880  22.786  1.00 57.00      GZ00 C
ATOM   1590  C   SER C 209       4.762  41.960  23.758  1.00 67.68      GZ00 C
ATOM   1591  O   SER C 209       4.284  40.848  24.024  1.00 64.38      GZ00 O
ATOM   1592  CB  SER C 209       3.586  42.091  21.546  1.00 56.00      GZ00 C
ATOM   1593  OG  SER C 209       4.691  41.469  20.915  1.00 63.30      GZ00 O
ATOM   1594  N   ASN C 210       5.918  42.392  24.271  1.00 68.38      GZ00 N
ATOM   1595  CA  ASN C 210       6.846  41.563  25.049  1.00 66.63      GZ00 C
ATOM   1596  C   ASN C 210       6.898  40.139  24.505  1.00 64.18      GZ00 C
ATOM   1597  O   ASN C 210       6.538  39.164  25.164  1.00 67.42      GZ00 O
ATOM   1598  CB  ASN C 210       6.528  41.574  26.543  1.00 74.01      GZ00 C
ATOM   1599  CG  ASN C 210       5.055  41.657  26.828  1.00 83.26      GZ00 C
ATOM   1600  OD1 ASN C 210       4.483  42.750  26.885  1.00 89.02      GZ00 O
ATOM   1601  ND2 ASN C 210       4.420  40.502  26.997  1.00 83.49      GZ00 N
ATOM   1602  N   THR C 211       7.358  40.045  23.268  1.00 61.55      GZ00 N
ATOM   1603  CA  THR C 211       7.633  38.772  22.633  1.00 57.57      GZ00 C
ATOM   1604  C   THR C 211       9.143  38.608  22.609  1.00 60.01      GZ00 C
ATOM   1605  O   THR C 211       9.862  39.532  22.214  1.00 65.19      GZ00 O
ATOM   1606  CB  THR C 211       7.089  38.734  21.209  1.00 54.23      GZ00 C
ATOM   1607  OG1 THR C 211       5.691  39.013  21.227  1.00 60.96      GZ00 O
ATOM   1608  CG2 THR C 211       7.316  37.377  20.586  1.00 57.50      GZ00 C
ATOM   1609  N   LYS C 212       9.620  37.460  23.084  1.00 60.21      GZ00 N
ATOM   1610  CA  LYS C 212      11.018  37.076  22.951  1.00 52.01      GZ00 C
ATOM   1611  C   LYS C 212      11.042  35.689  22.350  1.00 52.91      GZ00 C
ATOM   1612  O   LYS C 212      10.456  34.760  22.906  1.00 57.94      GZ00 O
ATOM   1613  CB  LYS C 212      11.753  37.110  24.290  1.00 47.41      GZ00 C
ATOM   1614  CG  LYS C 212      11.691  38.475  24.978  1.00 57.15      GZ00 C
ATOM   1615  CD  LYS C 212      12.644  38.565  26.174  1.00 66.23      GZ00 C
ATOM   1616  CE  LYS C 212      12.433  39.861  26.969  1.00 79.81      GZ00 C
ATOM   1617  NZ  LYS C 212      13.705  40.467  27.503  1.00 78.51      GZ00 N1+
ATOM   1618  N   VAL C 213      11.710  35.555  21.215  1.00 55.55      GZ00 N
ATOM   1619  CA  VAL C 213      11.839  34.287  20.520  1.00 49.66      GZ00 C
ATOM   1620  C   VAL C 213      13.319  34.021  20.272  1.00 50.74      GZ00 C
ATOM   1621  O   VAL C 213      14.050  34.906  19.810  1.00 48.29      GZ00 O
ATOM   1622  CB  VAL C 213      11.051  34.291  19.199  1.00 51.80      GZ00 C
ATOM   1623  CG1 VAL C 213      11.260  32.982  18.441  1.00 52.63      GZ00 C
ATOM   1624  CG2 VAL C 213       9.583  34.508  19.477  1.00 52.72      GZ00 C
ATOM   1625  N   ASP C 214      13.757  32.813  20.598  1.00 51.96      GZ00 N
ATOM   1626  CA  ASP C 214      15.054  32.301  20.199  1.00 43.41      GZ00 C
ATOM   1627  C   ASP C 214      14.791  31.231  19.160  1.00 52.09      GZ00 C
ATOM   1628  O   ASP C 214      13.923  30.374  19.356  1.00 60.39      GZ00 O
ATOM   1629  CB  ASP C 214      15.820  31.717  21.384  1.00 47.17      GZ00 C
ATOM   1630  CG  ASP C 214      16.093  32.742  22.473  1.00 53.34      GZ00 C
ATOM   1631  OD1 ASP C 214      16.343  33.921  22.145  1.00 53.82      GZ00 O
```

```
ATOM   1632  OD2 ASP C 214      16.071  32.367  23.665  1.00 64.40      GZ00 O1-
ATOM   1633  N   LYS C 215      15.527  31.282  18.060  1.00 49.22      GZ00 N
ATOM   1634  CA  LYS C 215      15.322  30.324  16.993  1.00 46.64      GZ00 C
ATOM   1635  C   LYS C 215      16.691  29.904  16.489  1.00 51.67      GZ00 C
ATOM   1636  O   LYS C 215      17.531  30.748  16.165  1.00 50.73      GZ00 O
ATOM   1637  CB  LYS C 215      14.459  30.916  15.877  1.00 41.93      GZ00 C
ATOM   1638  CG  LYS C 215      14.213  29.983  14.699  1.00 58.37      GZ00 C
ATOM   1639  CD  LYS C 215      13.161  28.894  14.993  1.00 57.43      GZ00 C
ATOM   1640  CE  LYS C 215      11.848  29.473  15.498  1.00 54.91      GZ00 C
ATOM   1641  NZ  LYS C 215      10.704  28.533  15.296  1.00 59.67      GZ00 N1+
ATOM   1642  N   LYS C 216      16.916  28.597  16.475  1.00 48.55      GZ00 N
ATOM   1643  CA  LYS C 216      18.160  28.025  16.004  1.00 44.55      GZ00 C
ATOM   1644  C   LYS C 216      18.075  27.873  14.498  1.00 51.23      GZ00 C
ATOM   1645  O   LYS C 216      17.073  27.377  13.973  1.00 48.07      GZ00 O
ATOM   1646  CB  LYS C 216      18.384  26.667  16.671  1.00 53.16      GZ00 C
ATOM   1647  CG  LYS C 216      19.666  25.939  16.297  1.00 58.06      GZ00 C
ATOM   1648  CD  LYS C 216      19.698  24.568  16.972  1.00 68.72      GZ00 C
ATOM   1649  CE  LYS C 216      21.064  23.901  16.884  1.00 76.90      GZ00 C
ATOM   1650  NZ  LYS C 216      21.133  22.703  17.775  1.00 81.06      GZ00 N1+
ATOM   1651  N   VAL C 217      19.122  28.296  13.802  1.00 42.74      GZ00 N
ATOM   1652  CA  VAL C 217      19.158  28.228  12.355  1.00 45.91      GZ00 C
ATOM   1653  C   VAL C 217      20.199  27.179  12.003  1.00 52.09      GZ00 C
ATOM   1654  O   VAL C 217      21.399  27.371  12.243  1.00 50.43      GZ00 O
ATOM   1655  CB  VAL C 217      19.472  29.594  11.727  1.00 47.85      GZ00 C
ATOM   1656  CG1 VAL C 217      19.352  29.534  10.217  1.00 36.68      GZ00 C
ATOM   1657  CG2 VAL C 217      18.552  30.667  12.314  1.00 38.98      GZ00 C
ATOM   1658  N   GLU C 218      19.742  26.069  11.431  1.00 54.61      GZ00 N
ATOM   1659  CA  GLU C 218      20.591  24.937  11.107  1.00 54.05      GZ00 C
ATOM   1660  C   GLU C 218      20.622  24.755   9.603  1.00 49.13      GZ00 C
ATOM   1661  O   GLU C 218      19.647  25.082   8.922  1.00 58.50      GZ00 O
ATOM   1662  CB  GLU C 218      20.080  23.637  11.742  1.00 65.26      GZ00 C
ATOM   1663  CG  GLU C 218      19.944  23.671  13.253  1.00 70.38      GZ00 C
ATOM   1664  CD  GLU C 218      19.413  22.365  13.822  1.00 84.00      GZ00 C
ATOM   1665  OE1 GLU C 218      18.889  21.534  13.040  1.00 82.26      GZ00 O
ATOM   1666  OE2 GLU C 218      19.515  22.180  15.056  1.00 91.02      GZ00 O1-
ATOM   1667  N   PRO C 219      21.716  24.232   9.056  1.00 57.01      GZ00 N
ATOM   1668  CA  PRO C 219      21.755  23.952   7.612  1.00 53.03      GZ00 C
ATOM   1669  C   PRO C 219      20.705  22.941   7.170  1.00 58.97      GZ00 C
ATOM   1670  O   PRO C 219      19.991  22.384   8.008  1.00 62.86      GZ00 O
ATOM   1671  CB  PRO C 219      23.185  23.443   7.393  1.00 49.20      GZ00 C
ATOM   1672  CG  PRO C 219      23.796  23.307   8.761  1.00 47.12      GZ00 C
ATOM   1673  CD  PRO C 219      23.051  24.186   9.671  1.00 55.30      GZ00 C
ATOM   1674  N   LYS C 220      20.623  22.700   5.857  1.00 71.75      GZ00 N
ATOM   1675  CA  LYS C 220      19.610  21.841   5.209  1.00 68.27      GZ00 C
ATOM   1676  C   LYS C 220      18.226  22.491   5.306  1.00 73.79      GZ00 C
ATOM   1677  O   LYS C 220      17.355  22.046   6.058  1.00 80.81      GZ00 O
ATOM   1678  CB  LYS C 220      19.570  20.424   5.812  1.00 60.33      GZ00 C
ATOM   1679  CG  LYS C 220      18.562  19.498   5.140  1.00 75.19      GZ00 C
ATOM   1680  CD  LYS C 220      18.194  18.314   6.009  1.00 81.62      GZ00 C
ATOM   1681  CE  LYS C 220      17.204  17.408   5.284  1.00 83.68      GZ00 C
ATOM   1682  NZ  LYS C 220      15.922  18.107   4.974  1.00 81.30      GZ00 N1+
TER
ATOM   1683  N   GLN D   1       3.622  57.068 -14.037  1.00 73.81           N
ATOM   1684  CA  GLN D   1       2.256  57.519 -13.830  1.00 77.03           C
ATOM   1685  C   GLN D   1       2.220  58.975 -13.340  1.00 71.19           C
ATOM   1686  O   GLN D   1       1.170  59.618 -13.403  1.00 70.55           O
ATOM   1687  CB  GLN D   1       1.535  56.594 -12.844  1.00 76.72           C
ATOM   1688  CG  GLN D   1       0.016  56.704 -12.856  1.00 83.42           C
ATOM   1689  CD  GLN D   1      -0.568  56.892 -11.458  1.00 94.69           C
ATOM   1690  OE1 GLN D   1       0.127  56.720 -10.448  1.00 86.56           O
ATOM   1691  NE2 GLN D   1      -1.851  57.255 -11.395  1.00 91.59           N
ATOM   1692  N   SER D   2       3.352  59.504 -12.865  1.00 62.32           N
ATOM   1693  CA  SER D   2       3.404  60.928 -12.539  1.00 62.06           C
ATOM   1694  C   SER D   2       3.359  61.752 -13.826  1.00 54.47           C
ATOM   1695  O   SER D   2       3.840  61.331 -14.885  1.00 54.37           O
ATOM   1696  CB  SER D   2       4.637  61.269 -11.685  1.00 55.55           C
ATOM   1697  OG  SER D   2       5.815  61.429 -12.445  1.00 44.68           O
ATOM   1698  N   VAL D   3       2.765  62.942 -13.725  1.00 51.09           N
ATOM   1699  CA  VAL D   3       2.399  63.693 -14.926  1.00 44.98           C
ATOM   1700  C   VAL D   3       3.625  64.277 -15.623  1.00 44.14           C
ATOM   1701  O   VAL D   3       3.682  64.317 -16.858  1.00 42.24           O
```

```
ATOM   1702  CB  VAL D   3       1.355  64.762 -14.561  1.00 48.49           C
ATOM   1703  CG1 VAL D   3       1.035  65.656 -15.762  1.00 33.38           C
ATOM   1704  CG2 VAL D   3       0.095  64.072 -13.994  1.00 36.61           C
ATOM   1705  N   LEU D   4       4.610  64.757 -14.867  1.00 40.88           N
ATOM   1706  CA  LEU D   4       5.895  65.115 -15.451  1.00 38.31           C
ATOM   1707  C   LEU D   4       6.842  63.946 -15.255  1.00 42.46           C
ATOM   1708  O   LEU D   4       6.841  63.318 -14.195  1.00 41.68           O
ATOM   1709  CB  LEU D   4       6.484  66.365 -14.808  1.00 36.49           C
ATOM   1710  CG  LEU D   4       5.476  67.494 -14.624  1.00 34.13           C
ATOM   1711  CD1 LEU D   4       6.074  68.656 -13.825  1.00 34.44           C
ATOM   1712  CD2 LEU D   4       4.978  67.953 -15.972  1.00 29.23           C
ATOM   1713  N   THR D   5       7.637  63.640 -16.273  1.00 39.33           N
ATOM   1714  CA  THR D   5       8.541  62.503 -16.203  1.00 34.69           C
ATOM   1715  C   THR D   5       9.987  62.990 -16.144  1.00 41.85           C
ATOM   1716  O   THR D   5      10.420  63.814 -16.959  1.00 32.54           O
ATOM   1717  CB  THR D   5       8.307  61.529 -17.363  1.00 40.41           C
ATOM   1718  OG1 THR D   5       8.542  62.190 -18.596  1.00 58.56           O
ATOM   1719  CG2 THR D   5       6.858  61.060 -17.366  1.00 35.80           C
ATOM   1720  N   GLN D   6      10.703  62.522 -15.132  1.00 33.22           N
ATOM   1721  CA  GLN D   6      12.100  62.739 -14.872  1.00 31.46           C
ATOM   1722  C   GLN D   6      12.802  61.390 -14.902  1.00 35.85           C
ATOM   1723  O   GLN D   6      12.187  60.381 -14.554  1.00 35.36           O
ATOM   1724  CB  GLN D   6      12.302  63.370 -13.490  1.00 31.54           C
ATOM   1725  CG  GLN D   6      11.670  64.731 -13.302  1.00 32.96           C
ATOM   1726  CD  GLN D   6      11.827  65.238 -11.884  1.00 38.63           C
ATOM   1727  OE1 GLN D   6      10.841  65.645 -11.248  1.00 36.32           O
ATOM   1728  NE2 GLN D   6      13.073  65.220 -11.367  1.00 31.40           N
ATOM   1729  N   PRO D   7      14.069  61.323 -15.306  1.00 39.24           N
ATOM   1730  CA  PRO D   7      14.832  60.087 -15.078  1.00 33.07           C
ATOM   1731  C   PRO D   7      14.881  59.791 -13.588  1.00 34.60           C
ATOM   1732  O   PRO D   7      15.015  60.714 -12.764  1.00 32.93           O
ATOM   1733  CB  PRO D   7      16.235  60.402 -15.652  1.00 31.22           C
ATOM   1734  CG  PRO D   7      16.356  61.910 -15.589  1.00 34.93           C
ATOM   1735  CD  PRO D   7      14.921  62.430 -15.806  1.00 35.72           C
ATOM   1736  N   PRO D   8      14.755  58.518 -13.197  1.00 33.41           N
ATOM   1737  CA  PRO D   8      14.682  58.200 -11.756  1.00 33.71           C
ATOM   1738  C   PRO D   8      15.987  58.443 -11.027  1.00 36.29           C
ATOM   1739  O   PRO D   8      15.966  58.847  -9.855  1.00 35.95           O
ATOM   1740  CB  PRO D   8      14.299  56.705 -11.730  1.00 31.63           C
ATOM   1741  CG  PRO D   8      14.777  56.181 -13.032  1.00 33.24           C
ATOM   1742  CD  PRO D   8      14.568  57.333 -14.040  1.00 28.70           C
ATOM   1743  N   SER D   9      17.128  58.252 -11.679  1.00 31.20           N
ATOM   1744  CA  SER D   9      18.367  58.463 -10.945  1.00 41.37           C
ATOM   1745  C   SER D   9      19.485  58.910 -11.869  1.00 41.68           C
ATOM   1746  O   SER D   9      19.492  58.642 -13.075  1.00 39.62           O
ATOM   1747  CB  SER D   9      18.788  57.197 -10.195  1.00 32.55           C
ATOM   1748  OG  SER D   9      18.984  56.168 -11.129  1.00 46.27           O
ATOM   1749  N   VAL D  10      20.465  59.553 -11.259  1.00 35.48           N
ATOM   1750  CA  VAL D  10      21.529  60.199 -12.000  1.00 37.87           C
ATOM   1751  C   VAL D  10      22.736  60.253 -11.082  1.00 34.78           C
ATOM   1752  O   VAL D  10      22.605  60.523  -9.880  1.00 36.71           O
ATOM   1753  CB  VAL D  10      21.041  61.588 -12.472  1.00 40.73           C
ATOM   1754  CG1 VAL D  10      21.926  62.691 -11.971  1.00 40.07           C
ATOM   1755  CG2 VAL D  10      20.845  61.613 -13.973  1.00 38.95           C
ATOM   1756  N   SER D  11      23.915  59.963 -11.625  1.00 37.46           N
ATOM   1757  CA  SER D  11      25.092  59.962 -10.762  1.00 35.14           C
ATOM   1758  C   SER D  11      26.324  60.390 -11.542  1.00 31.82           C
ATOM   1759  O   SER D  11      26.474  60.057 -12.715  1.00 37.48           O
ATOM   1760  CB  SER D  11      25.311  58.580 -10.130  1.00 33.24           C
ATOM   1761  OG  SER D  11      25.640  57.636 -11.125  1.00 37.23           O
ATOM   1762  N   ALA D  12      27.196  61.139 -10.877  1.00 35.26           N
ATOM   1763  CA  ALA D  12      28.433  61.620 -11.469  1.00 34.57           C
ATOM   1764  C   ALA D  12      29.379  61.996 -10.338  1.00 39.68           C
ATOM   1765  O   ALA D  12      28.955  62.218  -9.199  1.00 31.45           O
ATOM   1766  CB  ALA D  12      28.200  62.814 -12.409  1.00 31.29           C
ATOM   1767  N   ALA D  13      30.673  62.071 -10.679  1.00 36.93           N
ATOM   1768  CA  ALA D  13      31.748  62.366  -9.733  1.00 40.49           C
ATOM   1769  C   ALA D  13      31.847  63.860  -9.433  1.00 40.25           C
ATOM   1770  O   ALA D  13      31.411  64.695 -10.236  1.00 39.24           O
ATOM   1771  CB  ALA D  13      33.081  61.875 -10.291  1.00 30.80           C
ATOM   1772  N   PRO D  14      32.434  64.225  -8.288  1.00 33.52           N
```

```
ATOM   1773  CA  PRO D  14      32.647  65.646  -7.994  1.00 38.76           C
ATOM   1774  C   PRO D  14      33.382  66.324  -9.141  1.00 44.78           C
ATOM   1775  O   PRO D  14      34.233  65.718  -9.798  1.00 36.43           O
ATOM   1776  CB  PRO D  14      33.485  65.629  -6.711  1.00 35.31           C
ATOM   1777  CG  PRO D  14      33.152  64.283  -6.060  1.00 30.30           C
ATOM   1778  CD  PRO D  14      32.928  63.345  -7.208  1.00 32.96           C
ATOM   1779  N   GLY D  15      33.008  67.579  -9.410  1.00 45.92           N
ATOM   1780  CA  GLY D  15      33.585  68.342 -10.484  1.00 34.84           C
ATOM   1781  C   GLY D  15      32.932  68.138 -11.829  1.00 41.92           C
ATOM   1782  O   GLY D  15      33.143  68.956 -12.728  1.00 49.13           O
ATOM   1783  N   GLN D  16      32.143  67.083 -12.001  1.00 37.37           N
ATOM   1784  CA  GLN D  16      31.533  66.844 -13.302  1.00 48.89           C
ATOM   1785  C   GLN D  16      30.220  67.627 -13.500  1.00 47.03           C
ATOM   1786  O   GLN D  16      29.744  68.367 -12.628  1.00 39.51           O
ATOM   1787  CB  GLN D  16      31.306  65.355 -13.502  1.00 50.09           C
ATOM   1788  CG  GLN D  16      32.570  64.589 -13.809  1.00 57.03           C
ATOM   1789  CD  GLN D  16      32.260  63.311 -14.566  1.00 75.65           C
ATOM   1790  OE1 GLN D  16      31.830  62.302 -13.979  1.00 62.08           O
ATOM   1791  NE2 GLN D  16      32.445  63.353 -15.886  1.00 86.71           N
ATOM   1792  N   LYS D  17      29.674  67.481 -14.711  1.00 50.37           N
ATOM   1793  CA  LYS D  17      28.424  68.054 -15.189  1.00 47.34           C
ATOM   1794  C   LYS D  17      27.325  67.004 -15.183  1.00 51.01           C
ATOM   1795  O   LYS D  17      27.566  65.822 -15.440  1.00 57.21           O
ATOM   1796  CB  LYS D  17      28.537  68.558 -16.635  1.00 48.76           C
ATOM   1797  CG  LYS D  17      29.325  69.812 -16.889  1.00 66.24           C
ATOM   1798  CD  LYS D  17      29.537  69.967 -18.408  1.00 76.78           C
ATOM   1799  CE  LYS D  17      30.502  71.109 -18.742  1.00 85.45           C
ATOM   1800  NZ  LYS D  17      30.739  71.204 -20.209  1.00 85.79           N
ATOM   1801  N  AVAL D  18      26.098  67.456 -14.947  0.60 46.54           N
ATOM   1802  CA AVAL D  18      24.936  66.572 -14.935  0.60 45.04           C
ATOM   1803  C  AVAL D  18      23.728  67.369 -15.412  0.60 42.17           C
ATOM   1804  O  AVAL D  18      23.622  68.572 -15.150  0.60 42.21           O
ATOM   1805  CB AVAL D  18      24.745  65.964 -13.527  0.60 43.33           C
ATOM   1806  CG1AVAL D  18      23.328  66.101 -13.049  0.60 41.29           C
ATOM   1807  CG2AVAL D  18      25.187  64.524 -13.516  0.60 41.57           C
ATOM   1808  N  BVAL D  18      26.101  67.445 -14.920  0.40 46.52           N
ATOM   1809  CA BVAL D  18      24.961  66.551 -15.030  0.40 45.04           C
ATOM   1810  C  BVAL D  18      23.744  67.363 -15.441  0.40 42.19           C
ATOM   1811  O  BVAL D  18      23.643  68.561 -15.158  0.40 42.16           O
ATOM   1812  CB BVAL D  18      24.729  65.769 -13.718  0.40 43.17           C
ATOM   1813  CG1BVAL D  18      24.057  66.644 -12.663  0.40 39.96           C
ATOM   1814  CG2BVAL D  18      23.942  64.530 -14.005  0.40 42.54           C
ATOM   1815  N   THR D  19      22.831  66.698 -16.143  1.00 46.67           N
ATOM   1816  CA  THR D  19      21.594  67.285 -16.650  1.00 42.21           C
ATOM   1817  C   THR D  19      20.412  66.449 -16.178  1.00 42.60           C
ATOM   1818  O   THR D  19      20.469  65.212 -16.217  1.00 40.66           O
ATOM   1819  CB  THR D  19      21.646  67.356 -18.189  1.00 36.82           C
ATOM   1820  OG1 THR D  19      21.854  68.714 -18.572  1.00 49.09           O
ATOM   1821  CG2 THR D  19      20.396  66.796 -18.859  1.00 40.02           C
ATOM   1822  N   ILE D  20      19.343  67.117 -15.733  1.00 35.88           N
ATOM   1823  CA  ILE D  20      18.132  66.439 -15.267  1.00 33.46           C
ATOM   1824  C   ILE D  20      16.954  66.997 -16.042  1.00 38.36           C
ATOM   1825  O   ILE D  20      16.680  68.200 -15.976  1.00 36.03           O
ATOM   1826  CB  ILE D  20      17.907  66.602 -13.753  1.00 38.27           C
ATOM   1827  CG1 ILE D  20      19.043  65.927 -12.976  1.00 32.31           C
ATOM   1828  CG2 ILE D  20      16.555  65.993 -13.341  1.00 34.30           C
ATOM   1829  CD1 ILE D  20      19.010  66.199 -11.490  1.00 28.88           C
ATOM   1830  N   SER D  21      16.253  66.127 -16.764  1.00 31.98           N
ATOM   1831  CA  SER D  21      15.188  66.575 -17.643  1.00 36.18           C
ATOM   1832  C   SER D  21      13.814  66.346 -17.011  1.00 40.44           C
ATOM   1833  O   SER D  21      13.639  65.541 -16.094  1.00 35.10           O
ATOM   1834  CB  SER D  21      15.267  65.862 -18.988  1.00 35.20           C
ATOM   1835  OG  SER D  21      15.097  64.461 -18.840  1.00 43.09           O
ATOM   1836  N   CYS D  22      12.829  67.052 -17.552  1.00 32.32           N
ATOM   1837  CA  CYS D  22      11.476  67.044 -17.012  1.00 36.57           C
ATOM   1838  C   CYS D  22      10.549  67.317 -18.192  1.00 36.72           C
ATOM   1839  O   CYS D  22      10.444  68.454 -18.656  1.00 33.99           O
ATOM   1840  CB  CYS D  22      11.339  68.103 -15.933  1.00 34.58           C
ATOM   1841  SG  CYS D  22       9.650  68.451 -15.371  1.00 54.36           S
ATOM   1842  N   SER D  23       9.915  66.282 -18.703  1.00 34.27           N
ATOM   1843  CA  SER D  23       9.059  66.460 -19.859  1.00 42.72           C
```

```
ATOM   1844  C   SER D  23       7.582  66.345 -19.454  1.00 41.50           C
ATOM   1845  O   SER D  23       7.209  65.545 -18.582  1.00 29.92           O
ATOM   1846  CB  SER D  23       9.450  65.476 -20.954  1.00 34.92           C
ATOM   1847  OG  SER D  23       8.893  64.230 -20.677  1.00 50.39           O
ATOM   1848  N   GLY D  24       6.765  67.218 -20.037  1.00 36.33           N
ATOM   1849  CA  GLY D  24       5.336  67.237 -19.809  1.00 38.73           C
ATOM   1850  C   GLY D  24       4.600  67.510 -21.103  1.00 39.14           C
ATOM   1851  O   GLY D  24       4.942  66.945 -22.139  1.00 42.42           O
ATOM   1852  N   SER D  25       3.620  68.406 -21.078  1.00 36.67           N
ATOM   1853  CA  SER D  25       2.743  68.598 -22.221  1.00 39.25           C
ATOM   1854  C   SER D  25       2.382  70.072 -22.346  1.00 38.01           C
ATOM   1855  O   SER D  25       2.754  70.902 -21.506  1.00 33.82           O
ATOM   1856  CB  SER D  25       1.496  67.732 -22.067  1.00 41.16           C
ATOM   1857  OG  SER D  25       0.709  68.227 -20.994  1.00 50.29           O
ATOM   1858  N   SER D  26       1.657  70.404 -23.420  1.00 31.89           N
ATOM   1859  CA  SER D  26       1.329  71.809 -23.656  1.00 36.67           C
ATOM   1860  C   SER D  26       0.486  72.395 -22.527  1.00 38.14           C
ATOM   1861  O   SER D  26       0.548  73.600 -22.271  1.00 38.11           O
ATOM   1862  CB  SER D  26       0.624  71.976 -25.002  1.00 31.63           C
ATOM   1863  OG  SER D  26      -0.356  70.980 -25.146  1.00 53.99           O
ATOM   1864  N   SER D  27      -0.279  71.575 -21.818  1.00 33.81           N
ATOM   1865  CA  SER D  27      -1.109  72.150 -20.773  1.00 37.80           C
ATOM   1866  C   SER D  27      -0.387  72.281 -19.431  1.00 40.08           C
ATOM   1867  O   SER D  27      -0.954  72.862 -18.498  1.00 36.37           O
ATOM   1868  CB  SER D  27      -2.393  71.336 -20.608  1.00 31.40           C
ATOM   1869  OG  SER D  27      -2.088  70.014 -20.236  1.00 50.96           O
ATOM   1870  N   ASN D  28       0.839  71.765 -19.295  1.00 34.89           N
ATOM   1871  CA  ASN D  28       1.555  72.073 -18.068  1.00 33.57           C
ATOM   1872  C   ASN D  28       2.831  72.854 -18.389  1.00 34.78           C
ATOM   1873  O   ASN D  28       2.800  74.091 -18.405  1.00 36.75           O
ATOM   1874  CB  ASN D  28       1.817  70.808 -17.214  1.00 34.30           C
ATOM   1875  CG  ASN D  28       2.277  69.580 -18.027  1.00 34.72           C
ATOM   1876  OD1 ASN D  28       3.345  69.568 -18.641  1.00 33.73           O
ATOM   1877  ND2 ASN D  28       1.500  68.515 -17.949  1.00 35.11           N
ATOM   1878  N   ILE D  29       3.952  72.171 -18.633  1.00 33.54           N
ATOM   1879  CA  ILE D  29       5.218  72.866 -18.877  1.00 34.11           C
ATOM   1880  C   ILE D  29       5.107  73.810 -20.072  1.00 36.11           C
ATOM   1881  O   ILE D  29       5.691  74.897 -20.082  1.00 33.26           O
ATOM   1882  CB  ILE D  29       6.350  71.840 -19.063  1.00 33.30           C
ATOM   1883  CG1 ILE D  29       6.604  71.107 -17.741  1.00 32.39           C
ATOM   1884  CG2 ILE D  29       7.621  72.520 -19.555  1.00 25.88           C
ATOM   1885  CD1 ILE D  29       7.724  70.138 -17.806  1.00 36.95           C
ATOM   1886  N   GLY D  30       4.368  73.412 -21.103  1.00 38.51           N
ATOM   1887  CA  GLY D  30       4.274  74.237 -22.289  1.00 30.45           C
ATOM   1888  C   GLY D  30       3.608  75.580 -22.062  1.00 38.50           C
ATOM   1889  O   GLY D  30       3.763  76.475 -22.889  1.00 40.64           O
ATOM   1890  N   ASN D  31       2.836  75.744 -20.987  1.00 37.18           N
ATOM   1891  CA  ASN D  31       2.178  77.031 -20.815  1.00 37.16           C
ATOM   1892  C   ASN D  31       2.192  77.595 -19.395  1.00 36.18           C
ATOM   1893  O   ASN D  31       1.488  78.576 -19.137  1.00 42.11           O
ATOM   1894  CB  ASN D  31       0.731  76.942 -21.340  1.00 41.60           C
ATOM   1895  CG  ASN D  31       0.681  77.025 -22.867  1.00 53.09           C
ATOM   1896  OD1 ASN D  31       0.759  78.110 -23.442  1.00 63.01           O
ATOM   1897  ND2 ASN D  31       0.591  75.877 -23.525  1.00 45.20           N
ATOM   1898  N   ASN D  32       2.985  77.059 -18.471  1.00 38.29           N
ATOM   1899  CA  ASN D  32       3.026  77.622 -17.128  1.00 35.50           C
ATOM   1900  C   ASN D  32       4.467  77.757 -16.662  1.00 33.99           C
ATOM   1901  O   ASN D  32       5.394  77.247 -17.291  1.00 37.19           O
ATOM   1902  CB  ASN D  32       2.192  76.787 -16.158  1.00 29.83           C
ATOM   1903  CG  ASN D  32       0.731  76.754 -16.548  1.00 35.04           C
ATOM   1904  OD1 ASN D  32       0.003  77.720 -16.321  1.00 41.43           O
ATOM   1905  ND2 ASN D  32       0.299  75.657 -17.166  1.00 38.66           N
ATOM   1906  N   TYR D  33       4.647  78.497 -15.572  1.00 30.88           N
ATOM   1907  CA  TYR D  33       5.973  78.725 -15.020  1.00 31.61           C
ATOM   1908  C   TYR D  33       6.529  77.443 -14.422  1.00 39.01           C
ATOM   1909  O   TYR D  33       5.815  76.704 -13.751  1.00 35.01           O
ATOM   1910  CB  TYR D  33       5.925  79.804 -13.951  1.00 27.05           C
ATOM   1911  CG  TYR D  33       5.492  81.136 -14.476  1.00 32.55           C
ATOM   1912  CD1 TYR D  33       6.214  81.780 -15.478  1.00 29.14           C
ATOM   1913  CD2 TYR D  33       4.358  81.770 -13.965  1.00 38.90           C
ATOM   1914  CE1 TYR D  33       5.805  83.036 -15.967  1.00 36.47           C
```

```
ATOM   1915  CE2 TYR D  33       3.948  83.013 -14.438  1.00 33.42           C
ATOM   1916  CZ  TYR D  33       4.671  83.642 -15.438  1.00 37.47           C
ATOM   1917  OH  TYR D  33       4.246  84.866 -15.903  1.00 36.22           O
ATOM   1918  N   VAL D  34       7.821  77.195 -14.623  1.00 33.97           N
ATOM   1919  CA  VAL D  34       8.440  75.966 -14.138  1.00 32.04           C
ATOM   1920  C   VAL D  34       9.272  76.250 -12.896  1.00 31.06           C
ATOM   1921  O   VAL D  34       9.986  77.254 -12.832  1.00 32.29           O
ATOM   1922  CB  VAL D  34       9.292  75.308 -15.236  1.00 33.98           C
ATOM   1923  CG1 VAL D  34      10.002  74.100 -14.684  1.00 30.92           C
ATOM   1924  CG2 VAL D  34       8.407  74.884 -16.397  1.00 34.56           C
ATOM   1925  N   SER D  35       9.166  75.373 -11.896  1.00 31.29           N
ATOM   1926  CA  SER D  35       9.991  75.425 -10.697  1.00 30.60           C
ATOM   1927  C   SER D  35      10.791  74.134 -10.560  1.00 35.34           C
ATOM   1928  O   SER D  35      10.367  73.068 -11.017  1.00 31.50           O
ATOM   1929  CB  SER D  35       9.166  75.614  -9.423  1.00 26.83           C
ATOM   1930  OG  SER D  35       8.548  76.889  -9.407  1.00 31.37           O
ATOM   1931  N   TRP D  36      11.967  74.248  -9.938  1.00 31.19           N
ATOM   1932  CA  TRP D  36      12.774  73.104  -9.559  1.00 30.26           C
ATOM   1933  C   TRP D  36      12.996  73.142  -8.060  1.00 29.04           C
ATOM   1934  O   TRP D  36      13.286  74.196  -7.491  1.00 29.53           O
ATOM   1935  CB  TRP D  36      14.112  73.084 -10.274  1.00 25.90           C
ATOM   1936  CG  TRP D  36      14.009  72.705 -11.713  1.00 32.87           C
ATOM   1937  CD1 TRP D  36      13.867  73.552 -12.773  1.00 33.05           C
ATOM   1938  CD2 TRP D  36      14.049  71.383 -12.259  1.00 32.92           C
ATOM   1939  NE1 TRP D  36      13.812  72.835 -13.947  1.00 33.23           N
ATOM   1940  CE2 TRP D  36      13.941  71.505 -13.660  1.00 29.67           C
ATOM   1941  CE3 TRP D  36      14.187  70.108 -11.701  1.00 32.52           C
ATOM   1942  CZ2 TRP D  36      13.946  70.401 -14.512  1.00 32.64           C
ATOM   1943  CZ3 TRP D  36      14.185  69.012 -12.546  1.00 30.06           C
ATOM   1944  CH2 TRP D  36      14.058  69.166 -13.936  1.00 35.04           C
ATOM   1945  N   TYR D  37      12.874  71.982  -7.429  1.00 31.89           N
ATOM   1946  CA  TYR D  37      13.051  71.848  -5.995  1.00 29.68           C
ATOM   1947  C   TYR D  37      14.168  70.859  -5.693  1.00 36.72           C
ATOM   1948  O   TYR D  37      14.324  69.839  -6.383  1.00 33.31           O
ATOM   1949  CB  TYR D  37      11.735  71.417  -5.343  1.00 28.40           C
ATOM   1950  CG  TYR D  37      10.598  72.378  -5.659  1.00 30.46           C
ATOM   1951  CD1 TYR D  37      10.417  73.540  -4.921  1.00 27.52           C
ATOM   1952  CD2 TYR D  37       9.723  72.130  -6.719  1.00 29.85           C
ATOM   1953  CE1 TYR D  37       9.368  74.423  -5.219  1.00 32.37           C
ATOM   1954  CE2 TYR D  37       8.691  72.993  -7.019  1.00 27.34           C
ATOM   1955  CZ  TYR D  37       8.517  74.137  -6.271  1.00 30.55           C
ATOM   1956  OH  TYR D  37       7.495  74.995  -6.595  1.00 35.11           O
ATOM   1957  N   GLN D  38      14.938  71.174  -4.653  1.00 32.56           N
ATOM   1958  CA  GLN D  38      16.019  70.332  -4.174  1.00 30.13           C
ATOM   1959  C   GLN D  38      15.690  69.837  -2.770  1.00 33.68           C
ATOM   1960  O   GLN D  38      15.362  70.635  -1.880  1.00 31.93           O
ATOM   1961  CB  GLN D  38      17.349  71.102  -4.170  1.00 30.01           C
ATOM   1962  CG  GLN D  38      18.527  70.323  -3.564  1.00 28.04           C
ATOM   1963  CD  GLN D  38      19.729  71.214  -3.280  1.00 34.96           C
ATOM   1964  OE1 GLN D  38      19.664  72.147  -2.473  1.00 32.51           O
ATOM   1965  NE2 GLN D  38      20.828  70.944  -3.971  1.00 33.81           N
ATOM   1966  N   GLN D  39      15.790  68.528  -2.572  1.00 32.31           N
ATOM   1967  CA  GLN D  39      15.552  67.918  -1.266  1.00 38.47           C
ATOM   1968  C   GLN D  39      16.805  67.162  -0.843  1.00 33.22           C
ATOM   1969  O   GLN D  39      17.057  66.051  -1.324  1.00 33.95           O
ATOM   1970  CB  GLN D  39      14.336  67.001  -1.294  1.00 32.82           C
ATOM   1971  CG  GLN D  39      13.941  66.543   0.090  1.00 38.29           C
ATOM   1972  CD  GLN D  39      12.621  65.809   0.118  1.00 34.34           C
ATOM   1973  OE1 GLN D  39      12.221  65.165  -0.862  1.00 38.36           O
ATOM   1974  NE2 GLN D  39      11.909  65.942   1.236  1.00 30.94           N
ATOM   1975  N   LEU D  40      17.612  67.779   0.023  1.00 37.41           N
ATOM   1976  CA  LEU D  40      18.766  67.069   0.571  1.00 41.50           C
ATOM   1977  C   LEU D  40      18.281  65.913   1.450  1.00 44.75           C
ATOM   1978  O   LEU D  40      17.202  65.988   2.051  1.00 39.49           O
ATOM   1979  CB  LEU D  40      19.659  68.020   1.368  1.00 41.85           C
ATOM   1980  CG  LEU D  40      20.144  69.262   0.592  1.00 42.10           C
ATOM   1981  CD1 LEU D  40      20.614  70.363   1.515  1.00 38.12           C
ATOM   1982  CD2 LEU D  40      21.236  68.903  -0.380  1.00 31.04           C
ATOM   1983  N   PRO D  41      19.045  64.827   1.520  1.00 47.88           N
ATOM   1984  CA  PRO D  41      18.568  63.625   2.225  1.00 42.38           C
ATOM   1985  C   PRO D  41      18.152  63.935   3.656  1.00 45.34           C
```

```
ATOM   1986  O   PRO D  41      18.876  64.603   4.404  1.00 46.53           O
ATOM   1987  CB  PRO D  41      19.780  62.691   2.182  1.00 43.44           C
ATOM   1988  CG  PRO D  41      20.639  63.217   1.062  1.00 46.87           C
ATOM   1989  CD  PRO D  41      20.427  64.690   1.030  1.00 42.00           C
ATOM   1990  N   GLY D  42      16.963  63.459   4.029  1.00 38.47           N
ATOM   1991  CA  GLY D  42      16.400  63.729   5.346  1.00 39.47           C
ATOM   1992  C   GLY D  42      15.980  65.164   5.648  1.00 51.21           C
ATOM   1993  O   GLY D  42      15.801  65.501   6.822  1.00 48.36           O
ATOM   1994  N   THR D  43      15.793  66.022   4.642  1.00 44.85           N
ATOM   1995  CA  THR D  43      15.393  67.415   4.867  1.00 47.53           C
ATOM   1996  C   THR D  43      14.123  67.747   4.090  1.00 39.84           C
ATOM   1997  O   THR D  43      13.599  66.944   3.315  1.00 42.92           O
ATOM   1998  CB  THR D  43      16.503  68.414   4.475  1.00 45.75           C
ATOM   1999  OG1 THR D  43      16.602  68.488   3.045  1.00 36.10           O
ATOM   2000  CG2 THR D  43      17.857  67.992   5.056  1.00 41.52           C
ATOM   2001  N   ALA D  44      13.619  68.952   4.318  1.00 38.36           N
ATOM   2002  CA  ALA D  44      12.484  69.426   3.553  1.00 38.31           C
ATOM   2003  C   ALA D  44      12.916  69.799   2.137  1.00 39.83           C
ATOM   2004  O   ALA D  44      14.100  70.032   1.878  1.00 37.35           O
ATOM   2005  CB  ALA D  44      11.849  70.632   4.238  1.00 38.73           C
ATOM   2006  N   PRO D  45      11.977  69.838   1.194  1.00 36.33           N
ATOM   2007  CA  PRO D  45      12.277  70.462  -0.097  1.00 35.97           C
ATOM   2008  C   PRO D  45      12.678  71.911   0.121  1.00 33.44           C
ATOM   2009  O   PRO D  45      12.384  72.519   1.155  1.00 33.83           O
ATOM   2010  CB  PRO D  45      10.948  70.365  -0.872  1.00 28.82           C
ATOM   2011  CG  PRO D  45      10.265  69.198  -0.245  1.00 36.55           C
ATOM   2012  CD  PRO D  45      10.615  69.281   1.225  1.00 34.97           C
ATOM   2013  N   LYS D  46      13.362  72.460  -0.880  1.00 39.06           N
ATOM   2014  CA  LYS D  46      13.782  73.855  -0.903  1.00 35.89           C
ATOM   2015  C   LYS D  46      13.682  74.312  -2.350  1.00 36.30           C
ATOM   2016  O   LYS D  46      13.953  73.521  -3.262  1.00 37.16           O
ATOM   2017  CB  LYS D  46      15.212  73.986  -0.348  1.00 36.94           C
ATOM   2018  CG  LYS D  46      15.919  75.292  -0.569  1.00 43.26           C
ATOM   2019  CD  LYS D  46      17.430  75.058  -0.548  1.00 46.21           C
ATOM   2020  CE  LYS D  46      18.178  76.121   0.262  1.00 53.10           C
ATOM   2021  NZ  LYS D  46      19.663  75.960   0.110  1.00 59.22           N1+
ATOM   2022  N   LEU D  47      13.270  75.565  -2.569  1.00 31.33           N
ATOM   2023  CA  LEU D  47      13.200  76.086  -3.931  1.00 31.83           C
ATOM   2024  C   LEU D  47      14.601  76.299  -4.513  1.00 35.29           C
ATOM   2025  O   LEU D  47      15.454  76.963  -3.911  1.00 33.02           O
ATOM   2026  CB  LEU D  47      12.417  77.388  -3.962  1.00 26.35           C
ATOM   2027  CG  LEU D  47      12.230  78.066  -5.326  1.00 35.90           C
ATOM   2028  CD1 LEU D  47      11.484  77.183  -6.337  1.00 30.55           C
ATOM   2029  CD2 LEU D  47      11.508  79.411  -5.153  1.00 30.96           C
ATOM   2030  N   LEU D  48      14.837  75.725  -5.687  1.00 34.87           N
ATOM   2031  CA  LEU D  48      16.123  75.799  -6.374  1.00 37.46           C
ATOM   2032  C   LEU D  48      16.107  76.811  -7.513  1.00 33.53           C
ATOM   2033  O   LEU D  48      17.043  77.600  -7.660  1.00 38.96           O
ATOM   2034  CB  LEU D  48      16.516  74.416  -6.926  1.00 27.18           C
ATOM   2035  CG  LEU D  48      17.944  74.289  -7.452  1.00 28.56           C
ATOM   2036  CD1 LEU D  48      18.892  74.353  -6.289  1.00 32.28           C
ATOM   2037  CD2 LEU D  48      18.153  72.987  -8.196  1.00 32.35           C
ATOM   2038  N   LEU D  49      15.063  76.766  -8.334  1.00 29.89           N
ATOM   2039  CA  LEU D  49      14.871  77.609  -9.500  1.00 31.38           C
ATOM   2040  C   LEU D  49      13.383  77.885  -9.629  1.00 35.27           C
ATOM   2041  O   LEU D  49      12.563  76.964  -9.504  1.00 32.72           O
ATOM   2042  CB  LEU D  49      15.360  76.932 -10.789  1.00 28.28           C
ATOM   2043  CG  LEU D  49      16.848  76.621 -10.937  1.00 40.25           C
ATOM   2044  CD1 LEU D  49      17.100  75.739 -12.173  1.00 34.47           C
ATOM   2045  CD2 LEU D  49      17.642  77.943 -10.996  1.00 32.52           C
ATOM   2046  N   TYR D  50      13.031  79.136  -9.909  1.00 28.76           N
ATOM   2047  CA  TYR D  50      11.656  79.423 -10.287  1.00 31.24           C
ATOM   2048  C   TYR D  50      11.659  80.149 -11.622  1.00 31.13           C
ATOM   2049  O   TYR D  50      12.697  80.634 -12.077  1.00 32.85           O
ATOM   2050  CB  TYR D  50      10.923  80.211  -9.196  1.00 30.09           C
ATOM   2051  CG  TYR D  50      11.519  81.554  -8.869  1.00 27.45           C
ATOM   2052  CD1 TYR D  50      12.726  81.672  -8.163  1.00 31.73           C
ATOM   2053  CD2 TYR D  50      10.859  82.708  -9.238  1.00 29.79           C
ATOM   2054  CE1 TYR D  50      13.253  82.920  -7.843  1.00 34.25           C
ATOM   2055  CE2 TYR D  50      11.366  83.964  -8.921  1.00 36.09           C
ATOM   2056  CZ  TYR D  50      12.546  84.072  -8.229  1.00 36.80           C
```

```
ATOM   2057  OH  TYR D  50      12.995  85.340  -7.954  1.00 34.65           O
ATOM   2058  N   ASP D  51      10.487  80.198 -12.260  1.00 33.46           N
ATOM   2059  CA  ASP D  51      10.371  80.678 -13.638  1.00 34.13           C
ATOM   2060  C   ASP D  51      11.474  80.078 -14.517  1.00 35.70           C
ATOM   2061  O   ASP D  51      12.269  80.788 -15.139  1.00 32.50           O
ATOM   2062  CB  ASP D  51      10.410  82.199 -13.683  1.00 33.19           C
ATOM   2063  CG  ASP D  51      10.091  82.738 -15.053  1.00 36.53           C
ATOM   2064  OD1 ASP D  51       9.413  82.007 -15.813  1.00 37.05           O
ATOM   2065  OD2 ASP D  51      10.507  83.882 -15.361  1.00 36.34           O1-
ATOM   2066  N   SER D  52      11.565  78.745 -14.494  1.00 35.41           N
ATOM   2067  CA  SER D  52      12.525  77.980 -15.295  1.00 35.10           C
ATOM   2068  C   SER D  52      13.986  78.153 -14.884  1.00 34.26           C
ATOM   2069  O   SER D  52      14.730  77.167 -14.836  1.00 34.09           O
ATOM   2070  CB  SER D  52      12.393  78.333 -16.779  1.00 29.40           C
ATOM   2071  OG  SER D  52      11.152  77.892 -17.275  1.00 42.15           O
ATOM   2072  N   ASN D  53      14.437  79.386 -14.628  1.00 32.85           N
ATOM   2073  CA  ASN D  53      15.878  79.558 -14.463  1.00 32.56           C
ATOM   2074  C   ASN D  53      16.290  80.660 -13.495  1.00 34.70           C
ATOM   2075  O   ASN D  53      17.467  81.027 -13.485  1.00 34.38           O
ATOM   2076  CB  ASN D  53      16.536  79.814 -15.804  1.00 29.46           C
ATOM   2077  CG  ASN D  53      16.066  81.113 -16.443  1.00 40.20           C
ATOM   2078  OD1 ASN D  53      15.192  81.817 -15.918  1.00 32.59           O
ATOM   2079  ND2 ASN D  53      16.652  81.440 -17.583  1.00 37.64           N
ATOM   2080  N   LYS D  54      15.391  81.191 -12.677  1.00 36.81           N
ATOM   2081  CA  LYS D  54      15.761  82.209 -11.713  1.00 29.79           C
ATOM   2082  C   LYS D  54      16.163  81.540 -10.408  1.00 35.07           C
ATOM   2083  O   LYS D  54      15.433  80.686  -9.887  1.00 34.40           O
ATOM   2084  CB  LYS D  54      14.601  83.166 -11.469  1.00 34.19           C
ATOM   2085  CG  LYS D  54      14.979  84.334 -10.607  1.00 39.09           C
ATOM   2086  CD  LYS D  54      15.984  85.215 -11.319  1.00 36.81           C
ATOM   2087  CE  LYS D  54      16.480  86.282 -10.370  1.00 39.74           C
ATOM   2088  NZ  LYS D  54      17.279  87.308 -11.098  1.00 49.26           N1+
ATOM   2089  N   ARG D  55      17.318  81.924  -9.890  1.00 38.57           N
ATOM   2090  C   ARG D  55      17.333  82.285  -7.476  1.00 39.73           C
ATOM   2091  O   ARG D  55      17.511  83.503  -7.533  1.00 41.35           O
ATOM   2092  CA AARG D  55      17.814  81.402  -8.621  0.50 38.68           C
ATOM   2093  CB AARG D  55      19.341  81.344  -8.605  0.50 37.77           C
ATOM   2094  CG AARG D  55      19.958  80.202  -9.404  0.50 40.11           C
ATOM   2095  CD AARG D  55      21.494  80.251  -9.387  0.50 40.35           C
ATOM   2096  NE AARG D  55      22.017  81.378 -10.159  0.50 39.90           N
ATOM   2097  CZ AARG D  55      22.738  82.377  -9.659  0.50 39.21           C
ATOM   2098  NH1AARG D  55      23.141  83.349 -10.459  0.50 39.24           N1+
ATOM   2099  NH2AARG D  55      23.060  82.406  -8.369  0.50 34.82           N
ATOM   2100  CA BARG D  55      17.803  81.399  -8.621  0.50 38.68           C
ATOM   2101  CB BARG D  55      19.324  81.321  -8.607  0.50 37.74           C
ATOM   2102  CG BARG D  55      19.902  80.435  -9.684  0.50 40.11           C
ATOM   2103  CD BARG D  55      21.390  80.690  -9.875  0.50 41.27           C
ATOM   2104  NE BARG D  55      21.881  80.029 -11.080  0.50 44.29           N
ATOM   2105  CZ BARG D  55      21.979  80.606 -12.275  0.50 41.10           C
ATOM   2106  NH1BARG D  55      21.632  81.878 -12.448  0.50 43.98           N1+
ATOM   2107  NH2BARG D  55      22.436  79.903 -13.299  0.50 37.99           N
ATOM   2108  N   PRO D  56      16.709  81.722  -6.444  1.00 42.43           N
ATOM   2109  CA  PRO D  56      16.550  82.476  -5.202  1.00 39.14           C
ATOM   2110  C   PRO D  56      17.937  82.781  -4.673  1.00 39.14           C
ATOM   2111  O   PRO D  56      18.921  82.132  -5.037  1.00 39.24           O
ATOM   2112  CB  PRO D  56      15.800  81.513  -4.264  1.00 40.40           C
ATOM   2113  CG  PRO D  56      15.350  80.384  -5.079  1.00 36.67           C
ATOM   2114  CD  PRO D  56      16.195  80.347  -6.344  1.00 38.20           C
ATOM   2115  N   SER D  57      18.025  83.787  -3.819  1.00 38.52           N
ATOM   2116  CA  SER D  57      19.326  84.087  -3.245  1.00 45.88           C
ATOM   2117  C   SER D  57      19.760  82.911  -2.381  1.00 44.76           C
ATOM   2118  O   SER D  57      18.928  82.206  -1.807  1.00 46.46           O
ATOM   2119  CB  SER D  57      19.282  85.384  -2.441  1.00 45.60           C
ATOM   2120  OG  SER D  57      18.126  85.430  -1.652  1.00 61.35           O
ATOM   2121  N   GLY D  58      21.056  82.630  -2.375  1.00 45.80           N
ATOM   2122  CA  GLY D  58      21.558  81.468  -1.677  1.00 38.95           C
ATOM   2123  C   GLY D  58      21.780  80.253  -2.549  1.00 45.79           C
ATOM   2124  O   GLY D  58      22.406  79.290  -2.093  1.00 50.05           O
ATOM   2125  N   ILE D  59      21.280  80.246  -3.777  1.00 44.59           N
ATOM   2126  CA  ILE D  59      21.479  79.123  -4.684  1.00 37.66           C
ATOM   2127  C   ILE D  59      22.682  79.446  -5.571  1.00 42.15           C
```

```
ATOM   2128  O   ILE D  59      22.645  80.454  -6.294  1.00 41.34           O
ATOM   2129  CB  ILE D  59      20.232  78.831  -5.528  1.00 40.49           C
ATOM   2130  CG1 ILE D  59      19.045  78.500  -4.616  1.00 37.44           C
ATOM   2131  CG2 ILE D  59      20.527  77.690  -6.542  1.00 36.08           C
ATOM   2132  CD1 ILE D  59      19.273  77.277  -3.723  1.00 34.90           C
ATOM   2133  N   PRO D  60      23.724  78.612  -5.571  1.00 38.05           N
ATOM   2134  CA  PRO D  60      24.938  78.914  -6.342  1.00 42.90           C
ATOM   2135  C   PRO D  60      24.666  78.936  -7.835  1.00 40.36           C
ATOM   2136  O   PRO D  60      23.778  78.245  -8.333  1.00 40.44           O
ATOM   2137  CB  PRO D  60      25.888  77.754  -5.990  1.00 43.52           C
ATOM   2138  CG  PRO D  60      25.222  76.963  -4.934  1.00 44.09           C
ATOM   2139  CD  PRO D  60      23.756  77.268  -4.984  1.00 41.65           C
ATOM   2140  N   ALA D  61      25.495  79.695  -8.557  1.00 38.15           N
ATOM   2141  CA  ALA D  61      25.351  79.835 -10.003  1.00 46.92           C
ATOM   2142  C   ALA D  61      25.639  78.546 -10.780  1.00 41.95           C
ATOM   2143  O   ALA D  61      25.376  78.501 -11.990  1.00 41.08           O
ATOM   2144  CB  ALA D  61      26.268  80.955 -10.507  1.00 37.90           C
ATOM   2145  N   ARG D  62      26.167  77.501 -10.144  1.00 40.02           N
ATOM   2146  CA  ARG D  62      26.364  76.277 -10.909  1.00 39.12           C
ATOM   2147  C   ARG D  62      25.061  75.511 -11.136  1.00 41.84           C
ATOM   2148  O   ARG D  62      25.060  74.529 -11.894  1.00 38.44           O
ATOM   2149  CB  ARG D  62      27.411  75.384 -10.240  1.00 40.13           C
ATOM   2150  CG  ARG D  62      27.061  74.940  -8.830  1.00 51.16           C
ATOM   2151  CD  ARG D  62      28.110  73.962  -8.276  1.00 54.07           C
ATOM   2152  NE  ARG D  62      27.617  73.327  -7.065  1.00 42.44           N
ATOM   2153  CZ  ARG D  62      27.632  73.937  -5.888  1.00 48.82           C
ATOM   2154  NH1 ARG D  62      28.139  75.165  -5.790  1.00 55.75           N1+
ATOM   2155  NH2 ARG D  62      27.145  73.336  -4.819  1.00 44.87           N
ATOM   2156  N   PHE D  63      23.959  75.946 -10.518  1.00 35.81           N
ATOM   2157  CA  PHE D  63      22.630  75.461 -10.857  1.00 36.89           C
ATOM   2158  C   PHE D  63      22.032  76.381 -11.914  1.00 41.20           C
ATOM   2159  O   PHE D  63      22.021  77.610 -11.749  1.00 39.30           O
ATOM   2160  CB  PHE D  63      21.724  75.420  -9.622  1.00 36.15           C
ATOM   2161  CG  PHE D  63      22.177  74.455  -8.550  1.00 35.88           C
ATOM   2162  CD1 PHE D  63      23.020  74.870  -7.539  1.00 36.00           C
ATOM   2163  CD2 PHE D  63      21.747  73.132  -8.556  1.00 38.64           C
ATOM   2164  CE1 PHE D  63      23.443  73.983  -6.550  1.00 43.00           C
ATOM   2165  CE2 PHE D  63      22.165  72.239  -7.572  1.00 37.52           C
ATOM   2166  CZ  PHE D  63      23.013  72.664  -6.565  1.00 36.44           C
ATOM   2167  N   SER D  64      21.548  75.795 -13.005  1.00 35.81           N
ATOM   2168  CA  SER D  64      20.854  76.595 -14.008  1.00 37.12           C
ATOM   2169  C   SER D  64      19.753  75.760 -14.648  1.00 38.07           C
ATOM   2170  O   SER D  64      19.691  74.529 -14.505  1.00 38.30           O
ATOM   2171  CB  SER D  64      21.812  77.151 -15.076  1.00 31.57           C
ATOM   2172  OG  SER D  64      22.505  76.104 -15.730  1.00 44.67           O
ATOM   2173  N   GLY D  65      18.868  76.454 -15.349  1.00 34.85           N
ATOM   2174  CA  GLY D  65      17.712  75.817 -15.927  1.00 38.26           C
ATOM   2175  C   GLY D  65      17.422  76.371 -17.302  1.00 40.50           C
ATOM   2176  O   GLY D  65      17.829  77.479 -17.661  1.00 39.25           O
ATOM   2177  N   SER D  66      16.706  75.570 -18.071  1.00 33.85           N
ATOM   2178  CA  SER D  66      16.204  76.050 -19.344  1.00 35.96           C
ATOM   2179  C   SER D  66      14.865  75.386 -19.584  1.00 39.56           C
ATOM   2180  O   SER D  66      14.493  74.412 -18.914  1.00 36.55           O
ATOM   2181  CB  SER D  66      17.164  75.765 -20.490  1.00 36.16           C
ATOM   2182  OG  SER D  66      17.463  74.379 -20.517  1.00 43.70           O
ATOM   2183  N   LYS D  67      14.132  75.959 -20.522  1.00 31.53           N
ATOM   2184  CA  LYS D  67      12.820  75.482 -20.896  1.00 33.07           C
ATOM   2185  C   LYS D  67      12.746  75.549 -22.407  1.00 38.33           C
ATOM   2186  O   LYS D  67      13.238  76.494 -23.014  1.00 43.23           O
ATOM   2187  CB  LYS D  67      11.690  76.313 -20.249  1.00 32.47           C
ATOM   2188  CG  LYS D  67      10.269  75.914 -20.705  1.00 28.80           C
ATOM   2189  CD  LYS D  67       9.194  76.736 -20.001  1.00 35.59           C
ATOM   2190  CE  LYS D  67       7.890  76.733 -20.788  1.00 45.34           C
ATOM   2191  NZ  LYS D  67       6.693  77.312 -20.018  1.00 45.74           N1+
ATOM   2192  N   SER D  68      12.175  74.523 -23.008  1.00 40.72           N
ATOM   2193  CA  SER D  68      11.983  74.502 -24.446  1.00 40.77           C
ATOM   2194  C   SER D  68      10.705  73.722 -24.702  1.00 40.33           C
ATOM   2195  O   SER D  68      10.665  72.518 -24.439  1.00 41.36           O
ATOM   2196  CB  SER D  68      13.179  73.866 -25.139  1.00 44.26           C
ATOM   2197  OG  SER D  68      12.935  73.761 -26.526  1.00 55.67           O
ATOM   2198  N   GLY D  69       9.655  74.408 -25.145  1.00 37.35           N
```

```
ATOM   2199  CA  GLY D  69       8.413  73.715 -25.466  1.00 34.14           C
ATOM   2200  C   GLY D  69       7.800  73.055 -24.242  1.00 37.93           C
ATOM   2201  O   GLY D  69       7.543  73.700 -23.220  1.00 34.02           O
ATOM   2202  N   THR D  70       7.592  71.738 -24.310  1.00 38.48           N
ATOM   2203  CA  THR D  70       6.956  71.011 -23.219  1.00 38.13           C
ATOM   2204  C   THR D  70       7.967  70.318 -22.304  1.00 39.79           C
ATOM   2205  O   THR D  70       7.590  69.416 -21.549  1.00 40.93           O
ATOM   2206  CB  THR D  70       5.968  69.982 -23.771  1.00 37.94           C
ATOM   2207  OG1 THR D  70       6.672  69.053 -24.608  1.00 38.51           O
ATOM   2208  CG2 THR D  70       4.899  70.665 -24.571  1.00 27.17           C
ATOM   2209  N   SER D  71       9.240  70.702 -22.357  1.00 32.96           N
ATOM   2210  CA  SER D  71      10.202  70.129 -21.431  1.00 40.52           C
ATOM   2211  C   SER D  71      11.091  71.219 -20.853  1.00 36.32           C
ATOM   2212  O   SER D  71      11.231  72.312 -21.411  1.00 44.52           O
ATOM   2213  CB  SER D  71      11.049  69.031 -22.089  1.00 48.49           C
ATOM   2214  OG  SER D  71      11.991  69.599 -22.976  1.00 58.32           O
ATOM   2215  N   ALA D  72      11.645  70.915 -19.686  1.00 31.74           N
ATOM   2216  CA  ALA D  72      12.519  71.800 -18.942  1.00 32.67           C
ATOM   2217  C   ALA D  72      13.688  70.976 -18.443  1.00 37.05           C
ATOM   2218  O   ALA D  72      13.541  69.784 -18.161  1.00 35.94           O
ATOM   2219  CB  ALA D  72      11.796  72.461 -17.758  1.00 29.67           C
ATOM   2220  N   THR D  73      14.861  71.594 -18.349  1.00 33.25           N
ATOM   2221  CA  THR D  73      15.969  70.834 -17.809  1.00 33.69           C
ATOM   2222  C   THR D  73      16.765  71.667 -16.813  1.00 36.67           C
ATOM   2223  O   THR D  73      16.912  72.886 -16.951  1.00 37.39           O
ATOM   2224  CB  THR D  73      16.875  70.239 -18.916  1.00 40.87           C
ATOM   2225  OG1 THR D  73      18.214  70.724 -18.799  1.00 48.32           O
ATOM   2226  CG2 THR D  73      16.335  70.483 -20.289  1.00 31.17           C
ATOM   2227  N   LEU D  74      17.224  70.979 -15.775  1.00 36.18           N
ATOM   2228  CA  LEU D  74      18.084  71.536 -14.749  1.00 40.71           C
ATOM   2229  C   LEU D  74      19.514  71.068 -15.005  1.00 39.16           C
ATOM   2230  O   LEU D  74      19.747  69.887 -15.269  1.00 36.86           O
ATOM   2231  CB  LEU D  74      17.597  71.088 -13.375  1.00 32.52           C
ATOM   2232  CG  LEU D  74      18.632  71.088 -12.262  1.00 33.76           C
ATOM   2233  CD1 LEU D  74      18.979  72.495 -11.837  1.00 34.80           C
ATOM   2234  CD2 LEU D  74      18.078  70.285 -11.105  1.00 28.46           C
ATOM   2235  N   GLY D  75      20.456  71.992 -14.964  1.00 39.23           N
ATOM   2236  CA  GLY D  75      21.861  71.676 -15.155  1.00 34.28           C
ATOM   2237  C   GLY D  75      22.643  71.975 -13.891  1.00 35.73           C
ATOM   2238  O   GLY D  75      22.380  72.971 -13.212  1.00 31.27           O
ATOM   2239  N   ILE D  76      23.572  71.083 -13.555  1.00 37.91           N
ATOM   2240  CA  ILE D  76      24.460  71.270 -12.416  1.00 37.96           C
ATOM   2241  C   ILE D  76      25.880  71.043 -12.900  1.00 44.61           C
ATOM   2242  O   ILE D  76      26.245  69.912 -13.243  1.00 45.05           O
ATOM   2243  CB  ILE D  76      24.132  70.324 -11.259  1.00 37.47           C
ATOM   2244  CG1 ILE D  76      22.612  70.258 -11.056  1.00 38.58           C
ATOM   2245  CG2 ILE D  76      24.842  70.801 -10.019  1.00 34.75           C
ATOM   2246  CD1 ILE D  76      22.182  69.396  -9.926  1.00 35.25           C
ATOM   2247  N   THR D  77      26.684  72.103 -12.916  1.00 41.92           N
ATOM   2248  CA  THR D  77      28.105  72.001 -13.217  1.00 45.22           C
ATOM   2249  C   THR D  77      28.911  71.995 -11.922  1.00 49.05           C
ATOM   2250  O   THR D  77      28.433  72.413 -10.863  1.00 46.09           O
ATOM   2251  CB  THR D  77      28.570  73.156 -14.111  1.00 45.74           C
ATOM   2252  OG1 THR D  77      28.494  74.389 -13.383  1.00 45.10           O
ATOM   2253  CG2 THR D  77      27.707  73.246 -15.356  1.00 41.50           C
ATOM   2254  N   GLY D  78      30.136  71.474 -12.015  1.00 50.10           N
ATOM   2255  CA  GLY D  78      31.054  71.450 -10.893  1.00 40.32           C
ATOM   2256  C   GLY D  78      30.509  70.763  -9.660  1.00 47.60           C
ATOM   2257  O   GLY D  78      30.599  71.321  -8.562  1.00 46.13           O
ATOM   2258  N   LEU D  79      29.977  69.545  -9.822  1.00 44.28           N
ATOM   2259  CA  LEU D  79      29.291  68.851  -8.735  1.00 41.62           C
ATOM   2260  C   LEU D  79      30.097  68.875  -7.445  1.00 41.28           C
ATOM   2261  O   LEU D  79      31.306  68.625  -7.445  1.00 43.99           O
ATOM   2262  CB  LEU D  79      29.044  67.391  -9.108  1.00 44.54           C
ATOM   2263  CG  LEU D  79      27.718  66.829  -9.591  1.00 41.80           C
ATOM   2264  CD1 LEU D  79      26.548  67.743  -9.317  1.00 41.01           C
ATOM   2265  CD2 LEU D  79      27.807  66.456 -11.048  1.00 48.29           C
ATOM   2266  N   GLN D  80      29.407  69.147  -6.341  1.00 38.12           N
ATOM   2267  CA  GLN D  80      29.955  69.025  -5.000  1.00 37.63           C
ATOM   2268  C   GLN D  80      29.166  67.992  -4.207  1.00 39.83           C
ATOM   2269  O   GLN D  80      27.975  67.771  -4.461  1.00 44.36           O
```

```
ATOM   2270  CB  GLN D  80      29.925  70.349  -4.277  1.00 35.93           C
ATOM   2271  CG  GLN D  80      30.598  71.424  -5.072  1.00 44.41           C
ATOM   2272  CD  GLN D  80      30.602  72.746  -4.351  1.00 48.07           C
ATOM   2273  OE1 GLN D  80      30.141  72.848  -3.211  1.00 51.38           O
ATOM   2274  NE2 GLN D  80      31.108  73.778  -5.018  1.00 49.68           N
ATOM   2275  N   THR D  81      29.838  67.362  -3.236  1.00 39.23           N
ATOM   2276  CA  THR D  81      29.185  66.313  -2.459  1.00 43.43           C
ATOM   2277  C   THR D  81      27.905  66.827  -1.825  1.00 38.49           C
ATOM   2278  O   THR D  81      26.949  66.066  -1.660  1.00 43.22           O
ATOM   2279  CB  THR D  81      30.122  65.740  -1.386  1.00 33.08           C
ATOM   2280  OG1 THR D  81      30.589  66.796  -0.558  1.00 47.69           O
ATOM   2281  CG2 THR D  81      31.307  65.035  -2.020  1.00 35.64           C
ATOM   2282  N   GLY D  82      27.859  68.112  -1.498  1.00 35.25           N
ATOM   2283  CA  GLY D  82      26.664  68.722  -0.952  1.00 40.04           C
ATOM   2284  C   GLY D  82      25.510  68.895  -1.929  1.00 38.60           C
ATOM   2285  O   GLY D  82      24.437  69.339  -1.510  1.00 35.12           O
ATOM   2286  N   ASP D  83      25.694  68.543  -3.200  1.00 33.43           N
ATOM   2287  CA  ASP D  83      24.619  68.564  -4.179  1.00 37.84           C
ATOM   2288  C   ASP D  83      23.834  67.251  -4.245  1.00 43.45           C
ATOM   2289  O   ASP D  83      22.814  67.191  -4.957  1.00 40.21           O
ATOM   2290  CB  ASP D  83      25.181  68.882  -5.566  1.00 33.25           C
ATOM   2291  CG  ASP D  83      25.971  70.173  -5.593  1.00 42.35           C
ATOM   2292  OD1 ASP D  83      25.680  71.085  -4.788  1.00 36.88           O
ATOM   2293  OD2 ASP D  83      26.882  70.284  -6.440  1.00 44.43           O1-
ATOM   2294  N   GLU D  84      24.310  66.192  -3.577  1.00 37.08           N
ATOM   2295  CA  GLU D  84      23.578  64.931  -3.529  1.00 38.14           C
ATOM   2296  C   GLU D  84      22.192  65.159  -2.929  1.00 37.73           C
ATOM   2297  O   GLU D  84      22.075  65.642  -1.800  1.00 36.95           O
ATOM   2298  CB  GLU D  84      24.359  63.904  -2.708  1.00 33.68           C
ATOM   2299  CG  GLU D  84      23.683  62.544  -2.653  1.00 41.33           C
ATOM   2300  CD  GLU D  84      24.682  61.389  -2.458  1.00 46.09           C
ATOM   2301  OE1 GLU D  84      24.374  60.429  -1.716  1.00 49.48           O
ATOM   2302  OE2 GLU D  84      25.766  61.427  -3.078  1.00 45.22           O1-
ATOM   2303  N   ALA D  85      21.146  64.836  -3.688  1.00 31.07           N
ATOM   2304  CA  ALA D  85      19.786  65.206  -3.298  1.00 29.56           C
ATOM   2305  C   ALA D  85      18.818  64.596  -4.293  1.00 32.77           C
ATOM   2306  O   ALA D  85      19.218  64.022  -5.314  1.00 32.03           O
ATOM   2307  CB  ALA D  85      19.590  66.729  -3.227  1.00 30.06           C
ATOM   2308  N   ASP D  86      17.531  64.697  -3.959  1.00 30.95           N
ATOM   2309  CA  ASP D  86      16.457  64.474  -4.921  1.00 30.44           C
ATOM   2310  C   ASP D  86      16.015  65.817  -5.481  1.00 33.26           C
ATOM   2311  O   ASP D  86      15.958  66.816  -4.752  1.00 29.91           O
ATOM   2312  CB  ASP D  86      15.261  63.780  -4.283  1.00 36.23           C
ATOM   2313  CG  ASP D  86      15.600  62.414  -3.757  1.00 39.79           C
ATOM   2314  OD1 ASP D  86      16.287  61.640  -4.460  1.00 49.35           O
ATOM   2315  OD2 ASP D  86      15.202  62.134  -2.620  1.00 52.11           O1-
ATOM   2316  N   TYR D  87      15.723  65.834  -6.775  1.00 28.24           N
ATOM   2317  CA  TYR D  87      15.349  67.045  -7.481  1.00 30.37           C
ATOM   2318  C   TYR D  87      13.993  66.832  -8.116  1.00 30.53           C
ATOM   2319  O   TYR D  87      13.736  65.781  -8.716  1.00 31.12           O
ATOM   2320  CB  TYR D  87      16.407  67.425  -8.550  1.00 31.35           C
ATOM   2321  CG  TYR D  87      17.707  67.860  -7.930  1.00 28.53           C
ATOM   2322  CD2 TYR D  87      18.711  66.933  -7.628  1.00 29.65           C
ATOM   2323  CD1 TYR D  87      17.919  69.192  -7.596  1.00 30.97           C
ATOM   2324  CE2 TYR D  87      19.913  67.350  -7.040  1.00 36.12           C
ATOM   2325  CE1 TYR D  87      19.110  69.620  -6.999  1.00 32.34           C
ATOM   2326  CZ  TYR D  87      20.101  68.700  -6.728  1.00 36.00           C
ATOM   2327  OH  TYR D  87      21.261  69.124  -6.123  1.00 36.35           O
ATOM   2328  N   TYR D  88      13.130  67.833  -7.986  1.00 31.77           N
ATOM   2329  CA  TYR D  88      11.763  67.756  -8.495  1.00 30.69           C
ATOM   2330  C   TYR D  88      11.442  68.977  -9.350  1.00 33.16           C
ATOM   2331  O   TYR D  88      11.697  70.123  -8.943  1.00 27.49           O
ATOM   2332  CB  TYR D  88      10.755  67.662  -7.330  1.00 28.47           C
ATOM   2333  CG  TYR D  88      10.863  66.418  -6.469  1.00 32.12           C
ATOM   2334  CD1 TYR D  88      10.157  65.254  -6.797  1.00 33.44           C
ATOM   2335  CD2 TYR D  88      11.639  66.407  -5.312  1.00 35.30           C
ATOM   2336  CE1 TYR D  88      10.246  64.107  -6.011  1.00 33.26           C
ATOM   2337  CE2 TYR D  88      11.735  65.256  -4.505  1.00 28.88           C
ATOM   2338  CZ  TYR D  88      11.038  64.121  -4.860  1.00 35.12           C
ATOM   2339  OH  TYR D  88      11.138  63.001  -4.067  1.00 41.20           O
ATOM   2340  N   CYS D  89      10.860  68.743 -10.520  1.00 29.10           N
```

```
ATOM   2341  CA  CYS D  89      10.217  69.855 -11.206  1.00 33.19           C
ATOM   2342  C   CYS D  89       8.723  69.907 -10.850  1.00 37.48           C
ATOM   2343  O   CYS D  89       8.110  68.906 -10.450  1.00 33.89           O
ATOM   2344  CB  CYS D  89      10.397  69.751 -12.722  1.00 35.57           C
ATOM   2345  SG  CYS D  89       9.788  68.160 -13.353  1.00 50.43           S
ATOM   2346  N   GLY D  90       8.153  71.103 -10.985  1.00 35.51           N
ATOM   2347  CA  GLY D  90       6.747  71.329 -10.696  1.00 31.51           C
ATOM   2348  C   GLY D  90       6.184  72.474 -11.510  1.00 32.91           C
ATOM   2349  O   GLY D  90       6.886  73.440 -11.821  1.00 37.81           O
ATOM   2350  N   THR D  91       4.905  72.347 -11.876  1.00 29.44           N
ATOM   2351  CA  THR D  91       4.112  73.391 -12.523  1.00 35.31           C
ATOM   2352  C   THR D  91       2.648  73.192 -12.187  1.00 34.83           C
ATOM   2353  O   THR D  91       2.252  72.229 -11.533  1.00 31.62           O
ATOM   2354  CB  THR D  91       4.039  73.364 -14.063  1.00 36.67           C
ATOM   2355  OG1 THR D  91       4.722  72.256 -14.635  1.00 42.40           O
ATOM   2356  CG2 THR D  91       4.377  74.637 -14.683  1.00 25.98           C
ATOM   2357  N   TRP D  92       1.845  74.047 -12.800  1.00 33.75           N
ATOM   2358  CA  TRP D  92       0.422  73.882 -12.929  1.00 32.47           C
ATOM   2359  C   TRP D  92       0.088  73.103 -14.202  1.00 34.81           C
ATOM   2360  O   TRP D  92       0.757  73.209 -15.235  1.00 30.64           O
ATOM   2361  CB  TRP D  92      -0.234  75.251 -12.956  1.00 33.91           C
ATOM   2362  CG  TRP D  92      -1.719  75.251 -12.940  1.00 35.91           C
ATOM   2363  CD1 TRP D  92      -2.553  75.591 -13.969  1.00 31.74           C
ATOM   2364  CD2 TRP D  92      -2.557  74.949 -11.818  1.00 34.97           C
ATOM   2365  NE1 TRP D  92      -3.860  75.519 -13.554  1.00 37.78           N
ATOM   2366  CE2 TRP D  92      -3.893  75.127 -12.238  1.00 39.89           C
ATOM   2367  CE3 TRP D  92      -2.308  74.567 -10.494  1.00 27.09           C
ATOM   2368  CZ2 TRP D  92      -4.979  74.921 -11.380  1.00 36.03           C
ATOM   2369  CZ3 TRP D  92      -3.384  74.357  -9.643  1.00 35.46           C
ATOM   2370  CH2 TRP D  92      -4.706  74.542 -10.087  1.00 35.32           C
ATOM   2371  N   ASP D  93      -0.943  72.296 -14.109  1.00 32.62           N
ATOM   2372  CA  ASP D  93      -1.540  71.671 -15.277  1.00 38.27           C
ATOM   2373  C   ASP D  93      -2.925  72.275 -15.476  1.00 37.51           C
ATOM   2374  O   ASP D  93      -3.809  72.089 -14.634  1.00 39.63           O
ATOM   2375  CB  ASP D  93      -1.609  70.162 -15.121  1.00 37.98           C
ATOM   2376  CG  ASP D  93      -2.016  69.490 -16.396  1.00 37.56           C
ATOM   2377  OD1 ASP D  93      -3.109  69.827 -16.919  1.00 38.96           O1-
ATOM   2378  OD2 ASP D  93      -1.226  68.659 -16.884  1.00 37.13           O
ATOM   2379  N   SER D  94      -3.094  73.010 -16.583  1.00 40.55           N
ATOM   2380  CA  SER D  94      -4.324  73.756 -16.838  1.00 43.35           C
ATOM   2381  C   SER D  94      -5.502  72.843 -17.132  1.00 41.15           C
ATOM   2382  O   SER D  94      -6.643  73.204 -16.848  1.00 47.84           O
ATOM   2383  CB  SER D  94      -4.124  74.716 -18.009  1.00 37.93           C
ATOM   2384  OG  SER D  94      -3.093  75.653 -17.720  1.00 50.29           O
ATOM   2385  N   SER D  95      -5.261  71.659 -17.656  1.00 39.23           N
ATOM   2386  CA  SER D  95      -6.392  70.814 -17.991  1.00 45.37           C
ATOM   2387  C   SER D  95      -6.795  69.916 -16.843  1.00 44.47           C
ATOM   2388  O   SER D  95      -7.981  69.617 -16.704  1.00 52.00           O
ATOM   2389  CB  SER D  95      -6.084  69.960 -19.223  1.00 44.25           C
ATOM   2390  OG  SER D  95      -5.390  68.785 -18.856  1.00 58.75           O
ATOM   2391  N   LEU D  96      -5.845  69.487 -16.012  1.00 43.88           N
ATOM   2392  CA  LEU D  96      -6.173  68.775 -14.780  1.00 37.73           C
ATOM   2393  C   LEU D  96      -6.491  69.723 -13.621  1.00 36.61           C
ATOM   2394  O   LEU D  96      -6.885  69.255 -12.550  1.00 38.29           O
ATOM   2395  CB  LEU D  96      -5.019  67.839 -14.391  1.00 41.42           C
ATOM   2396  CG  LEU D  96      -4.577  66.750 -15.380  1.00 39.10           C
ATOM   2397  CD1 LEU D  96      -3.261  66.160 -14.963  1.00 34.94           C
ATOM   2398  CD2 LEU D  96      -5.612  65.640 -15.506  1.00 35.48           C
ATOM   2399  N   ASN D  97      -6.353  71.034 -13.811  1.00 37.50           N
ATOM   2400  CA  ASN D  97      -6.524  72.032 -12.750  1.00 39.48           C
ATOM   2401  C   ASN D  97      -5.885  71.606 -11.418  1.00 35.80           C
ATOM   2402  O   ASN D  97      -6.519  71.581 -10.367  1.00 35.42           O
ATOM   2403  CB  ASN D  97      -8.002  72.403 -12.591  1.00 33.46           C
ATOM   2404  CG  ASN D  97      -8.304  73.766 -13.211  1.00 59.81           C
ATOM   2405  OD1 ASN D  97      -8.600  74.731 -12.490  1.00 63.64           O
ATOM   2406  ND2 ASN D  97      -8.104  73.888 -14.535  1.00 48.78           N
ATOM   2407  N   THR D  98      -4.584  71.319 -11.468  1.00 34.96           N
ATOM   2408  CA  THR D  98      -3.880  70.883 -10.267  1.00 40.51           C
ATOM   2409  C   THR D  98      -2.389  71.197 -10.382  1.00 33.13           C
ATOM   2410  O   THR D  98      -1.843  71.349 -11.482  1.00 33.25           O
ATOM   2411  CB  THR D  98      -4.095  69.378 -10.000  1.00 31.21           C
```

```
ATOM   2412  OG1 THR D  98      -3.498  69.048  -8.749  1.00 36.06           O
ATOM   2413  CG2 THR D  98      -3.428  68.531 -11.061  1.00 31.76           C
ATOM   2414  N   VAL D  99      -1.730  71.290  -9.222  1.00 29.98           N
ATOM   2415  CA  VAL D  99      -0.267  71.342  -9.211  1.00 34.24           C
ATOM   2416  C   VAL D  99       0.296  69.972  -9.558  1.00 34.16           C
ATOM   2417  O   VAL D  99      -0.215  68.936  -9.120  1.00 34.33           O
ATOM   2418  CB  VAL D  99       0.278  71.796  -7.849  1.00 33.92           C
ATOM   2419  CG1 VAL D  99       1.787  71.619  -7.819  1.00 30.13           C
ATOM   2420  CG2 VAL D  99      -0.114  73.241  -7.535  1.00 28.38           C
ATOM   2421  N   VAL D 100       1.375  69.952 -10.321  1.00 29.37           N
ATOM   2422  CA  VAL D 100       1.871  68.706 -10.875  1.00 30.81           C
ATOM   2423  C   VAL D 100       3.380  68.659 -10.653  1.00 33.23           C
ATOM   2424  O   VAL D 100       4.072  69.662 -10.890  1.00 32.58           O
ATOM   2425  CB  VAL D 100       1.442  68.618 -12.352  1.00 32.14           C
ATOM   2426  CG1 VAL D 100       2.538  68.362 -13.255  1.00 38.21           C
ATOM   2427  CG2 VAL D 100       0.327  67.591 -12.507  1.00 35.01           C
ATOM   2428  N   PHE D 101       3.869  67.537 -10.090  1.00 32.44           N
ATOM   2429  CA  PHE D 101       5.292  67.296  -9.826  1.00 28.74           C
ATOM   2430  C   PHE D 101       5.824  66.191 -10.728  1.00 30.41           C
ATOM   2431  O   PHE D 101       5.091  65.280 -11.116  1.00 36.07           O
ATOM   2432  CB  PHE D 101       5.571  66.879  -8.367  1.00 29.14           C
ATOM   2433  CG  PHE D 101       5.505  68.006  -7.372  1.00 29.14           C
ATOM   2434  CD1 PHE D 101       6.472  68.991  -7.355  1.00 29.41           C
ATOM   2435  CD2 PHE D 101       4.483  68.067  -6.438  1.00 29.40           C
ATOM   2436  CE1 PHE D 101       6.421  70.041  -6.430  1.00 30.71           C
ATOM   2437  CE2 PHE D 101       4.412  69.107  -5.519  1.00 31.48           C
ATOM   2438  CZ  PHE D 101       5.388  70.100  -5.509  1.00 28.28           C
ATOM   2439  N   GLY D 102       7.112  66.269 -11.069  1.00 35.21           N
ATOM   2440  CA  GLY D 102       7.774  65.104 -11.621  1.00 30.07           C
ATOM   2441  C   GLY D 102       7.949  64.054 -10.539  1.00 34.24           C
ATOM   2442  O   GLY D 102       7.809  64.324  -9.342  1.00 32.05           O
ATOM   2443  N   GLY D 103       8.282  62.833 -10.962  1.00 33.87           N
ATOM   2444  CA  GLY D 103       8.500  61.756  -9.998  1.00 30.14           C
ATOM   2445  C   GLY D 103       9.767  61.896  -9.164  1.00 33.06           C
ATOM   2446  O   GLY D 103       9.929  61.153  -8.195  1.00 33.57           O
ATOM   2447  N   GLY D 104      10.649  62.840  -9.500  1.00 34.22           N
ATOM   2448  CA  GLY D 104      11.866  63.034  -8.746  1.00 30.60           C
ATOM   2449  C   GLY D 104      13.056  62.330  -9.363  1.00 32.84           C
ATOM   2450  O   GLY D 104      12.939  61.230  -9.914  1.00 37.98           O
ATOM   2451  N   THR D 105      14.219  62.953  -9.267  1.00 33.92           N
ATOM   2452  CA  THR D 105      15.460  62.372  -9.749  1.00 32.14           C
ATOM   2453  C   THR D 105      16.422  62.308  -8.581  1.00 35.31           C
ATOM   2454  O   THR D 105      16.683  63.335  -7.945  1.00 33.86           O
ATOM   2455  CB  THR D 105      16.052  63.202 -10.878  1.00 35.69           C
ATOM   2456  OG1 THR D 105      15.118  63.236 -11.966  1.00 33.00           O
ATOM   2457  CG2 THR D 105      17.374  62.575 -11.328  1.00 32.50           C
ATOM   2458  N   LYS D 106      16.895  61.095  -8.260  1.00 35.10           N
ATOM   2459  CA  LYS D 106      17.920  60.928  -7.232  1.00 39.20           C
ATOM   2460  C   LYS D 106      19.287  61.212  -7.857  1.00 35.77           C
ATOM   2461  O   LYS D 106      19.709  60.517  -8.796  1.00 33.65           O
ATOM   2462  CB  LYS D 106      17.875  59.523  -6.612  1.00 37.13           C
ATOM   2463  CG  LYS D 106      18.991  59.257  -5.575  1.00 41.72           C
ATOM   2464  CD  LYS D 106      18.843  57.864  -4.893  1.00 66.03           C
ATOM   2465  CE  LYS D 106      20.060  57.472  -4.002  1.00 43.48           C
ATOM   2466  NZ  LYS D 106      20.399  58.527  -2.969  1.00 59.67           N1+
ATOM   2467  N   LEU D 107      19.955  62.253  -7.355  1.00 37.32           N
ATOM   2468  CA  LEU D 107      21.313  62.606  -7.757  1.00 39.36           C
ATOM   2469  C   LEU D 107      22.264  62.033  -6.720  1.00 37.65           C
ATOM   2470  O   LEU D 107      22.211  62.419  -5.542  1.00 38.47           O
ATOM   2471  CB  LEU D 107      21.518  64.129  -7.855  1.00 26.67           C
ATOM   2472  CG  LEU D 107      22.784  64.731  -8.570  1.00 37.81           C
ATOM   2473  CD1 LEU D 107      23.134  66.182  -8.167  1.00 38.40           C
ATOM   2474  CD2 LEU D 107      24.043  63.923  -8.466  1.00 34.25           C
ATOM   2475  N   THR D 108      23.176  61.171  -7.148  1.00 30.15           N
ATOM   2476  CA  THR D 108      24.270  60.823  -6.255  1.00 39.12           C
ATOM   2477  C   THR D 108      25.591  61.351  -6.810  1.00 33.08           C
ATOM   2478  O   THR D 108      25.888  61.234  -8.004  1.00 36.87           O
ATOM   2479  CB  THR D 108      24.311  59.316  -5.951  1.00 42.14           C
ATOM   2480  OG1 THR D 108      25.514  58.733  -6.459  1.00 51.43           O
ATOM   2481  CG2 THR D 108      23.075  58.603  -6.471  1.00 39.89           C
ATOM   2482  N   VAL D 109      26.338  62.011  -5.950  1.00 28.89           N
```

```
ATOM   2483  CA  VAL D 109      27.679  62.461  -6.272  1.00 36.64           C
ATOM   2484  C   VAL D 109      28.632  61.337  -5.873  1.00 36.03           C
ATOM   2485  O   VAL D 109      28.838  61.088  -4.686  1.00 34.38           O
ATOM   2486  CB  VAL D 109      27.999  63.769  -5.547  1.00 39.07           C
ATOM   2487  CG1 VAL D 109      29.402  64.264  -5.930  1.00 39.69           C
ATOM   2488  CG2 VAL D 109      26.914  64.807  -5.871  1.00 39.03           C
ATOM   2489  N   LEU D 110      29.179  60.637  -6.868  1.00 36.80           N
ATOM   2490  CA  LEU D 110      29.935  59.407  -6.646  1.00 35.35           C
ATOM   2491  C   LEU D 110      31.166  59.653  -5.794  1.00 38.39           C
ATOM   2492  O   LEU D 110      32.109  60.294  -6.255  1.00 39.60           O
ATOM   2493  CB  LEU D 110      30.358  58.813  -7.978  1.00 31.68           C
ATOM   2494  CG  LEU D 110      29.190  58.470  -8.886  1.00 42.08           C
ATOM   2495  CD1 LEU D 110      29.720  58.230 -10.264  1.00 33.32           C
ATOM   2496  CD2 LEU D 110      28.489  57.239  -8.343  1.00 40.75           C
ATOM   2497  N   SER D 111      31.182  59.144  -4.564  1.00 38.34           N
ATOM   2498  CA  SER D 111      32.330  59.296  -3.680  1.00 44.10           C
ATOM   2499  C   SER D 111      32.991  57.956  -3.361  1.00 43.27           C
ATOM   2500  O   SER D 111      33.843  57.885  -2.476  1.00 38.62           O
ATOM   2501  CB  SER D 111      31.917  60.001  -2.396  1.00 39.42           C
ATOM   2502  OG  SER D 111      30.920  59.235  -1.763  1.00 48.72           O
ATOM   2503  N   GLN D 112      32.606  56.901  -4.058  1.00 36.34           N
ATOM   2504  CA  GLN D 112      33.300  55.623  -4.010  1.00 36.47           C
ATOM   2505  C   GLN D 112      32.964  54.900  -5.300  1.00 39.73           C
ATOM   2506  O   GLN D 112      32.074  55.336  -6.045  1.00 41.47           O
ATOM   2507  CB  GLN D 112      32.884  54.798  -2.774  1.00 34.11           C
ATOM   2508  CG  GLN D 112      31.427  54.370  -2.745  1.00 40.26           C
ATOM   2509  CD  GLN D 112      31.098  53.480  -1.545  1.00 44.54           C
ATOM   2510  OE1 GLN D 112      31.422  52.289  -1.542  1.00 49.63           O
ATOM   2511  NE2 GLN D 112      30.446  54.054  -0.523  1.00 32.71           N
ATOM   2512  N   PRO D 113      33.662  53.816  -5.614  1.00 35.83       GZ00 N
ATOM   2513  CA  PRO D 113      33.350  53.105  -6.859  1.00 29.36       GZ00 C
ATOM   2514  C   PRO D 113      31.937  52.559  -6.824  1.00 41.40       GZ00 C
ATOM   2515  O   PRO D 113      31.391  52.249  -5.763  1.00 33.72       GZ00 O
ATOM   2516  CB  PRO D 113      34.371  51.969  -6.897  1.00 29.06       GZ00 C
ATOM   2517  CG  PRO D 113      35.545  52.491  -6.029  1.00 36.02       GZ00 C
ATOM   2518  CD  PRO D 113      34.878  53.300  -4.948  1.00 37.13       GZ00 C
ATOM   2519  N   LYS D 114      31.346  52.445  -8.007  1.00 41.30       GZ00 N
ATOM   2520  CA  LYS D 114      30.050  51.806  -8.112  1.00 39.99       GZ00 C
ATOM   2521  C   LYS D 114      30.168  50.332  -7.726  1.00 42.17       GZ00 C
ATOM   2522  O   LYS D 114      31.189  49.691  -7.965  1.00 37.31       GZ00 O
ATOM   2523  CB  LYS D 114      29.510  51.967  -9.527  1.00 38.27       GZ00 C
ATOM   2524  CG  LYS D 114      29.198  53.426  -9.890  1.00 48.75       GZ00 C
ATOM   2525  CD  LYS D 114      28.597  53.502 -11.284  1.00 54.69       GZ00 C
ATOM   2526  CE  LYS D 114      27.812  54.779 -11.536  1.00 43.93       GZ00 C
ATOM   2527  NZ  LYS D 114      26.918  54.529 -12.718  1.00 45.98       GZ00 N1+
ATOM   2528  N   ALA D 115      29.108  49.806  -7.107  1.00 37.03       GZ00 N
ATOM   2529  CA  ALA D 115      29.084  48.455  -6.562  1.00 31.87       GZ00 C
ATOM   2530  C   ALA D 115      27.754  47.802  -6.906  1.00 41.28       GZ00 C
ATOM   2531  O   ALA D 115      26.691  48.304  -6.514  1.00 37.09       GZ00 O
ATOM   2532  CB  ALA D 115      29.280  48.470  -5.040  1.00 29.90       GZ00 C
ATOM   2533  N   ALA D 116      27.816  46.676  -7.610  1.00 34.16       GZ00 N
ATOM   2534  CA  ALA D 116      26.622  45.929  -7.933  1.00 37.15       GZ00 C
ATOM   2535  C   ALA D 116      26.071  45.289  -6.658  1.00 37.53       GZ00 C
ATOM   2536  O   ALA D 116      26.816  45.037  -5.715  1.00 41.85       GZ00 O
ATOM   2537  CB  ALA D 116      26.937  44.870  -8.989  1.00 28.78       GZ00 C
ATOM   2538  N   PRO D 117      24.772  45.028  -6.594  1.00 40.96       GZ00 N
ATOM   2539  CA  PRO D 117      24.207  44.481  -5.355  1.00 39.65       GZ00 C
ATOM   2540  C   PRO D 117      24.590  43.022  -5.180  1.00 40.39       GZ00 C
ATOM   2541  O   PRO D 117      24.686  42.263  -6.149  1.00 43.42       GZ00 O
ATOM   2542  CB  PRO D 117      22.699  44.620  -5.568  1.00 37.24       GZ00 C
ATOM   2543  CG  PRO D 117      22.553  44.435  -7.049  1.00 32.78       GZ00 C
ATOM   2544  CD  PRO D 117      23.761  45.109  -7.664  1.00 38.78       GZ00 C
ATOM   2545  N   SER D 118      24.817  42.626  -3.934  1.00 40.21       GZ00 N
ATOM   2546  CA  SER D 118      24.859  41.203  -3.626  1.00 43.65       GZ00 C
ATOM   2547  C   SER D 118      23.460  40.793  -3.190  1.00 44.22       GZ00 C
ATOM   2548  O   SER D 118      22.822  41.475  -2.371  1.00 39.75       GZ00 O
ATOM   2549  CB  SER D 118      25.901  40.867  -2.559  1.00 37.70       GZ00 C
ATOM   2550  OG  SER D 118      25.559  41.468  -1.335  1.00 51.03       GZ00 O
ATOM   2551  N   VAL D 119      22.982  39.701  -3.774  1.00 39.65       GZ00 N
ATOM   2552  CA  VAL D 119      21.609  39.244  -3.641  1.00 39.06       GZ00 C
ATOM   2553  C   VAL D 119      21.647  37.843  -3.065  1.00 44.09       GZ00 C
```

```
ATOM   2554  O   VAL D 119      22.315  36.966  -3.626  1.00 39.00      GZ00 O
ATOM   2555  CB  VAL D 119      20.894  39.235  -5.007  1.00 40.58      GZ00 C
ATOM   2556  CG1 VAL D 119      19.469  38.765  -4.865  1.00 33.51      GZ00 C
ATOM   2557  CG2 VAL D 119      20.964  40.602  -5.658  1.00 38.29      GZ00 C
ATOM   2558  N   THR D 120      20.928  37.620  -1.963  1.00 38.97      GZ00 N
ATOM   2559  CA  THR D 120      20.719  36.256  -1.507  1.00 40.40      GZ00 C
ATOM   2560  C   THR D 120      19.218  36.005  -1.360  1.00 41.57      GZ00 C
ATOM   2561  O   THR D 120      18.487  36.826  -0.798  1.00 39.96      GZ00 O
ATOM   2562  CB  THR D 120      21.524  35.939  -0.211  1.00 48.39      GZ00 C
ATOM   2563  OG1 THR D 120      20.649  35.655   0.882  1.00 55.57      GZ00 O
ATOM   2564  CG2 THR D 120      22.506  37.053   0.178  1.00 42.25      GZ00 C
ATOM   2565  N   LEU D 121      18.761  34.879  -1.903  1.00 42.65      GZ00 N
ATOM   2566  CA  LEU D 121      17.343  34.562  -2.031  1.00 44.51      GZ00 C
ATOM   2567  C   LEU D 121      17.063  33.332  -1.184  1.00 42.61      GZ00 C
ATOM   2568  O   LEU D 121      17.626  32.269  -1.444  1.00 39.39      GZ00 O
ATOM   2569  CB  LEU D 121      16.993  34.281  -3.495  1.00 42.30      GZ00 C
ATOM   2570  CG  LEU D 121      15.574  34.358  -4.059  1.00 45.15      GZ00 C
ATOM   2571  CD1 LEU D 121      15.333  33.234  -5.034  1.00 45.85      GZ00 C
ATOM   2572  CD2 LEU D 121      14.485  34.413  -2.986  1.00 44.86      GZ00 C
ATOM   2573  N   PHE D 122      16.200  33.467  -0.209  1.00 37.70      GZ00 N
ATOM   2574  CA  PHE D 122      15.865  32.293   0.587  1.00 43.33      GZ00 C
ATOM   2575  C   PHE D 122      14.487  31.766   0.221  1.00 49.36      GZ00 C
ATOM   2576  O   PHE D 122      13.539  32.551   0.069  1.00 41.30      GZ00 O
ATOM   2577  CB  PHE D 122      15.850  32.606   2.079  1.00 39.48      GZ00 C
ATOM   2578  CG  PHE D 122      17.181  32.910   2.660  1.00 38.94      GZ00 C
ATOM   2579  CD1 PHE D 122      18.057  31.887   2.982  1.00 38.46      GZ00 C
ATOM   2580  CD2 PHE D 122      17.533  34.229   2.949  1.00 36.53      GZ00 C
ATOM   2581  CE1 PHE D 122      19.288  32.169   3.550  1.00 45.61      GZ00 C
ATOM   2582  CE2 PHE D 122      18.740  34.526   3.528  1.00 38.72      GZ00 C
ATOM   2583  CZ  PHE D 122      19.636  33.494   3.830  1.00 40.64      GZ00 C
ATOM   2584  N   PRO D 123      14.347  30.448   0.130  1.00 50.41      GZ00 N
ATOM   2585  CA  PRO D 123      13.024  29.850  -0.048  1.00 46.66      GZ00 C
ATOM   2586  C   PRO D 123      12.262  29.853   1.266  1.00 47.32      GZ00 C
ATOM   2587  O   PRO D 123      12.829  30.182   2.317  1.00 41.78      GZ00 O
ATOM   2588  CB  PRO D 123      13.356  28.423  -0.505  1.00 53.34      GZ00 C
ATOM   2589  CG  PRO D 123      14.625  28.122   0.208  1.00 54.44      GZ00 C
ATOM   2590  CD  PRO D 123      15.402  29.428   0.251  1.00 49.34      GZ00 C
ATOM   2591  N   PRO D 124      10.968  29.530   1.259  1.00 54.23      GZ00 N
ATOM   2592  CA  PRO D 124      10.243  29.456   2.533  1.00 49.80      GZ00 C
ATOM   2593  C   PRO D 124      10.766  28.290   3.353  1.00 47.27      GZ00 C
ATOM   2594  O   PRO D 124      11.127  27.246   2.809  1.00 40.84      GZ00 O
ATOM   2595  CB  PRO D 124       8.786  29.239   2.109  1.00 52.85      GZ00 C
ATOM   2596  CG  PRO D 124       8.882  28.604   0.771  1.00 58.62      GZ00 C
ATOM   2597  CD  PRO D 124      10.120  29.144   0.117  1.00 50.64      GZ00 C
ATOM   2598  N   SER D 125      10.848  28.487   4.665  1.00 47.15      GZ00 N
ATOM   2599  CA  SER D 125      11.315  27.415   5.533  1.00 46.19      GZ00 C
ATOM   2600  C   SER D 125      10.226  26.360   5.725  1.00 55.91      GZ00 C
ATOM   2601  O   SER D 125       9.024  26.627   5.602  1.00 48.89      GZ00 O
ATOM   2602  CB  SER D 125      11.725  27.963   6.895  1.00 46.67      GZ00 C
ATOM   2603  OG  SER D 125      10.587  28.428   7.610  1.00 43.78      GZ00 O
ATOM   2604  N   SER D 126      10.661  25.150   6.076  1.00 53.45      GZ00 N
ATOM   2605  CA  SER D 126       9.697  24.081   6.294  1.00 49.33      GZ00 C
ATOM   2606  C   SER D 126       8.769  24.420   7.455  1.00 51.40      GZ00 C
ATOM   2607  O   SER D 126       7.564  24.166   7.392  1.00 57.31      GZ00 O
ATOM   2608  CB  SER D 126      10.432  22.769   6.528  1.00 46.88      GZ00 C
ATOM   2609  OG  SER D 126      11.378  22.938   7.552  1.00 58.67      GZ00 O
ATOM   2610  N   GLU D 127       9.303  25.045   8.500  1.00 46.78      GZ00 N
ATOM   2611  CA  GLU D 127       8.464  25.457   9.621  1.00 50.81      GZ00 C
ATOM   2612  C   GLU D 127       7.347  26.393   9.173  1.00 60.09      GZ00 C
ATOM   2613  O   GLU D 127       6.256  26.382   9.759  1.00 61.69      GZ00 O
ATOM   2614  CB  GLU D 127       9.329  26.118  10.686  1.00 53.57      GZ00 C
ATOM   2615  CG  GLU D 127      10.626  25.340  10.894  1.00 62.62      GZ00 C
ATOM   2616  CD  GLU D 127      11.443  25.816  12.072  1.00 72.05      GZ00 C
ATOM   2617  OE1 GLU D 127      10.899  26.562  12.933  1.00 69.83      GZ00 O
ATOM   2618  OE2 GLU D 127      12.635  25.426  12.129  1.00 72.47      GZ00 O1-
ATOM   2619  N   GLU D 128       7.608  27.240   8.170  1.00 56.85      GZ00 N
ATOM   2620  CA  GLU D 128       6.568  28.148   7.700  1.00 54.23      GZ00 C
ATOM   2621  C   GLU D 128       5.590  27.441   6.774  1.00 52.82      GZ00 C
ATOM   2622  O   GLU D 128       4.390  27.728   6.804  1.00 53.66      GZ00 O
ATOM   2623  CB  GLU D 128       7.174  29.364   6.983  1.00 52.45      GZ00 C
ATOM   2624  CG  GLU D 128       6.132  30.482   6.745  1.00 57.44      GZ00 C
```

```
ATOM   2625  CD  GLU D 128       6.545  31.555   5.722  1.00 58.50      GZ00 C
ATOM   2626  OE1 GLU D 128       5.856  32.590   5.684  1.00 54.07      GZ00 O
ATOM   2627  OE2 GLU D 128       7.518  31.373   4.950  1.00 49.75      GZ00 O1-
ATOM   2628  N   LEU D 129       6.095  26.539   5.927  1.00 52.50      GZ00 N
ATOM   2629  CA  LEU D 129       5.226  25.707   5.104  1.00 51.40      GZ00 C
ATOM   2630  C   LEU D 129       4.279  24.879   5.969  1.00 59.74      GZ00 C
ATOM   2631  O   LEU D 129       3.106  24.702   5.623  1.00 63.72      GZ00 O
ATOM   2632  CB  LEU D 129       6.078  24.807   4.214  1.00 51.65      GZ00 C
ATOM   2633  CG  LEU D 129       6.868  25.538   3.131  1.00 52.87      GZ00 C
ATOM   2634  CD1 LEU D 129       7.857  24.604   2.459  1.00 44.54      GZ00 C
ATOM   2635  CD2 LEU D 129       5.917  26.140   2.101  1.00 49.64      GZ00 C
ATOM   2636  N   GLN D 130       4.767  24.388   7.115  1.00 54.99      GZ00 N
ATOM   2637  CA  GLN D 130       3.913  23.640   8.032  1.00 66.06      GZ00 C
ATOM   2638  C   GLN D 130       2.760  24.489   8.552  1.00 64.20      GZ00 C
ATOM   2639  O   GLN D 130       1.673  23.958   8.810  1.00 68.64      GZ00 O
ATOM   2640  CB  GLN D 130       4.729  23.097   9.210  1.00 64.34      GZ00 C
ATOM   2641  CG  GLN D 130       5.729  22.005   8.863  1.00 65.01      GZ00 C
ATOM   2642  CD  GLN D 130       6.363  21.409  10.113  1.00 78.91      GZ00 C
ATOM   2643  OE1 GLN D 130       5.663  21.103  11.083  1.00 88.40      GZ00 O
ATOM   2644  NE2 GLN D 130       7.691  21.262  10.108  1.00 62.99      GZ00 N
ATOM   2645  N   ALA D 131       2.972  25.794   8.729  1.00 53.92      GZ00 N
ATOM   2646  CA  ALA D 131       1.903  26.700   9.129  1.00 51.41      GZ00 C
ATOM   2647  C   ALA D 131       1.100  27.196   7.943  1.00 56.66      GZ00 C
ATOM   2648  O   ALA D 131       0.366  28.184   8.075  1.00 63.18      GZ00 O
ATOM   2649  CB  ALA D 131       2.459  27.889   9.915  1.00 45.31      GZ00 C
ATOM   2650  N   ASN D 132       1.246  26.543   6.784  1.00 55.73      GZ00 N
ATOM   2651  CA  ASN D 132       0.472  26.840   5.573  1.00 65.28      GZ00 C
ATOM   2652  C   ASN D 132       0.645  28.283   5.100  1.00 66.61      GZ00 C
ATOM   2653  O   ASN D 132      -0.264  28.869   4.507  1.00 68.44      GZ00 O
ATOM   2654  CB  ASN D 132      -1.018  26.502   5.762  1.00 67.97      GZ00 C
ATOM   2655  CG  ASN D 132      -1.347  25.065   5.335  1.00 88.31      GZ00 C
ATOM   2656  OD1 ASN D 132      -1.487  24.776   4.134  1.00 78.43      GZ00 O
ATOM   2657  ND2 ASN D 132      -1.448  24.155   6.318  1.00 80.50      GZ00 N
ATOM   2658  N   LYS D 133       1.812  28.866   5.352  1.00 68.70      GZ00 N
ATOM   2659  CA  LYS D 133       2.244  30.090   4.696  1.00 59.67      GZ00 C
ATOM   2660  C   LYS D 133       3.522  29.799   3.923  1.00 57.71      GZ00 C
ATOM   2661  O   LYS D 133       4.135  28.737   4.069  1.00 58.17      GZ00 O
ATOM   2662  CB  LYS D 133       2.468  31.225   5.701  1.00 52.27      GZ00 C
ATOM   2663  CG  LYS D 133       1.236  31.650   6.454  1.00 58.15      GZ00 C
ATOM   2664  CD  LYS D 133       1.590  32.644   7.547  1.00 82.46      GZ00 C
ATOM   2665  CE  LYS D 133       0.389  32.977   8.428  1.00 90.01      GZ00 C
ATOM   2666  NZ  LYS D 133      -0.049  31.789   9.221  1.00 85.20      GZ00 N1+
ATOM   2667  N   ALA D 134       3.923  30.754   3.087  1.00 59.30      GZ00 N
ATOM   2668  CA  ALA D 134       5.167  30.615   2.328  1.00 57.19      GZ00 C
ATOM   2669  C   ALA D 134       5.607  31.994   1.872  1.00 56.76      GZ00 C
ATOM   2670  O   ALA D 134       4.842  32.692   1.196  1.00 55.80      GZ00 O
ATOM   2671  CB  ALA D 134       4.985  29.678   1.129  1.00 53.33      GZ00 C
ATOM   2672  N   THR D 135       6.826  32.399   2.238  1.00 51.12      GZ00 N
ATOM   2673  CA  THR D 135       7.368  33.652   1.730  1.00 46.27      GZ00 C
ATOM   2674  C   THR D 135       8.764  33.429   1.168  1.00 50.06      GZ00 C
ATOM   2675  O   THR D 135       9.604  32.783   1.803  1.00 41.99      GZ00 O
ATOM   2676  CB  THR D 135       7.422  34.735   2.803  1.00 43.17      GZ00 C
ATOM   2677  OG1 THR D 135       8.619  34.572   3.555  1.00 70.40      GZ00 O
ATOM   2678  CG2 THR D 135       6.270  34.632   3.735  1.00 40.85      GZ00 C
ATOM   2679  N   LEU D 136       9.002  33.964  -0.025  1.00 49.86      GZ00 N
ATOM   2680  CA  LEU D 136      10.344  34.047  -0.574  1.00 43.03      GZ00 C
ATOM   2681  C   LEU D 136      10.956  35.371  -0.127  1.00 44.71      GZ00 C
ATOM   2682  O   LEU D 136      10.274  36.400  -0.088  1.00 45.54      GZ00 O
ATOM   2683  CB  LEU D 136      10.328  33.951  -2.101  1.00 48.82      GZ00 C
ATOM   2684  CG  LEU D 136       9.744  32.685  -2.734  1.00 50.57      GZ00 C
ATOM   2685  CD1 LEU D 136       9.722  32.777  -4.241  1.00 43.90      GZ00 C
ATOM   2686  CD2 LEU D 136      10.592  31.534  -2.313  1.00 54.51      GZ00 C
ATOM   2687  N   VAL D 137      12.231  35.329   0.251  1.00 38.61      GZ00 N
ATOM   2688  CA  VAL D 137      12.914  36.459   0.867  1.00 39.76      GZ00 C
ATOM   2689  C   VAL D 137      14.144  36.781   0.037  1.00 43.30      GZ00 C
ATOM   2690  O   VAL D 137      15.046  35.946  -0.086  1.00 43.19      GZ00 O
ATOM   2691  CB  VAL D 137      13.286  36.167   2.326  1.00 40.83      GZ00 C
ATOM   2692  CG1 VAL D 137      13.930  37.386   2.954  1.00 40.34      GZ00 C
ATOM   2693  CG2 VAL D 137      12.032  35.756   3.116  1.00 39.27      GZ00 C
ATOM   2694  N   CYS D 138      14.161  37.969  -0.563  1.00 39.42      GZ00 N
ATOM   2695  CA  CYS D 138      15.270  38.436  -1.392  1.00 38.06      GZ00 C
```

```
ATOM   2696  C   CYS D 138      15.958  39.590  -0.669  1.00 42.98      GZ00 C
ATOM   2697  O   CYS D 138      15.379  40.679  -0.549  1.00 42.34      GZ00 O
ATOM   2698  CB  CYS D 138      14.764  38.869  -2.767  1.00 46.28      GZ00 C
ATOM   2699  SG  CYS D 138      16.005  39.055  -4.058  1.00 46.59      GZ00 S
ATOM   2700  N   LEU D 139      17.165  39.345  -0.149  1.00 35.86      GZ00 N
ATOM   2701  CA  LEU D 139      17.953  40.386   0.503  1.00 34.94      GZ00 C
ATOM   2702  C   LEU D 139      18.994  40.946  -0.456  1.00 40.09      GZ00 C
ATOM   2703  O   LEU D 139      19.692  40.198  -1.153  1.00 38.00      GZ00 O
ATOM   2704  CB  LEU D 139      18.641  39.914   1.784  1.00 38.60      GZ00 C
ATOM   2705  CG  LEU D 139      17.851  39.429   2.994  1.00 42.05      GZ00 C
ATOM   2706  CD1 LEU D 139      16.412  39.996   2.992  1.00 34.31      GZ00 C
ATOM   2707  CD2 LEU D 139      17.888  37.954   3.110  1.00 41.56      GZ00 C
ATOM   2708  N   ILE D 140      19.072  42.271  -0.498  1.00 36.85      GZ00 N
ATOM   2709  CA  ILE D 140      19.852  42.991  -1.490  1.00 40.84      GZ00 C
ATOM   2710  C   ILE D 140      20.717  43.982  -0.735  1.00 39.30      GZ00 C
ATOM   2711  O   ILE D 140      20.196  44.821   0.012  1.00 36.82      GZ00 O
ATOM   2712  CB  ILE D 140      18.946  43.703  -2.510  1.00 36.07      GZ00 C
ATOM   2713  CG1 ILE D 140      17.852  42.738  -2.998  1.00 41.84      GZ00 C
ATOM   2714  CG2 ILE D 140      19.749  44.191  -3.673  1.00 33.32      GZ00 C
ATOM   2715  CD1 ILE D 140      16.606  43.414  -3.540  1.00 40.09      GZ00 C
ATOM   2716  N   SER D 141      22.028  43.899  -0.928  1.00 33.24      GZ00 N
ATOM   2717  CA  SER D 141      22.918  44.678  -0.083  1.00 40.45      GZ00 C
ATOM   2718  C   SER D 141      24.146  45.120  -0.865  1.00 40.51      GZ00 C
ATOM   2719  O   SER D 141      24.453  44.592  -1.948  1.00 33.29      GZ00 O
ATOM   2720  CB  SER D 141      23.348  43.878   1.155  1.00 39.86      GZ00 C
ATOM   2721  OG  SER D 141      23.964  42.664   0.748  1.00 40.92      GZ00 O
ATOM   2722  N   ASP D 142      24.835  46.117  -0.288  1.00 34.55      GZ00 N
ATOM   2723  CA  ASP D 142      26.137  46.573  -0.776  1.00 45.39      GZ00 C
ATOM   2724  C   ASP D 142      26.059  47.148  -2.192  1.00 42.72      GZ00 C
ATOM   2725  O   ASP D 142      26.985  46.983  -2.988  1.00 37.05      GZ00 O
ATOM   2726  CB  ASP D 142      27.165  45.436  -0.742  1.00 42.27      GZ00 C
ATOM   2727  CG  ASP D 142      27.636  45.114   0.650  1.00 45.03      GZ00 C
ATOM   2728  OD1 ASP D 142      27.734  46.043   1.489  1.00 49.79      GZ00 O
ATOM   2729  OD2 ASP D 142      27.890  43.921   0.902  1.00 52.25      GZ00 O1-
ATOM   2730  N   PHE D 143      24.967  47.826  -2.529  1.00 33.33      GZ00 N
ATOM   2731  CA  PHE D 143      24.908  48.407  -3.858  1.00 35.29      GZ00 C
ATOM   2732  C   PHE D 143      25.067  49.921  -3.775  1.00 33.78      GZ00 C
ATOM   2733  O   PHE D 143      24.717  50.556  -2.773  1.00 36.42      GZ00 O
ATOM   2734  CB  PHE D 143      23.637  48.009  -4.617  1.00 34.97      GZ00 C
ATOM   2735  CG  PHE D 143      22.340  48.333  -3.911  1.00 35.61      GZ00 C
ATOM   2736  CD1 PHE D 143      21.712  49.549  -4.113  1.00 32.64      GZ00 C
ATOM   2737  CD2 PHE D 143      21.709  47.379  -3.112  1.00 38.53      GZ00 C
ATOM   2738  CE1 PHE D 143      20.485  49.834  -3.493  1.00 41.16      GZ00 C
ATOM   2739  CE2 PHE D 143      20.494  47.658  -2.486  1.00 40.15      GZ00 C
ATOM   2740  CZ  PHE D 143      19.880  48.890  -2.672  1.00 32.95      GZ00 C
ATOM   2741  N   TYR D 144      25.665  50.471  -4.824  1.00 35.76      GZ00 N
ATOM   2742  CA  TYR D 144      26.002  51.882  -4.906  1.00 37.17      GZ00 C
ATOM   2743  C   TYR D 144      26.142  52.286  -6.363  1.00 41.07      GZ00 C
ATOM   2744  O   TYR D 144      26.899  51.649  -7.096  1.00 40.05      GZ00 O
ATOM   2745  CB  TYR D 144      27.305  52.176  -4.182  1.00 31.07      GZ00 C
ATOM   2746  CG  TYR D 144      27.652  53.644  -4.148  1.00 33.84      GZ00 C
ATOM   2747  CD1 TYR D 144      27.125  54.478  -3.168  1.00 34.22      GZ00 C
ATOM   2748  CD2 TYR D 144      28.485  54.207  -5.107  1.00 34.49      GZ00 C
ATOM   2749  CE1 TYR D 144      27.433  55.822  -3.129  1.00 36.40      GZ00 C
ATOM   2750  CE2 TYR D 144      28.800  55.559  -5.076  1.00 35.36      GZ00 C
ATOM   2751  CZ  TYR D 144      28.271  56.358  -4.082  1.00 35.95      GZ00 C
ATOM   2752  OH  TYR D 144      28.578  57.699  -4.037  1.00 40.59      GZ00 O
ATOM   2753  N   PRO D 145      25.442  53.357  -6.782  1.00 35.13      GZ00 N
ATOM   2754  CA  PRO D 145      24.556  54.168  -5.930  1.00 41.08      GZ00 C
ATOM   2755  C   PRO D 145      23.258  53.476  -5.465  1.00 39.60      GZ00 C
ATOM   2756  O   PRO D 145      22.944  52.359  -5.874  1.00 35.16      GZ00 O
ATOM   2757  CB  PRO D 145      24.231  55.395  -6.811  1.00 40.78      GZ00 C
ATOM   2758  CG  PRO D 145      24.659  55.048  -8.190  1.00 39.08      GZ00 C
ATOM   2759  CD  PRO D 145      25.708  53.989  -8.088  1.00 36.76      GZ00 C
ATOM   2760  N   GLY D 146      22.514  54.161  -4.600  1.00 34.87      GZ00 N
ATOM   2761  CA  GLY D 146      21.429  53.525  -3.892  1.00 34.83      GZ00 C
ATOM   2762  C   GLY D 146      20.087  53.444  -4.593  1.00 36.93      GZ00 C
ATOM   2763  O   GLY D 146      19.088  53.931  -4.062  1.00 34.26      GZ00 O
ATOM   2764  N   ALA D 147      20.037  52.844  -5.777  1.00 32.90      GZ00 N
ATOM   2765  CA  ALA D 147      18.750  52.609  -6.410  1.00 32.84      GZ00 C
ATOM   2766  C   ALA D 147      18.802  51.314  -7.178  1.00 32.60      GZ00 C
```

```
ATOM   2767  O   ALA D 147      19.792  51.008  -7.841  1.00 39.02      GZ00 O
ATOM   2768  CB  ALA D 147      18.326  53.719  -7.365  1.00 29.65      GZ00 C
ATOM   2769  N   VAL D 148      17.684  50.603  -7.141  1.00 33.58      GZ00 N
ATOM   2770  CA  VAL D 148      17.588  49.253  -7.651  1.00 34.66      GZ00 C
ATOM   2771  C   VAL D 148      16.121  49.045  -7.985  1.00 41.83      GZ00 C
ATOM   2772  O   VAL D 148      15.247  49.684  -7.396  1.00 32.66      GZ00 O
ATOM   2773  CB  VAL D 148      18.126  48.264  -6.582  1.00 38.73      GZ00 C
ATOM   2774  CG1 VAL D 148      17.030  47.484  -5.915  1.00 37.24      GZ00 C
ATOM   2775  CG2 VAL D 148      19.218  47.381  -7.146  1.00 41.31      GZ00 C
ATOM   2776  N   THR D 149      15.845  48.198  -8.967  1.00 38.40      GZ00 N
ATOM   2777  CA  THR D 149      14.472  47.753  -9.182  1.00 44.38      GZ00 C
ATOM   2778  C   THR D 149      14.427  46.229  -9.138  1.00 46.22      GZ00 C
ATOM   2779  O   THR D 149      15.385  45.556  -9.546  1.00 43.23      GZ00 O
ATOM   2780  CB  THR D 149      13.899  48.266 -10.513  1.00 46.92      GZ00 C
ATOM   2781  OG1 THR D 149      14.727  47.815 -11.599  1.00 50.51      GZ00 O
ATOM   2782  CG2 THR D 149      13.810  49.796 -10.512  1.00 38.30      GZ00 C
ATOM   2783  N   VAL D 150      13.311  45.686  -8.642  1.00 36.64      GZ00 N
ATOM   2784  CA  VAL D 150      13.203  44.262  -8.355  1.00 39.12      GZ00 C
ATOM   2785  C   VAL D 150      12.046  43.662  -9.128  1.00 38.75      GZ00 C
ATOM   2786  O   VAL D 150      10.920  44.160  -9.054  1.00 46.61      GZ00 O
ATOM   2787  CB  VAL D 150      13.032  43.987  -6.853  1.00 39.37      GZ00 C
ATOM   2788  CG1 VAL D 150      12.929  42.488  -6.631  1.00 41.26      GZ00 C
ATOM   2789  CG2 VAL D 150      14.213  44.522  -6.121  1.00 34.76      GZ00 C
ATOM   2790  N   ALA D 151      12.333  42.596  -9.865  1.00 39.71      GZ00 N
ATOM   2791  CA  ALA D 151      11.333  41.805 -10.560  1.00 44.18      GZ00 C
ATOM   2792  C   ALA D 151      11.434  40.350 -10.127  1.00 50.02      GZ00 C
ATOM   2793  O   ALA D 151      12.534  39.784 -10.032  1.00 47.26      GZ00 O
ATOM   2794  CB  ALA D 151      11.494  41.895 -12.081  1.00 37.34      GZ00 C
ATOM   2795  N   TRP D 152      10.276  39.748  -9.889  1.00 47.18      GZ00 N
ATOM   2796  CA  TRP D 152      10.164  38.343  -9.544  1.00 47.04      GZ00 C
ATOM   2797  C   TRP D 152       9.629  37.556 -10.731  1.00 49.55      GZ00 C
ATOM   2798  O   TRP D 152       8.800  38.055 -11.498  1.00 59.75      GZ00 O
ATOM   2799  CB  TRP D 152       9.248  38.155  -8.345  1.00 41.47      GZ00 C
ATOM   2800  CG  TRP D 152       9.799  38.641  -7.051  1.00 45.78      GZ00 C
ATOM   2801  CD1 TRP D 152       9.786  39.918  -6.579  1.00 49.07      GZ00 C
ATOM   2802  CD2 TRP D 152      10.400  37.837  -6.026  1.00 43.34      GZ00 C
ATOM   2803  NE1 TRP D 152      10.361  39.967  -5.325  1.00 46.95      GZ00 N
ATOM   2804  CE2 TRP D 152      10.736  38.700  -4.961  1.00 46.03      GZ00 C
ATOM   2805  CE3 TRP D 152      10.699  36.468  -5.914  1.00 44.86      GZ00 C
ATOM   2806  CZ2 TRP D 152      11.364  38.245  -3.792  1.00 48.01      GZ00 C
ATOM   2807  CZ3 TRP D 152      11.318  36.008  -4.748  1.00 46.08      GZ00 C
ATOM   2808  CH2 TRP D 152      11.649  36.905  -3.702  1.00 46.48      GZ00 C
ATOM   2809  N   LYS D 153      10.109  36.330 -10.882  1.00 54.87      GZ00 N
ATOM   2810  CA  LYS D 153       9.649  35.434 -11.929  1.00 57.27      GZ00 C
ATOM   2811  C   LYS D 153       9.247  34.090 -11.331  1.00 66.16      GZ00 C
ATOM   2812  O   LYS D 153       9.884  33.591 -10.396  1.00 64.92      GZ00 O
ATOM   2813  CB  LYS D 153      10.728  35.247 -12.999  1.00 61.27      GZ00 C
ATOM   2814  CG  LYS D 153      10.832  36.442 -13.910  1.00 66.71      GZ00 C
ATOM   2815  CD  LYS D 153      11.805  36.232 -15.044  1.00 71.68      GZ00 C
ATOM   2816  CE  LYS D 153      11.839  37.483 -15.930  1.00 79.74      GZ00 C
ATOM   2817  NZ  LYS D 153      12.960  37.469 -16.930  1.00 89.60      GZ00 N1+
ATOM   2818  N   ALA D 154       8.145  33.543 -11.836  1.00 68.05      GZ00 N
ATOM   2819  CA  ALA D 154       7.729  32.169 -11.568  1.00 66.27      GZ00 C
ATOM   2820  C   ALA D 154       7.933  31.392 -12.864  1.00 70.66      GZ00 C
ATOM   2821  O   ALA D 154       7.229  31.641 -13.848  1.00 74.13      GZ00 O
ATOM   2822  CB  ALA D 154       6.280  32.108 -11.092  1.00 57.49      GZ00 C
ATOM   2823  N   ASP D 155       8.892  30.464 -12.866  1.00 69.01      GZ00 N
ATOM   2824  CA  ASP D 155       9.320  29.751 -14.079  1.00 76.96      GZ00 C
ATOM   2825  C   ASP D 155       9.440  30.697 -15.267  1.00 78.16      GZ00 C
ATOM   2826  O   ASP D 155       8.849  30.482 -16.327  1.00 86.27      GZ00 O
ATOM   2827  CB  ASP D 155       8.342  28.625 -14.445  1.00 79.86      GZ00 C
ATOM   2828  CG  ASP D 155       8.311  27.503 -13.442  1.00 77.78      GZ00 C
ATOM   2829  OD1 ASP D 155       9.379  27.134 -12.919  1.00 80.60      GZ00 O1-
ATOM   2830  OD2 ASP D 155       7.205  26.974 -13.197  1.00 86.69      GZ00 O
ATOM   2831  N   SER D 156      10.188  31.777 -15.083  1.00 72.25      GZ00 N
ATOM   2832  CA  SER D 156      10.451  32.741 -16.147  1.00 79.24      GZ00 C
ATOM   2833  C   SER D 156       9.207  33.506 -16.599  1.00 70.74      GZ00 C
ATOM   2834  O   SER D 156       9.242  34.141 -17.656  1.00 70.59      GZ00 O
ATOM   2835  CB  SER D 156      11.103  32.085 -17.366  1.00 79.59      GZ00 C
ATOM   2836  OG  SER D 156      10.117  31.458 -18.157  1.00 81.93      GZ00 O
ATOM   2837  N   SER D 157       8.086  33.449 -15.840  1.00 66.95      GZ00 N
```

```
ATOM   2838  CA  SER D 157       6.934  34.326 -16.090  1.00 65.14      GZ00 C
ATOM   2839  C   SER D 157       6.878  35.425 -15.047  1.00 67.53      GZ00 C
ATOM   2840  O   SER D 157       7.031  35.145 -13.848  1.00 64.92      GZ00 O
ATOM   2841  CB  SER D 157       5.624  33.544 -16.060  1.00 63.23      GZ00 C
ATOM   2842  OG  SER D 157       5.562  32.633 -17.136  1.00 75.81      GZ00 O
ATOM   2843  N   PRO D 158       6.652  36.670 -15.446  1.00 66.82      GZ00 N
ATOM   2844  CA  PRO D 158       6.585  37.756 -14.462  1.00 56.39      GZ00 C
ATOM   2845  C   PRO D 158       5.538  37.504 -13.392  1.00 59.58      GZ00 C
ATOM   2846  O   PRO D 158       4.450  36.989 -13.660  1.00 66.88      GZ00 O
ATOM   2847  CB  PRO D 158       6.236  38.986 -15.308  1.00 52.59      GZ00 C
ATOM   2848  CG  PRO D 158       5.845  38.451 -16.652  1.00 66.17      GZ00 C
ATOM   2849  CD  PRO D 158       6.585  37.169 -16.824  1.00 63.85      GZ00 C
ATOM   2850  N   VAL D 159       5.900  37.834 -12.160  1.00 59.53      GZ00 N
ATOM   2851  CA  VAL D 159       5.012  37.741 -11.012  1.00 57.33      GZ00 C
ATOM   2852  C   VAL D 159       4.480  39.133 -10.721  1.00 64.87      GZ00 C
ATOM   2853  O   VAL D 159       5.261  40.073 -10.535  1.00 75.66      GZ00 O
ATOM   2854  CB  VAL D 159       5.735  37.169  -9.785  1.00 58.46      GZ00 C
ATOM   2855  CG1 VAL D 159       4.831  37.239  -8.567  1.00 61.48      GZ00 C
ATOM   2856  CG2 VAL D 159       6.174  35.737 -10.050  1.00 55.69      GZ00 C
ATOM   2857  N   LYS D 160       3.157  39.269 -10.654  1.00 74.88      GZ00 N
ATOM   2858  CA  LYS D 160       2.552  40.558 -10.329  1.00 76.06      GZ00 C
ATOM   2859  C   LYS D 160       2.274  40.696  -8.831  1.00 82.77      GZ00 C
ATOM   2860  O   LYS D 160       2.850  41.565  -8.160  1.00 78.66      GZ00 O
ATOM   2861  CB  LYS D 160       1.265  40.755 -11.142  1.00 83.14      GZ00 C
ATOM   2862  CG  LYS D 160       1.460  41.529 -12.445  1.00 91.80      GZ00 C
ATOM   2863  CD  LYS D 160       2.006  42.934 -12.175  1.00100.07      GZ00 C
ATOM   2864  CE  LYS D 160       1.058  43.758 -11.302  1.00 96.51      GZ00 C
ATOM   2865  NZ  LYS D 160       1.729  44.973 -10.750  1.00 94.46      GZ00 N1+
ATOM   2866  N   ALA D 161       1.410  39.836  -8.293  1.00 72.49      GZ00 N
ATOM   2867  CA  ALA D 161       0.885  40.022  -6.947  1.00 69.27      GZ00 C
ATOM   2868  C   ALA D 161       1.739  39.312  -5.903  1.00 63.52      GZ00 C
ATOM   2869  O   ALA D 161       2.490  38.379  -6.201  1.00 56.61      GZ00 O
ATOM   2870  CB  ALA D 161      -0.551  39.514  -6.859  1.00 71.61      GZ00 C
ATOM   2871  N   GLY D 162       1.608  39.774  -4.659  1.00 50.21      GZ00 N
ATOM   2872  CA  GLY D 162       2.313  39.191  -3.536  1.00 58.65      GZ00 C
ATOM   2873  C   GLY D 162       3.711  39.714  -3.291  1.00 57.47      GZ00 C
ATOM   2874  O   GLY D 162       4.417  39.167  -2.426  1.00 54.30      GZ00 O
ATOM   2875  N   VAL D 163       4.135  40.745  -4.023  1.00 51.81      GZ00 N
ATOM   2876  CA  VAL D 163       5.480  41.291  -3.929  1.00 45.48      GZ00 C
ATOM   2877  C   VAL D 163       5.431  42.543  -3.074  1.00 47.42      GZ00 C
ATOM   2878  O   VAL D 163       4.618  43.442  -3.316  1.00 44.17      GZ00 O
ATOM   2879  CB  VAL D 163       6.060  41.604  -5.319  1.00 46.37      GZ00 C
ATOM   2880  CG1 VAL D 163       7.423  42.278  -5.184  1.00 50.48      GZ00 C
ATOM   2881  CG2 VAL D 163       6.183  40.338  -6.140  1.00 47.00      GZ00 C
ATOM   2882  N   GLU D 164       6.301  42.609  -2.076  1.00 45.49      GZ00 N
ATOM   2883  CA  GLU D 164       6.498  43.832  -1.326  1.00 39.71      GZ00 C
ATOM   2884  C   GLU D 164       7.990  44.067  -1.169  1.00 48.75      GZ00 C
ATOM   2885  O   GLU D 164       8.749  43.133  -0.864  1.00 44.83      GZ00 O
ATOM   2886  CB  GLU D 164       5.764  43.793   0.009  1.00 46.37      GZ00 C
ATOM   2887  CG  GLU D 164       4.308  44.218  -0.195  1.00 59.54      GZ00 C
ATOM   2888  CD  GLU D 164       3.415  43.931   0.978  1.00 60.43      GZ00 C
ATOM   2889  OE1 GLU D 164       3.928  43.465   2.015  1.00 70.95      GZ00 O
ATOM   2890  OE2 GLU D 164       2.197  44.189   0.869  1.00 56.32      GZ00 O1-
ATOM   2891  N   THR D 165       8.400  45.308  -1.434  1.00 43.26      GZ00 N
ATOM   2892  CA  THR D 165       9.794  45.691  -1.572  1.00 34.34      GZ00 C
ATOM   2893  C   THR D 165      10.043  46.955  -0.778  1.00 37.84      GZ00 C
ATOM   2894  O   THR D 165       9.267  47.903  -0.883  1.00 43.88      GZ00 O
ATOM   2895  CB  THR D 165      10.122  45.903  -3.040  1.00 37.47      GZ00 C
ATOM   2896  OG1 THR D 165       9.909  44.671  -3.730  1.00 39.61      GZ00 O
ATOM   2897  CG2 THR D 165      11.578  46.354  -3.240  1.00 38.05      GZ00 C
ATOM   2898  N   THR D 166      11.131  46.982  -0.011  1.00 37.74      GZ00 N
ATOM   2899  CA  THR D 166      11.464  48.177   0.757  1.00 47.21      GZ00 C
ATOM   2900  C   THR D 166      12.099  49.231  -0.141  1.00 40.41      GZ00 C
ATOM   2901  O   THR D 166      12.548  48.951  -1.256  1.00 41.42      GZ00 O
ATOM   2902  CB  THR D 166      12.470  47.888   1.882  1.00 40.73      GZ00 C
ATOM   2903  OG1 THR D 166      13.677  47.375   1.311  1.00 36.35      GZ00 O
ATOM   2904  CG2 THR D 166      11.922  46.878   2.882  1.00 40.85      GZ00 C
ATOM   2905  N   THR D 167      12.135  50.451   0.365  1.00 42.55      GZ00 N
ATOM   2906  CA  THR D 167      12.976  51.467  -0.237  1.00 49.39      GZ00 C
ATOM   2907  C   THR D 167      14.429  51.231   0.164  1.00 47.70      GZ00 C
ATOM   2908  O   THR D 167      14.702  50.656   1.218  1.00 50.42      GZ00 O
```

```
ATOM   2909  CB  THR D 167      12.564  52.846   0.231  1.00 42.03      GZ00 C
ATOM   2910  OG1 THR D 167      12.784  52.916   1.640  1.00 55.83      GZ00 O
ATOM   2911  CG2 THR D 167      11.133  53.079  -0.052  1.00 40.08      GZ00 C
ATOM   2912  N   PRO D 168      15.383  51.666  -0.647  1.00 50.17      GZ00 N
ATOM   2913  CA  PRO D 168      16.789  51.463  -0.271  1.00 46.73      GZ00 C
ATOM   2914  C   PRO D 168      17.132  52.312   0.943  1.00 48.10      GZ00 C
ATOM   2915  O   PRO D 168      16.592  53.405   1.140  1.00 47.07      GZ00 O
ATOM   2916  CB  PRO D 168      17.572  51.906  -1.515  1.00 44.24      GZ00 C
ATOM   2917  CG  PRO D 168      16.579  52.648  -2.378  1.00 51.68      GZ00 C
ATOM   2918  CD  PRO D 168      15.216  52.134  -2.030  1.00 42.84      GZ00 C
ATOM   2919  N   SER D 169      18.006  51.773   1.789  1.00 38.56      GZ00 N
ATOM   2920  CA  SER D 169      18.460  52.490   2.976  1.00 44.06      GZ00 C
ATOM   2921  C   SER D 169      19.974  52.364   3.091  1.00 40.12      GZ00 C
ATOM   2922  O   SER D 169      20.562  51.347   2.703  1.00 42.12      GZ00 O
ATOM   2923  CB  SER D 169      17.776  51.973   4.261  1.00 37.35      GZ00 C
ATOM   2924  OG  SER D 169      18.098  50.608   4.455  1.00 51.17      GZ00 O
ATOM   2925  N   LYS D 170      20.601  53.409   3.614  1.00 38.28      GZ00 N
ATOM   2926  CA  LYS D 170      22.053  53.472   3.624  1.00 42.03      GZ00 C
ATOM   2927  C   LYS D 170      22.610  52.541   4.691  1.00 41.78      GZ00 C
ATOM   2928  O   LYS D 170      22.160  52.564   5.839  1.00 44.51      GZ00 O
ATOM   2929  CB  LYS D 170      22.542  54.897   3.877  1.00 38.33      GZ00 C
ATOM   2930  CG  LYS D 170      24.014  55.068   3.482  1.00 45.43      GZ00 C
ATOM   2931  CD  LYS D 170      24.575  56.405   3.934  1.00 48.05      GZ00 C
ATOM   2932  CE  LYS D 170      23.962  57.548   3.176  1.00 54.50      GZ00 C
ATOM   2933  NZ  LYS D 170      24.635  58.806   3.569  1.00 69.11      GZ00 N1+
ATOM   2934  N   GLN D 171      23.589  51.723   4.305  1.00 41.93      GZ00 N
ATOM   2935  CA  GLN D 171      24.346  50.889   5.228  1.00 47.20      GZ00 C
ATOM   2936  C   GLN D 171      25.483  51.692   5.858  1.00 45.26      GZ00 C
ATOM   2937  O   GLN D 171      25.816  52.797   5.422  1.00 47.74      GZ00 O
ATOM   2938  CB  GLN D 171      24.933  49.672   4.508  1.00 38.79      GZ00 C
ATOM   2939  CG  GLN D 171      23.914  48.809   3.823  1.00 38.60      GZ00 C
ATOM   2940  CD  GLN D 171      24.560  47.787   2.932  1.00 45.79      GZ00 C
ATOM   2941  OE1 GLN D 171      23.900  46.859   2.433  1.00 43.80      GZ00 O
ATOM   2942  NE2 GLN D 171      25.868  47.942   2.715  1.00 45.31      GZ00 N
ATOM   2943  N   SER D 172      26.118  51.089   6.865  1.00 49.48      GZ00 N
ATOM   2944  CA  SER D 172      27.258  51.724   7.529  1.00 45.76      GZ00 C
ATOM   2945  C   SER D 172      28.391  52.012   6.557  1.00 43.14      GZ00 C
ATOM   2946  O   SER D 172      29.073  53.033   6.675  1.00 51.69      GZ00 O
ATOM   2947  CB  SER D 172      27.769  50.826   8.658  1.00 55.56      GZ00 C
ATOM   2948  OG  SER D 172      26.906  50.898   9.777  1.00 71.74      GZ00 O
ATOM   2949  N   ASN D 173      28.628  51.122   5.601  1.00 40.90      GZ00 N
ATOM   2950  CA  ASN D 173      29.697  51.363   4.646  1.00 37.43      GZ00 C
ATOM   2951  C   ASN D 173      29.304  52.349   3.542  1.00 44.12      GZ00 C
ATOM   2952  O   ASN D 173      30.080  52.526   2.588  1.00 41.37      GZ00 O
ATOM   2953  CB  ASN D 173      30.171  50.030   4.038  1.00 41.28      GZ00 C
ATOM   2954  CG  ASN D 173      29.139  49.370   3.147  1.00 44.26      GZ00 C
ATOM   2955  OD1 ASN D 173      28.038  49.887   2.944  1.00 43.64      GZ00 O
ATOM   2956  ND2 ASN D 173      29.500  48.208   2.597  1.00 50.50      GZ00 N
ATOM   2957  N   ASN D 174      28.142  52.999   3.669  1.00 41.55      GZ00 N
ATOM   2958  CA  ASN D 174      27.608  54.005   2.759  1.00 44.88      GZ00 C
ATOM   2959  C   ASN D 174      27.151  53.429   1.426  1.00 44.23      GZ00 C
ATOM   2960  O   ASN D 174      26.811  54.200   0.525  1.00 39.27      GZ00 O
ATOM   2961  CB  ASN D 174      28.610  55.139   2.484  1.00 42.38      GZ00 C
ATOM   2962  CG  ASN D 174      28.741  56.082   3.653  1.00 45.60      GZ00 C
ATOM   2963  OD1 ASN D 174      27.827  56.220   4.457  1.00 52.29      GZ00 O
ATOM   2964  ND2 ASN D 174      29.895  56.706   3.775  1.00 48.22      GZ00 N
ATOM   2965  N   LYS D 175      27.187  52.114   1.242  1.00 43.55      GZ00 N
ATOM   2966  CA  LYS D 175      26.380  51.487   0.204  1.00 46.60      GZ00 C
ATOM   2967  C   LYS D 175      24.958  51.250   0.748  1.00 40.26      GZ00 C
ATOM   2968  O   LYS D 175      24.628  51.624   1.877  1.00 36.35      GZ00 O
ATOM   2969  CB  LYS D 175      27.054  50.204  -0.272  1.00 43.68      GZ00 C
ATOM   2970  CG  LYS D 175      28.501  50.379  -0.772  1.00 42.53      GZ00 C
ATOM   2971  CD  LYS D 175      29.043  48.983  -1.135  1.00 47.00      GZ00 C
ATOM   2972  CE  LYS D 175      30.522  48.940  -1.403  1.00 54.60      GZ00 C
ATOM   2973  NZ  LYS D 175      30.884  47.568  -1.857  1.00 65.92      GZ00 N
ATOM   2974  N   TYR D 176      24.091  50.623  -0.042  1.00 37.23      GZ00 N
ATOM   2975  CA  TYR D 176      22.676  50.583   0.302  1.00 36.34      GZ00 C
ATOM   2976  C   TYR D 176      22.145  49.158   0.349  1.00 42.73      GZ00 C
ATOM   2977  O   TYR D 176      22.657  48.244  -0.314  1.00 36.34      GZ00 O
ATOM   2978  CB  TYR D 176      21.844  51.409  -0.693  1.00 36.80      GZ00 C
ATOM   2979  CG  TYR D 176      22.044  52.899  -0.563  1.00 36.36      GZ00 C
```

```
ATOM   2980  CD2 TYR D 176      21.057  53.710  -0.021  1.00 37.31      GZ00 C
ATOM   2981  CD1 TYR D 176      23.222  53.497  -0.996  1.00 41.41      GZ00 C
ATOM   2982  CE2 TYR D 176      21.252  55.072   0.098  1.00 40.59      GZ00 C
ATOM   2983  CE1 TYR D 176      23.423  54.857  -0.883  1.00 39.52      GZ00 C
ATOM   2984  CZ  TYR D 176      22.440  55.639  -0.347  1.00 39.72      GZ00 C
ATOM   2985  OH  TYR D 176      22.662  56.981  -0.238  1.00 49.13      GZ00 O
ATOM   2986  N   ALA D 177      21.056  49.003   1.103  1.00 41.16      GZ00 N
ATOM   2987  CA  ALA D 177      20.371  47.728   1.246  1.00 39.60      GZ00 C
ATOM   2988  C   ALA D 177      18.886  47.901   0.957  1.00 37.33      GZ00 C
ATOM   2989  O   ALA D 177      18.321  48.987   1.140  1.00 41.92      GZ00 O
ATOM   2990  CB  ALA D 177      20.552  47.133   2.665  1.00 35.41      GZ00 C
ATOM   2991  N   ALA D 178      18.271  46.809   0.488  1.00 36.97      GZ00 N
ATOM   2992  CA  ALA D 178      16.829  46.711   0.308  1.00 39.14      GZ00 C
ATOM   2993  C   ALA D 178      16.415  45.246   0.381  1.00 41.15      GZ00 C
ATOM   2994  O   ALA D 178      17.230  44.339   0.192  1.00 38.19      GZ00 O
ATOM   2995  CB  ALA D 178      16.380  47.324  -1.023  1.00 31.46      GZ00 C
ATOM   2996  N   SER D 179      15.125  45.012   0.628  1.00 39.23      GZ00 N
ATOM   2997  CA  SER D 179      14.626  43.644   0.607  1.00 42.89      GZ00 C
ATOM   2998  C   SER D 179      13.279  43.569  -0.100  1.00 42.30      GZ00 C
ATOM   2999  O   SER D 179      12.526  44.543  -0.157  1.00 39.32      GZ00 O
ATOM   3000  CB  SER D 179      14.561  43.043   2.026  1.00 37.57      GZ00 C
ATOM   3001  OG  SER D 179      14.059  43.953   2.960  1.00 39.68      GZ00 O
ATOM   3002  N   SER D 180      13.012  42.399  -0.673  1.00 39.99      GZ00 N
ATOM   3003  CA  SER D 180      11.786  42.133  -1.407  1.00 45.51      GZ00 C
ATOM   3004  C   SER D 180      11.212  40.781  -0.972  1.00 51.71      GZ00 C
ATOM   3005  O   SER D 180      11.932  39.774  -0.921  1.00 43.37      GZ00 O
ATOM   3006  CB  SER D 180      12.062  42.153  -2.911  1.00 42.12      GZ00 C
ATOM   3007  OG  SER D 180      10.869  42.076  -3.655  1.00 40.91      GZ00 O
ATOM   3008  N   TYR D 181       9.914  40.756  -0.686  1.00 44.23      GZ00 N
ATOM   3009  CA  TYR D 181       9.237  39.561  -0.206  1.00 45.60      GZ00 C
ATOM   3010  C   TYR D 181       8.159  39.158  -1.203  1.00 48.02      GZ00 C
ATOM   3011  O   TYR D 181       7.369  40.001  -1.637  1.00 44.19      GZ00 O
ATOM   3012  CB  TYR D 181       8.612  39.804   1.164  1.00 39.73      GZ00 C
ATOM   3013  CG  TYR D 181       9.601  40.149   2.246  1.00 42.39      GZ00 C
ATOM   3014  CD2 TYR D 181      10.094  39.167   3.100  1.00 35.39      GZ00 C
ATOM   3015  CD1 TYR D 181      10.050  41.464   2.416  1.00 38.95      GZ00 C
ATOM   3016  CE2 TYR D 181      11.005  39.477   4.098  1.00 38.77      GZ00 C
ATOM   3017  CE1 TYR D 181      10.958  41.786   3.414  1.00 42.49      GZ00 C
ATOM   3018  CZ  TYR D 181      11.437  40.785   4.254  1.00 40.93      GZ00 C
ATOM   3019  OH  TYR D 181      12.335  41.092   5.250  1.00 36.93      GZ00 O
ATOM   3020  N   LEU D 182       8.137  37.878  -1.576  1.00 39.63      GZ00 N
ATOM   3021  CA  LEU D 182       7.075  37.312  -2.399  1.00 48.32      GZ00 C
ATOM   3022  C   LEU D 182       6.258  36.347  -1.533  1.00 49.68      GZ00 C
ATOM   3023  O   LEU D 182       6.774  35.321  -1.072  1.00 44.59      GZ00 O
ATOM   3024  CB  LEU D 182       7.672  36.616  -3.621  1.00 45.93      GZ00 C
ATOM   3025  CG  LEU D 182       6.711  35.859  -4.540  1.00 54.86      GZ00 C
ATOM   3026  CD1 LEU D 182       5.643  36.822  -5.050  1.00 49.90      GZ00 C
ATOM   3027  CD2 LEU D 182       7.467  35.191  -5.703  1.00 43.02      GZ00 C
ATOM   3028  N   SER D 183       4.992  36.680  -1.295  1.00 52.23      GZ00 N
ATOM   3029  CA  SER D 183       4.099  35.806  -0.538  1.00 47.98      GZ00 C
ATOM   3030  C   SER D 183       3.397  34.840  -1.481  1.00 47.04      GZ00 C
ATOM   3031  O   SER D 183       2.956  35.225  -2.564  1.00 52.72      GZ00 O
ATOM   3032  CB  SER D 183       3.072  36.608   0.251  1.00 45.88      GZ00 C
ATOM   3033  OG  SER D 183       3.720  37.533   1.102  1.00 53.76      GZ00 O
ATOM   3034  N   LEU D 184       3.356  33.574  -1.088  1.00 51.61      GZ00 N
ATOM   3035  CA  LEU D 184       2.741  32.523  -1.874  1.00 51.65      GZ00 C
ATOM   3036  C   LEU D 184       1.951  31.621  -0.944  1.00 60.30      GZ00 C
ATOM   3037  O   LEU D 184       2.089  31.679   0.284  1.00 57.40      GZ00 O
ATOM   3038  CB  LEU D 184       3.777  31.687  -2.623  1.00 53.86      GZ00 C
ATOM   3039  CG  LEU D 184       4.672  32.341  -3.654  1.00 51.77      GZ00 C
ATOM   3040  CD1 LEU D 184       5.638  31.317  -4.213  1.00 50.48      GZ00 C
ATOM   3041  CD2 LEU D 184       3.803  32.927  -4.738  1.00 58.87      GZ00 C
ATOM   3042  N   THR D 185       1.097  30.745  -1.569  1.00 63.83      GZ00 N
ATOM   3043  CA  THR D 185       0.577  29.598  -0.843  1.00 63.50      GZ00 C
ATOM   3044  C   THR D 185       1.550  28.438  -0.977  1.00 60.27      GZ00 C
ATOM   3045  O   THR D 185       2.270  28.332  -1.982  1.00 54.12      GZ00 O
ATOM   3046  CB  THR D 185      -0.782  29.160  -1.397  1.00 58.04      GZ00 C
ATOM   3047  OG1 THR D 185      -0.611  28.645  -2.727  1.00 62.01      GZ00 O
ATOM   3048  CG2 THR D 185      -1.765  30.324  -1.417  1.00 49.17      GZ00 C
ATOM   3049  N   PRO D 186       1.567  27.545   0.008  1.00 56.65      GZ00 N
ATOM   3050  CA  PRO D 186       2.337  26.307  -0.160  1.00 61.35      GZ00 C
```

```
ATOM   3051  C   PRO D 186       2.054  25.617  -1.484  1.00 70.92      GZ00 C
ATOM   3052  O   PRO D 186       2.972  25.043  -2.089  1.00 71.62      GZ00 O
ATOM   3053  CB  PRO D 186       1.893  25.474   1.047  1.00 64.94      GZ00 C
ATOM   3054  CG  PRO D 186       1.565  26.502   2.095  1.00 56.23      GZ00 C
ATOM   3055  CD  PRO D 186       0.970  27.657   1.353  1.00 57.72      GZ00 C
ATOM   3056  N   GLU D 187       0.815  25.725  -1.981  1.00 72.13      GZ00 N
ATOM   3057  CA  GLU D 187       0.440  25.117  -3.255  1.00 73.38      GZ00 C
ATOM   3058  C   GLU D 187       1.182  25.782  -4.408  1.00 71.22      GZ00 C
ATOM   3059  O   GLU D 187       1.817  25.105  -5.229  1.00 67.47      GZ00 O
ATOM   3060  CB  GLU D 187      -1.074  25.235  -3.473  1.00 72.72      GZ00 C
ATOM   3061  CG  GLU D 187      -1.909  25.465  -2.206  1.00 73.60      GZ00 C
ATOM   3062  CD  GLU D 187      -1.655  24.438  -1.114  1.00 91.17      GZ00 C
ATOM   3063  OE1 GLU D 187      -1.492  23.239  -1.442  1.00 95.11      GZ00 O
ATOM   3064  OE2 GLU D 187      -1.608  24.842   0.072  1.00 86.41      GZ00 O1-
ATOM   3065  N   GLN D 188       1.080  27.116  -4.499  1.00 63.92      GZ00 N
ATOM   3066  CA  GLN D 188       1.803  27.852  -5.532  1.00 67.27      GZ00 C
ATOM   3067  C   GLN D 188       3.302  27.589  -5.466  1.00 68.44      GZ00 C
ATOM   3068  O   GLN D 188       3.959  27.448  -6.507  1.00 68.93      GZ00 O
ATOM   3069  CB  GLN D 188       1.524  29.347  -5.411  1.00 69.32      GZ00 C
ATOM   3070  CG  GLN D 188       0.092  29.737  -5.677  1.00 64.52      GZ00 C
ATOM   3071  CD  GLN D 188      -0.225  31.124  -5.174  1.00 74.32      GZ00 C
ATOM   3072  OE1 GLN D 188       0.362  31.585  -4.199  1.00 75.61      GZ00 O
ATOM   3073  NE2 GLN D 188      -1.147  31.808  -5.847  1.00 79.67      GZ00 N
ATOM   3074  N   TRP D 189       3.865  27.522  -4.255  1.00 65.05      GZ00 N
ATOM   3075  CA  TRP D 189       5.304  27.301  -4.130  1.00 65.52      GZ00 C
ATOM   3076  C   TRP D 189       5.697  25.960  -4.734  1.00 70.69      GZ00 C
ATOM   3077  O   TRP D 189       6.669  25.871  -5.497  1.00 69.56      GZ00 O
ATOM   3078  CB  TRP D 189       5.730  27.397  -2.659  1.00 64.52      GZ00 C
ATOM   3079  CG  TRP D 189       7.127  26.879  -2.336  1.00 69.67      GZ00 C
ATOM   3080  CD1 TRP D 189       7.448  25.892  -1.442  1.00 67.82      GZ00 C
ATOM   3081  CD2 TRP D 189       8.372  27.335  -2.885  1.00 66.64      GZ00 C
ATOM   3082  NE1 TRP D 189       8.806  25.699  -1.414  1.00 62.01      GZ00 N
ATOM   3083  CE2 TRP D 189       9.399  26.569  -2.287  1.00 64.99      GZ00 C
ATOM   3084  CE3 TRP D 189       8.720  28.305  -3.833  1.00 68.36      GZ00 C
ATOM   3085  CZ2 TRP D 189      10.750  26.753  -2.592  1.00 66.69      GZ00 C
ATOM   3086  CZ3 TRP D 189      10.067  28.481  -4.146  1.00 68.79      GZ00 C
ATOM   3087  CH2 TRP D 189      11.064  27.704  -3.527  1.00 63.38      GZ00 C
ATOM   3088  N   LYS D 190       4.925  24.909  -4.437  1.00 74.93      GZ00 N
ATOM   3089  CA  LYS D 190       5.269  23.562  -4.875  1.00 74.61      GZ00 C
ATOM   3090  C   LYS D 190       4.919  23.317  -6.334  1.00 72.06      GZ00 C
ATOM   3091  O   LYS D 190       5.471  22.395  -6.946  1.00 76.50      GZ00 O
ATOM   3092  CB  LYS D 190       4.556  22.538  -3.988  1.00 72.08      GZ00 C
ATOM   3093  CG  LYS D 190       5.012  22.585  -2.539  1.00 73.58      GZ00 C
ATOM   3094  CD  LYS D 190       4.154  21.723  -1.635  1.00 86.29      GZ00 C
ATOM   3095  CE  LYS D 190       4.625  21.833  -0.191  1.00 92.57      GZ00 C
ATOM   3096  NZ  LYS D 190       3.732  21.118   0.762  1.00 99.72      GZ00 N1+
ATOM   3097  N   SER D 191       4.050  24.142  -6.915  1.00 68.71      GZ00 N
ATOM   3098  CA  SER D 191       3.582  23.882  -8.272  1.00 73.46      GZ00 C
ATOM   3099  C   SER D 191       4.650  24.213  -9.315  1.00 72.57      GZ00 C
ATOM   3100  O   SER D 191       4.878  23.431 -10.244  1.00 79.90      GZ00 O
ATOM   3101  CB  SER D 191       2.289  24.655  -8.529  1.00 70.09      GZ00 C
ATOM   3102  OG  SER D 191       2.531  26.044  -8.539  1.00 81.55      GZ00 O
ATOM   3103  N   HIS D 192       5.313  25.363  -9.190  1.00 72.67      GZ00 N
ATOM   3104  CA  HIS D 192       6.267  25.792 -10.210  1.00 69.13      GZ00 C
ATOM   3105  C   HIS D 192       7.641  25.135 -10.038  1.00 66.99      GZ00 C
ATOM   3106  O   HIS D 192       8.020  24.695  -8.951  1.00 72.31      GZ00 O
ATOM   3107  CB  HIS D 192       6.420  27.313 -10.199  1.00 72.85      GZ00 C
ATOM   3108  CG  HIS D 192       5.178  28.049 -10.597  1.00 71.64      GZ00 C
ATOM   3109  ND1 HIS D 192       4.172  28.355  -9.704  1.00 70.93      GZ00 N
ATOM   3110  CD2 HIS D 192       4.763  28.504 -11.803  1.00 68.93      GZ00 C
ATOM   3111  CE1 HIS D 192       3.202  28.990 -10.338  1.00 65.00      GZ00 C
ATOM   3112  NE2 HIS D 192       3.534  29.089 -11.614  1.00 73.86      GZ00 N
ATOM   3113  N   ARG D 193       8.390  25.070 -11.148  1.00 64.89      GZ00 N
ATOM   3114  CA  ARG D 193       9.731  24.476 -11.135  1.00 69.27      GZ00 C
ATOM   3115  C   ARG D 193      10.705  25.313 -10.313  1.00 67.85      GZ00 C
ATOM   3116  O   ARG D 193      11.542  24.769  -9.586  1.00 68.86      GZ00 O
ATOM   3117  CB  ARG D 193      10.269  24.354 -12.565  1.00 71.73      GZ00 C
ATOM   3118  CG  ARG D 193       9.414  23.557 -13.540  1.00 81.33      GZ00 C
ATOM   3119  CD  ARG D 193       9.846  23.822 -14.993  1.00 88.10      GZ00 C
ATOM   3120  NE  ARG D 193       8.722  24.419 -15.728  1.00 99.94      GZ00 N
ATOM   3121  CZ  ARG D 193       8.814  25.092 -16.875  1.00101.58      GZ00 C
```

```
ATOM   3122  NH1 ARG D 193       7.716  25.589 -17.441  1.00 88.37      GZ00 N1+
ATOM   3123  NH2 ARG D 193       9.997  25.305 -17.440  1.00 99.51      GZ00 N
ATOM   3124  N   SER D 194      10.619  26.637 -10.428  1.00 68.05      GZ00 N
ATOM   3125  CA  SER D 194      11.553  27.534  -9.768  1.00 62.46      GZ00 C
ATOM   3126  C   SER D 194      10.936  28.917  -9.658  1.00 66.77      GZ00 C
ATOM   3127  O   SER D 194       9.957  29.242 -10.334  1.00 71.03      GZ00 O
ATOM   3128  CB  SER D 194      12.876  27.622 -10.529  1.00 66.04      GZ00 C
ATOM   3129  OG  SER D 194      12.739  28.441 -11.681  1.00 66.32      GZ00 O
ATOM   3130  N   TYR D 195      11.520  29.722  -8.782  1.00 64.92      GZ00 N
ATOM   3131  CA  TYR D 195      11.219  31.142  -8.688  1.00 63.56      GZ00 C
ATOM   3132  C   TYR D 195      12.522  31.927  -8.748  1.00 61.50      GZ00 C
ATOM   3133  O   TYR D 195      13.580  31.431  -8.351  1.00 54.93      GZ00 O
ATOM   3134  CB  TYR D 195      10.481  31.482  -7.408  1.00 57.26      GZ00 C
ATOM   3135  CG  TYR D 195       9.037  31.058  -7.392  1.00 64.67      GZ00 C
ATOM   3136  CD1 TYR D 195       8.679  29.742  -7.126  1.00 69.64      GZ00 C
ATOM   3137  CD2 TYR D 195       8.025  31.986  -7.618  1.00 66.11      GZ00 C
ATOM   3138  CE1 TYR D 195       7.350  29.362  -7.094  1.00 72.89      GZ00 C
ATOM   3139  CE2 TYR D 195       6.704  31.621  -7.592  1.00 63.75      GZ00 C
ATOM   3140  CZ  TYR D 195       6.369  30.311  -7.336  1.00 69.62      GZ00 C
ATOM   3141  OH  TYR D 195       5.043  29.958  -7.309  1.00 71.41      GZ00 O
ATOM   3142  N   SER D 196      12.441  33.161  -9.235  1.00 58.30      GZ00 N
ATOM   3143  CA  SER D 196      13.627  33.990  -9.396  1.00 54.75      GZ00 C
ATOM   3144  C   SER D 196      13.387  35.383  -8.852  1.00 52.46      GZ00 C
ATOM   3145  O   SER D 196      12.282  35.924  -8.944  1.00 50.50      GZ00 O
ATOM   3146  CB  SER D 196      14.068  34.102 -10.856  1.00 55.06      GZ00 C
ATOM   3147  OG  SER D 196      14.543  32.862 -11.337  1.00 59.56      GZ00 O
ATOM   3148  N   CYS D 197      14.434  35.941  -8.263  1.00 51.88      GZ00 N
ATOM   3149  CA  CYS D 197      14.485  37.334  -7.862  1.00 48.95      GZ00 C
ATOM   3150  C   CYS D 197      15.499  38.031  -8.771  1.00 49.99      GZ00 C
ATOM   3151  O   CYS D 197      16.667  37.641  -8.809  1.00 46.06      GZ00 O
ATOM   3152  CB  CYS D 197      14.868  37.443  -6.389  1.00 50.65      GZ00 C
ATOM   3153  SG  CYS D 197      14.970  39.121  -5.807  1.00 59.52      GZ00 S
ATOM   3154  N   GLN D 198      15.048  39.021  -9.538  1.00 50.95      GZ00 N
ATOM   3155  CA  GLN D 198      15.912  39.731 -10.476  1.00 45.62      GZ00 C
ATOM   3156  C   GLN D 198      16.058  41.165 -10.006  1.00 45.99      GZ00 C
ATOM   3157  O   GLN D 198      15.064  41.888  -9.860  1.00 43.74      GZ00 O
ATOM   3158  CB  GLN D 198      15.372  39.667 -11.901  1.00 43.17      GZ00 C
ATOM   3159  CG  GLN D 198      15.534  38.283 -12.527  1.00 59.20      GZ00 C
ATOM   3160  CD  GLN D 198      14.770  38.107 -13.837  1.00 67.77      GZ00 C
ATOM   3161  OE1 GLN D 198      14.034  38.996 -14.273  1.00 68.74      GZ00 O
ATOM   3162  NE2 GLN D 198      14.933  36.945 -14.460  1.00 69.92      GZ00 N
ATOM   3163  N   VAL D 199      17.291  41.556  -9.722  1.00 43.86      GZ00 N
ATOM   3164  CA  VAL D 199      17.600  42.869  -9.177  1.00 43.86      GZ00 C
ATOM   3165  C   VAL D 199      18.389  43.626 -10.233  1.00 44.40      GZ00 C
ATOM   3166  O   VAL D 199      19.480  43.197 -10.619  1.00 41.88      GZ00 O
ATOM   3167  CB  VAL D 199      18.389  42.750  -7.865  1.00 40.13      GZ00 C
ATOM   3168  CG1 VAL D 199      18.560  44.088  -7.241  1.00 33.53      GZ00 C
ATOM   3169  CG2 VAL D 199      17.679  41.778  -6.906  1.00 37.93      GZ00 C
ATOM   3170  N   THR D 200      17.838  44.732 -10.719  1.00 43.84      GZ00 N
ATOM   3171  CA  THR D 200      18.513  45.558 -11.712  1.00 42.52      GZ00 C
ATOM   3172  C   THR D 200      19.125  46.783 -11.044  1.00 39.89      GZ00 C
ATOM   3173  O   THR D 200      18.442  47.506 -10.310  1.00 39.87      GZ00 O
ATOM   3174  CB  THR D 200      17.542  45.987 -12.813  1.00 48.84      GZ00 C
ATOM   3175  OG1 THR D 200      16.958  44.805 -13.380  1.00 46.64      GZ00 O
ATOM   3176  CG2 THR D 200      18.290  46.806 -13.918  1.00 33.12      GZ00 C
ATOM   3177  N   HIS D 201      20.406  47.016 -11.313  1.00 40.27      GZ00 N
ATOM   3178  CA  HIS D 201      21.145  48.125 -10.723  1.00 39.47      GZ00 C
ATOM   3179  C   HIS D 201      22.047  48.723 -11.790  1.00 44.85      GZ00 C
ATOM   3180  O   HIS D 201      22.892  48.013 -12.345  1.00 39.41      GZ00 O
ATOM   3181  CB  HIS D 201      21.973  47.660  -9.532  1.00 37.22      GZ00 C
ATOM   3182  CG  HIS D 201      22.797  48.738  -8.905  1.00 34.72      GZ00 C
ATOM   3183  ND1 HIS D 201      24.134  48.915  -9.190  1.00 33.61      GZ00 N
ATOM   3184  CD2 HIS D 201      22.486  49.658  -7.960  1.00 33.33      GZ00 C
ATOM   3185  CE1 HIS D 201      24.608  49.907  -8.455  1.00 40.99      GZ00 C
ATOM   3186  NE2 HIS D 201      23.628  50.377  -7.699  1.00 33.68      GZ00 N
ATOM   3187  N   GLU D 202      21.840  50.010 -12.100  1.00 47.82      GZ00 N
ATOM   3188  CA  GLU D 202      22.672  50.726 -13.064  1.00 45.90      GZ00 C
ATOM   3189  C   GLU D 202      22.753  49.963 -14.385  1.00 44.77      GZ00 C
ATOM   3190  O   GLU D 202      23.828  49.757 -14.947  1.00 45.87      GZ00 O
ATOM   3191  CB  GLU D 202      24.068  50.973 -12.485  1.00 40.73      GZ00 C
ATOM   3192  CG  GLU D 202      24.078  51.833 -11.241  1.00 37.51      GZ00 C
```

```
ATOM   3193  CD  GLU D 202      23.780  53.301 -11.543  1.00 53.62      GZ00 C
ATOM   3194  OE1 GLU D 202      24.472  53.880 -12.414  1.00 54.80      GZ00 O
ATOM   3195  OE2 GLU D 202      22.853  53.878 -10.924  1.00 56.28      GZ00 O1-
ATOM   3196  N   GLY D 203      21.600  49.498 -14.862  1.00 40.18      GZ00 N
ATOM   3197  CA  GLY D 203      21.584  48.775 -16.117  1.00 41.95      GZ00 C
ATOM   3198  C   GLY D 203      22.137  47.357 -16.110  1.00 51.05      GZ00 C
ATOM   3199  O   GLY D 203      22.259  46.760 -17.186  1.00 50.18      GZ00 O
ATOM   3200  N   SER D 206      22.505  46.793 -14.958  1.00 47.41      GZ00 N
ATOM   3201  CA  SER D 206      22.921  45.390 -14.906  1.00 50.13      GZ00 C
ATOM   3202  C   SER D 206      22.101  44.640 -13.874  1.00 46.73      GZ00 C
ATOM   3203  O   SER D 206      21.921  45.117 -12.747  1.00 45.75      GZ00 O
ATOM   3204  CB  SER D 206      24.404  45.243 -14.607  1.00 46.12      GZ00 C
ATOM   3205  OG  SER D 206      25.155  45.750 -15.688  1.00 57.53      GZ00 O
ATOM   3206  N   THR D 207      21.592  43.477 -14.262  1.00 41.69      GZ00 N
ATOM   3207  CA  THR D 207      20.697  42.720 -13.400  1.00 50.12      GZ00 C
ATOM   3208  C   THR D 207      21.425  41.525 -12.797  1.00 47.45      GZ00 C
ATOM   3209  O   THR D 207      22.129  40.793 -13.501  1.00 43.02      GZ00 O
ATOM   3210  CB  THR D 207      19.449  42.249 -14.155  1.00 49.49      GZ00 C
ATOM   3211  OG1 THR D 207      19.797  41.130 -14.968  1.00 59.30      GZ00 O
ATOM   3212  CG2 THR D 207      18.885  43.358 -15.031  1.00 37.86      GZ00 C
ATOM   3213  N   VAL D 208      21.234  41.328 -11.495  1.00 45.06      GZ00 N
ATOM   3214  CA  VAL D 208      21.724  40.163 -10.767  1.00 49.03      GZ00 C
ATOM   3215  C   VAL D 208      20.514  39.301 -10.447  1.00 44.06      GZ00 C
ATOM   3216  O   VAL D 208      19.493  39.815  -9.974  1.00 50.95      GZ00 O
ATOM   3217  CB  VAL D 208      22.467  40.579  -9.484  1.00 48.97      GZ00 C
ATOM   3218  CG1 VAL D 208      22.858  39.372  -8.668  1.00 41.12      GZ00 C
ATOM   3219  CG2 VAL D 208      23.700  41.376  -9.829  1.00 39.61      GZ00 C
ATOM   3220  N   GLU D 209      20.614  38.005 -10.709  1.00 41.82      GZ00 N
ATOM   3221  CA  GLU D 209      19.483  37.103 -10.538  1.00 43.40      GZ00 C
ATOM   3222  C   GLU D 209      19.835  35.970  -9.586  1.00 50.61      GZ00 C
ATOM   3223  O   GLU D 209      20.917  35.383  -9.674  1.00 57.28      GZ00 O
ATOM   3224  CB  GLU D 209      19.042  36.508 -11.873  1.00 49.58      GZ00 C
ATOM   3225  CG  GLU D 209      17.851  35.561 -11.761  1.00 62.21      GZ00 C
ATOM   3226  CD  GLU D 209      17.419  34.999 -13.108  1.00 75.52      GZ00 C
ATOM   3227  OE1 GLU D 209      17.297  33.759 -13.240  1.00 85.24      GZ00 O
ATOM   3228  OE2 GLU D 209      17.155  35.806 -14.026  1.00 77.80      GZ00 O1-
ATOM   3229  N   LYS D 210      18.902  35.636  -8.705  1.00 48.46      GZ00 N
ATOM   3230  CA  LYS D 210      19.006  34.443  -7.885  1.00 52.58      GZ00 C
ATOM   3231  C   LYS D 210      17.741  33.630  -8.066  1.00 49.39      GZ00 C
ATOM   3232  O   LYS D 210      16.639  34.182  -8.150  1.00 51.83      GZ00 O
ATOM   3233  CB  LYS D 210      19.228  34.785  -6.401  1.00 50.40      GZ00 C
ATOM   3234  CG  LYS D 210      20.608  35.341  -6.116  1.00 46.93      GZ00 C
ATOM   3235  CD  LYS D 210      21.675  34.454  -6.726  1.00 45.41      GZ00 C
ATOM   3236  CE  LYS D 210      23.095  35.008  -6.476  1.00 52.18      GZ00 C
ATOM   3237  NZ  LYS D 210      23.541  34.804  -5.069  1.00 57.98      GZ00 N1+
ATOM   3238  N   THR D 211      17.900  32.324  -8.168  1.00 47.49      GZ00 N
ATOM   3239  CA  THR D 211      16.750  31.460  -8.337  1.00 56.28      GZ00 C
ATOM   3240  C   THR D 211      16.772  30.374  -7.276  1.00 53.77      GZ00 C
ATOM   3241  O   THR D 211      17.832  29.917  -6.845  1.00 60.67      GZ00 O
ATOM   3242  CB  THR D 211      16.708  30.815  -9.722  1.00 53.88      GZ00 C
ATOM   3243  OG1 THR D 211      17.474  29.617  -9.690  1.00 68.57      GZ00 O
ATOM   3244  CG2 THR D 211      17.315  31.729 -10.774  1.00 54.97      GZ00 C
ATOM   3245  N   VAL D 212      15.583  29.943  -6.893  1.00 54.81      GZ00 N
ATOM   3246  CA  VAL D 212      15.393  28.942  -5.858  1.00 54.01      GZ00 C
ATOM   3247  C   VAL D 212      14.264  28.011  -6.313  1.00 62.68      GZ00 C
ATOM   3248  O   VAL D 212      13.334  28.429  -7.016  1.00 62.49      GZ00 O
ATOM   3249  CB  VAL D 212      15.121  29.656  -4.510  1.00 51.80      GZ00 C
ATOM   3250  CG1 VAL D 212      13.642  30.033  -4.363  1.00 48.35      GZ00 C
ATOM   3251  CG2 VAL D 212      15.626  28.849  -3.351  1.00 63.22      GZ00 C
ATOM   3252  N   ALA D 213      14.367  26.729  -5.951  1.00 62.74      GZ00 N
ATOM   3253  CA  ALA D 213      13.422  25.713  -6.406  1.00 61.72      GZ00 C
ATOM   3254  C   ALA D 213      12.828  24.959  -5.225  1.00 66.88      GZ00 C
ATOM   3255  O   ALA D 213      13.502  24.746  -4.213  1.00 69.81      GZ00 O
ATOM   3256  CB  ALA D 213      14.074  24.712  -7.370  1.00 52.61      GZ00 C
ATOM   3257  N   PRO D 214      11.554  24.566  -5.318  1.00 71.94      GZ00 N
ATOM   3258  CA  PRO D 214      10.911  23.880  -4.181  1.00 73.82      GZ00 C
ATOM   3259  C   PRO D 214      11.485  22.508  -3.872  1.00 83.15      GZ00 C
ATOM   3260  O   PRO D 214      11.296  22.024  -2.748  1.00 87.02      GZ00 O
ATOM   3261  CB  PRO D 214       9.437  23.798  -4.599  1.00 71.13      GZ00 C
ATOM   3262  CG  PRO D 214       9.430  24.016  -6.077  1.00 76.39      GZ00 C
ATOM   3263  CD  PRO D 214      10.598  24.897  -6.388  1.00 73.27      GZ00 C
```

```
ATOM   3264  N   THR D 215      12.167  21.863  -4.815  1.00 81.47      GZ00 N
ATOM   3265  CA  THR D 215      12.918  20.647  -4.512  1.00 88.36      GZ00 C
ATOM   3266  C   THR D 215      14.100  21.003  -3.608  1.00 95.90      GZ00 C
ATOM   3267  O   THR D 215      15.126  21.513  -4.071  1.00 92.30      GZ00 O
ATOM   3268  CB  THR D 215      13.383  19.978  -5.802  1.00 93.99      GZ00 C
ATOM   3269  OG1 THR D 215      14.373  20.797  -6.434  1.00 97.00      GZ00 O
ATOM   3270  CG2 THR D 215      12.210  19.791  -6.759  1.00 92.11      GZ00 C
ATOM   3271  N   GLU D 216      13.956  20.757  -2.306  1.00 96.37      GZ00 N
ATOM   3272  CA  GLU D 216      14.997  21.115  -1.340  1.00 94.49      GZ00 C
ATOM   3273  C   GLU D 216      15.586  19.863  -0.689  1.00103.70      GZ00 C
ATOM   3274  O   GLU D 216      16.586  19.934   0.031  1.00103.19      GZ00 O
ATOM   3275  CB  GLU D 216      14.453  22.060  -0.258  1.00 98.63      GZ00 C
ATOM   3276  CG  GLU D 216      14.051  23.474  -0.741  1.00 99.48      GZ00 C
ATOM   3277  CD  GLU D 216      13.551  24.375   0.397  1.00 94.82      GZ00 C
ATOM   3278  OE1 GLU D 216      14.356  24.704   1.304  1.00 90.53      GZ00 O
ATOM   3279  OE2 GLU D 216      12.349  24.740   0.394  1.00 84.44      GZ00 O1-
TER
ATOM   3280  N   GLN A   1     -34.534  69.246 -14.750  1.00 68.93           N
ATOM   3281  CA  GLN A   1     -35.181  70.408 -14.148  1.00 63.15           C
ATOM   3282  C   GLN A   1     -34.574  70.759 -12.783  1.00 64.87           C
ATOM   3283  O   GLN A   1     -34.907  70.176 -11.757  1.00 73.80           O
ATOM   3284  CB  GLN A   1     -36.678  70.168 -14.001  1.00 72.61           C
ATOM   3285  CG  GLN A   1     -37.438  71.350 -13.425  1.00 79.05           C
ATOM   3286  CD  GLN A   1     -38.607  70.901 -12.574  1.00 82.55           C
ATOM   3287  OE1 GLN A   1     -38.585  69.803 -12.013  1.00 76.25           O
ATOM   3288  NE2 GLN A   1     -39.638  71.743 -12.478  1.00 75.07           N
ATOM   3289  N   VAL A   2     -33.670  71.708 -12.792  1.00 52.55           N
ATOM   3290  CA  VAL A   2     -33.090  72.273 -11.587  1.00 39.46           C
ATOM   3291  C   VAL A   2     -33.760  73.615 -11.340  1.00 37.36           C
ATOM   3292  O   VAL A   2     -34.051  74.357 -12.286  1.00 42.98           O
ATOM   3293  CB  VAL A   2     -31.561  72.402 -11.744  1.00 37.95           C
ATOM   3294  CG1 VAL A   2     -30.942  73.173 -10.605  1.00 32.40           C
ATOM   3295  CG2 VAL A   2     -30.938  71.007 -11.812  1.00 38.29           C
ATOM   3296  N   GLN A   3     -34.074  73.905 -10.086  1.00 28.57           N
ATOM   3297  CA  GLN A   3     -34.530  75.234  -9.705  1.00 36.17           C
ATOM   3298  C   GLN A   3     -33.616  75.802  -8.623  1.00 32.07           C
ATOM   3299  O   GLN A   3     -33.291  75.112  -7.650  1.00 33.31           O
ATOM   3300  CB  GLN A   3     -35.981  75.198  -9.230  1.00 33.26           C
ATOM   3301  CG  GLN A   3     -36.980  75.166 -10.396  1.00 48.28           C
ATOM   3302  CD  GLN A   3     -38.422  75.482  -9.975  1.00 66.43           C
ATOM   3303  OE1 GLN A   3     -38.748  75.535  -8.779  1.00 59.16           O
ATOM   3304  NE2 GLN A   3     -39.284  75.714 -10.964  1.00 65.91           N
ATOM   3305  N   LEU A   4     -33.202  77.051  -8.798  1.00 28.83           N
ATOM   3306  CA  LEU A   4     -32.404  77.779  -7.823  1.00 34.07           C
ATOM   3307  C   LEU A   4     -33.199  79.004  -7.385  1.00 31.68           C
ATOM   3308  O   LEU A   4     -33.759  79.699  -8.231  1.00 35.93           O
ATOM   3309  CB  LEU A   4     -31.054  78.181  -8.431  1.00 31.35           C
ATOM   3310  CG  LEU A   4     -30.271  77.022  -9.054  1.00 35.66           C
ATOM   3311  CD1 LEU A   4     -29.061  77.538  -9.848  1.00 33.22           C
ATOM   3312  CD2 LEU A   4     -29.820  76.024  -7.986  1.00 28.58           C
ATOM   3313  N   VAL A   5     -33.296  79.236  -6.074  1.00 31.24           N
ATOM   3314  CA  VAL A   5     -34.075  80.340  -5.501  1.00 29.71           C
ATOM   3315  C   VAL A   5     -33.192  81.106  -4.521  1.00 30.40           C
ATOM   3316  O   VAL A   5     -32.883  80.594  -3.439  1.00 34.07           O
ATOM   3317  CB  VAL A   5     -35.352  79.849  -4.790  1.00 33.16           C
ATOM   3318  CG1 VAL A   5     -36.116  81.023  -4.194  1.00 22.32           C
ATOM   3319  CG2 VAL A   5     -36.244  79.088  -5.746  1.00 27.68           C
ATOM   3320  N   GLU A   6     -32.830  82.344  -4.866  1.00 27.45           N
ATOM   3321  CA  GLU A   6     -32.039  83.183  -3.970  1.00 34.31           C
ATOM   3322  C   GLU A   6     -32.938  83.895  -2.964  1.00 35.66           C
ATOM   3323  O   GLU A   6     -34.094  84.211  -3.250  1.00 35.15           O
ATOM   3324  CB  GLU A   6     -31.242  84.251  -4.738  1.00 35.33           C
ATOM   3325  CG  GLU A   6     -30.370  83.745  -5.877  1.00 36.08           C
ATOM   3326  CD  GLU A   6     -31.115  83.636  -7.209  1.00 39.10           C
ATOM   3327  OE1 GLU A   6     -32.369  83.508  -7.199  1.00 35.08           O
ATOM   3328  OE2 GLU A   6     -30.432  83.628  -8.263  1.00 35.04           O1-
ATOM   3329  N   SER A   7     -32.368  84.204  -1.800  1.00 36.13           N
ATOM   3330  CA  SER A   7     -33.075  84.945  -0.763  1.00 34.15           C
ATOM   3331  C   SER A   7     -32.033  85.588   0.132  1.00 31.67           C
ATOM   3332  O   SER A   7     -30.848  85.263   0.062  1.00 34.14           O
ATOM   3333  CB  SER A   7     -34.004  84.045   0.060  1.00 29.39           C
```

```
ATOM   3334  OG  SER A   7     -33.246  83.029   0.704  1.00 39.57           O
ATOM   3335  N   GLY A   8     -32.484  86.520   0.962  1.00 33.72           N
ATOM   3336  CA  GLY A   8     -31.621  87.148   1.934  1.00 31.16           C
ATOM   3337  C   GLY A   8     -31.165  88.543   1.590  1.00 40.14           C
ATOM   3338  O   GLY A   8     -30.323  89.095   2.311  1.00 41.88           O
ATOM   3339  N   GLY A   9     -31.679  89.131   0.518  1.00 30.46           N
ATOM   3340  CA  GLY A   9     -31.281  90.478   0.150  1.00 42.56           C
ATOM   3341  C   GLY A   9     -31.699  91.554   1.150  1.00 45.12           C
ATOM   3342  O   GLY A   9     -31.989  91.303   2.319  1.00 45.51           O
ATOM   3343  N   GLY A  10     -31.614  92.794   0.695  1.00 40.16           N
ATOM   3344  CA  GLY A  10     -32.173  93.880   1.461  1.00 36.55           C
ATOM   3345  C   GLY A  10     -31.303  95.118   1.379  1.00 41.88           C
ATOM   3346  O   GLY A  10     -30.334  95.184   0.617  1.00 34.74           O
ATOM   3347  N   VAL A  11     -31.676  96.112   2.184  1.00 37.50           N
ATOM   3348  CA  VAL A  11     -30.953  97.369   2.303  1.00 38.58           C
ATOM   3349  C   VAL A  11     -30.020  97.243   3.493  1.00 43.54           C
ATOM   3350  O   VAL A  11     -30.423  96.759   4.555  1.00 47.55           O
ATOM   3351  CB  VAL A  11     -31.911  98.559   2.483  1.00 48.63           C
ATOM   3352  CG1 VAL A  11     -31.118  99.850   2.585  1.00 43.07           C
ATOM   3353  CG2 VAL A  11     -32.901  98.626   1.323  1.00 45.11           C
ATOM   3354  N   VAL A  12     -28.773  97.676   3.324  1.00 36.28           N
ATOM   3355  CA  VAL A  12     -27.767  97.511   4.364  1.00 44.38           C
ATOM   3356  C   VAL A  12     -26.802  98.696   4.298  1.00 42.35           C
ATOM   3357  O   VAL A  12     -26.638  99.336   3.253  1.00 42.56           O
ATOM   3358  CB  VAL A  12     -27.051  96.138   4.207  1.00 47.04           C
ATOM   3359  CG1 VAL A  12     -26.272  96.069   2.897  1.00 44.35           C
ATOM   3360  CG2 VAL A  12     -26.125  95.864   5.359  1.00 49.20           C
ATOM   3361  N   GLN A  13     -26.197  99.009   5.427  1.00 43.55           N
ATOM   3362  CA  GLN A  13     -25.312 100.156   5.405  1.00 44.17           C
ATOM   3363  C   GLN A  13     -23.884  99.743   5.086  1.00 47.16           C
ATOM   3364  O   GLN A  13     -23.471  98.619   5.399  1.00 45.14           O
ATOM   3365  CB  GLN A  13     -25.334 100.881   6.734  1.00 45.16           C
ATOM   3366  CG  GLN A  13     -26.698 101.357   7.135  1.00 59.94           C
ATOM   3367  CD  GLN A  13     -26.607 102.516   8.099  1.00 69.00           C
ATOM   3368  OE1 GLN A  13     -26.037 103.566   7.771  1.00 69.47           O
ATOM   3369  NE2 GLN A  13     -27.151 102.335   9.297  1.00 70.89           N
ATOM   3370  N   PRO A  14     -23.132 100.657   4.472  1.00 41.71           N
ATOM   3371  CA  PRO A  14     -21.726 100.372   4.167  1.00 38.64           C
ATOM   3372  C   PRO A  14     -21.001  99.888   5.411  1.00 41.46           C
ATOM   3373  O   PRO A  14     -21.225 100.390   6.512  1.00 43.96           O
ATOM   3374  CB  PRO A  14     -21.191 101.725   3.683  1.00 36.30           C
ATOM   3375  CG  PRO A  14     -22.417 102.449   3.166  1.00 37.34           C
ATOM   3376  CD  PRO A  14     -23.553 101.995   4.015  1.00 42.17           C
ATOM   3377  N   GLY A  15     -20.150  98.877   5.237  1.00 39.52           N
ATOM   3378  CA  GLY A  15     -19.389  98.318   6.335  1.00 35.94           C
ATOM   3379  C   GLY A  15     -20.077  97.199   7.088  1.00 40.72           C
ATOM   3380  O   GLY A  15     -19.407  96.463   7.826  1.00 44.51           O
ATOM   3381  N   ARG A  16     -21.388  97.045   6.924  1.00 39.84           N
ATOM   3382  CA  ARG A  16     -22.114  95.953   7.556  1.00 53.52           C
ATOM   3383  C   ARG A  16     -21.962  94.660   6.746  1.00 46.84           C
ATOM   3384  O   ARG A  16     -21.259  94.600   5.727  1.00 39.84           O
ATOM   3385  CB  ARG A  16     -23.592  96.303   7.706  1.00 54.09           C
ATOM   3386  CG  ARG A  16     -23.880  97.531   8.533  1.00 61.92           C
ATOM   3387  CD  ARG A  16     -23.430  97.323   9.960  1.00 69.75           C
ATOM   3388  NE  ARG A  16     -24.436  97.796  10.906  1.00 97.69           N
ATOM   3389  CZ  ARG A  16     -24.245  97.901  12.218  1.00105.26           C
ATOM   3390  NH1 ARG A  16     -23.075  97.566  12.754  1.00 97.15           N1+
ATOM   3391  NH2 ARG A  16     -25.226  98.346  12.995  1.00108.93           N
ATOM   3392  N   SER A  17     -22.664  93.625   7.206  1.00 37.36           N
ATOM   3393  CA  SER A  17     -22.586  92.271   6.692  1.00 37.19           C
ATOM   3394  C   SER A  17     -23.962  91.796   6.274  1.00 41.75           C
ATOM   3395  O   SER A  17     -24.980  92.251   6.795  1.00 39.73           O
ATOM   3396  CB  SER A  17     -22.044  91.275   7.738  1.00 42.19           C
ATOM   3397  OG  SER A  17     -20.664  91.495   7.994  1.00 55.67           O
ATOM   3398  N   LEU A  18     -23.976  90.833   5.361  1.00 40.66           N
ATOM   3399  CA  LEU A  18     -25.220  90.256   4.877  1.00 42.98           C
ATOM   3400  C   LEU A  18     -24.901  88.861   4.361  1.00 40.59           C
ATOM   3401  O   LEU A  18     -23.804  88.623   3.850  1.00 41.78           O
ATOM   3402  CB  LEU A  18     -25.806  91.135   3.773  1.00 44.15           C
ATOM   3403  CG  LEU A  18     -27.278  91.269   3.460  1.00 54.36           C
ATOM   3404  CD1 LEU A  18     -28.038  91.644   4.712  1.00 49.30           C
```

```
ATOM   3405  CD2 LEU A  18     -27.392  92.395   2.454  1.00 49.78           C
ATOM   3406  N   ARG A  19     -25.848  87.940   4.497  1.00 30.82           N
ATOM   3407  CA  ARG A  19     -25.670  86.595   3.965  1.00 34.82           C
ATOM   3408  C   ARG A  19     -26.783  86.270   2.981  1.00 34.54           C
ATOM   3409  O   ARG A  19     -27.959  86.364   3.329  1.00 38.10           O
ATOM   3410  CB  ARG A  19     -25.635  85.549   5.073  1.00 35.74           C
ATOM   3411  CG  ARG A  19     -25.012  84.268   4.606  1.00 37.23           C
ATOM   3412  CD  ARG A  19     -25.223  83.128   5.579  1.00 38.05           C
ATOM   3413  NE  ARG A  19     -26.633  82.826   5.730  1.00 39.69           N
ATOM   3414  CZ  ARG A  19     -27.107  81.838   6.477  1.00 47.15           C
ATOM   3415  NH1 ARG A  19     -28.419  81.642   6.559  1.00 43.39           N1+
ATOM   3416  NH2 ARG A  19     -26.271  81.043   7.130  1.00 46.94           N
ATOM   3417  N   LEU A  20     -26.416  85.921   1.750  1.00 33.95           N
ATOM   3418  CA  LEU A  20     -27.386  85.431   0.783  1.00 32.04           C
ATOM   3419  C   LEU A  20     -27.486  83.908   0.841  1.00 35.48           C
ATOM   3420  O   LEU A  20     -26.522  83.206   1.174  1.00 34.13           O
ATOM   3421  CB  LEU A  20     -27.019  85.873  -0.631  1.00 26.84           C
ATOM   3422  CG  LEU A  20     -26.829  87.380  -0.792  1.00 31.60           C
ATOM   3423  CD1 LEU A  20     -26.621  87.704  -2.261  1.00 25.55           C
ATOM   3424  CD2 LEU A  20     -28.028  88.140  -0.220  1.00 24.15           C
ATOM   3425  N   SER A  21     -28.675  83.403   0.528  1.00 33.17           N
ATOM   3426  CA  SER A  21     -28.924  81.976   0.391  1.00 32.39           C
ATOM   3427  C   SER A  21     -29.441  81.658  -1.002  1.00 34.28           C
ATOM   3428  O   SER A  21     -30.123  82.470  -1.633  1.00 35.15           O
ATOM   3429  CB  SER A  21     -29.944  81.457   1.411  1.00 29.91           C
ATOM   3430  OG  SER A  21     -29.401  81.456   2.706  1.00 32.59           O
ATOM   3431  N   CYS A  22     -29.122  80.452  -1.463  1.00 29.55           N
ATOM   3432  CA  CYS A  22     -29.608  79.954  -2.740  1.00 29.82           C
ATOM   3433  C   CYS A  22     -30.059  78.520  -2.506  1.00 34.08           C
ATOM   3434  O   CYS A  22     -29.225  77.635  -2.286  1.00 33.80           O
ATOM   3435  CB  CYS A  22     -28.515  80.040  -3.803  1.00 37.60           C
ATOM   3436  SG  CYS A  22     -28.846  79.175  -5.362  1.00 44.81           S
ATOM   3437  N   ALA A  23     -31.366  78.297  -2.544  1.00 27.47           N
ATOM   3438  CA  ALA A  23     -31.956  77.006  -2.235  1.00 31.62           C
ATOM   3439  C   ALA A  23     -32.152  76.263  -3.540  1.00 32.14           C
ATOM   3440  O   ALA A  23     -32.753  76.799  -4.480  1.00 32.98           O
ATOM   3441  CB  ALA A  23     -33.296  77.155  -1.500  1.00 23.36           C
ATOM   3442  N   ALA A  24     -31.646  75.037  -3.593  1.00 31.79           N
ATOM   3443  CA  ALA A  24     -31.642  74.239  -4.809  1.00 29.92           C
ATOM   3444  C   ALA A  24     -32.595  73.062  -4.685  1.00 29.71           C
ATOM   3445  O   ALA A  24     -32.735  72.476  -3.612  1.00 39.67           O
ATOM   3446  CB  ALA A  24     -30.238  73.724  -5.104  1.00 27.23           C
ATOM   3447  N   SER A  25     -33.239  72.708  -5.790  1.00 32.42           N
ATOM   3448  CA  SER A  25     -34.067  71.515  -5.851  1.00 28.53           C
ATOM   3449  C   SER A  25     -34.108  70.982  -7.273  1.00 34.80           C
ATOM   3450  O   SER A  25     -33.754  71.688  -8.228  1.00 28.65           O
ATOM   3451  CB  SER A  25     -35.484  71.822  -5.400  1.00 36.68           C
ATOM   3452  OG  SER A  25     -36.046  72.798  -6.269  1.00 34.63           O
ATOM   3453  N   GLY A  26     -34.558  69.720  -7.410  1.00 31.26           N
ATOM   3454  CA  GLY A  26     -34.824  69.150  -8.718  1.00 31.69           C
ATOM   3455  C   GLY A  26     -33.759  68.254  -9.323  1.00 50.48           C
ATOM   3456  O   GLY A  26     -33.944  67.786 -10.460  1.00 59.29           O
ATOM   3457  N   PHE A  27     -32.666  68.001  -8.613  1.00 34.76           N
ATOM   3458  CA  PHE A  27     -31.536  67.198  -9.082  1.00 36.25           C
ATOM   3459  C   PHE A  27     -30.495  67.347  -8.004  1.00 35.91           C
ATOM   3460  O   PHE A  27     -30.163  68.473  -7.622  1.00 41.91           O
ATOM   3461  CB  PHE A  27     -30.986  67.647 -10.455  1.00 34.34           C
ATOM   3462  CG  PHE A  27     -29.671  66.974 -10.868  1.00 35.77           C
ATOM   3463  CD1 PHE A  27     -29.467  65.601 -10.706  1.00 38.27           C
ATOM   3464  CD2 PHE A  27     -28.645  67.728 -11.455  1.00 39.96           C
ATOM   3465  CE1 PHE A  27     -28.246  64.992 -11.075  1.00 42.34           C
ATOM   3466  CE2 PHE A  27     -27.422  67.132 -11.848  1.00 39.02           C
ATOM   3467  CZ  PHE A  27     -27.221  65.758 -11.651  1.00 37.64           C
ATOM   3468  N   THR A  28     -29.960  66.224  -7.555  1.00 34.00           N
ATOM   3469  CA  THR A  28     -29.086  66.145  -6.398  1.00 32.16           C
ATOM   3470  C   THR A  28     -28.160  67.347  -6.297  1.00 32.73           C
ATOM   3471  O   THR A  28     -27.324  67.570  -7.174  1.00 34.74           O
ATOM   3472  CB  THR A  28     -28.286  64.858  -6.521  1.00 39.57           C
ATOM   3473  OG1 THR A  28     -29.211  63.801  -6.780  1.00 48.76           O
ATOM   3474  CG2 THR A  28     -27.527  64.570  -5.250  1.00 39.97           C
ATOM   3475  N   PHE A  29     -28.340  68.137  -5.232  1.00 37.84           N
```

```
ATOM   3476  CA  PHE A  29     -27.545  69.348  -5.012  1.00 34.13           C
ATOM   3477  C   PHE A  29     -26.050  69.063  -5.057  1.00 35.71           C
ATOM   3478  O   PHE A  29     -25.277  69.821  -5.666  1.00 31.39           O
ATOM   3479  CB  PHE A  29     -27.924  69.954  -3.661  1.00 33.04           C
ATOM   3480  CG  PHE A  29     -27.217  71.251  -3.309  1.00 29.10           C
ATOM   3481  CD1 PHE A  29     -27.347  72.386  -4.112  1.00 28.49           C
ATOM   3482  CD2 PHE A  29     -26.505  71.364  -2.117  1.00 30.52           C
ATOM   3483  CE1 PHE A  29     -26.748  73.607  -3.754  1.00 29.07           C
ATOM   3484  CE2 PHE A  29     -25.893  72.592  -1.755  1.00 33.69           C
ATOM   3485  CZ  PHE A  29     -26.023  73.707  -2.578  1.00 27.96           C
ATOM   3486  N   SER A  30     -25.628  67.963  -4.434  1.00 33.43           N
ATOM   3487  CA  SER A  30     -24.208  67.634  -4.348  1.00 38.52           C
ATOM   3488  C   SER A  30     -23.621  67.208  -5.682  1.00 33.12           C
ATOM   3489  O   SER A  30     -22.422  66.936  -5.741  1.00 35.08           O
ATOM   3490  CB  SER A  30     -23.988  66.534  -3.303  1.00 28.69           C
ATOM   3491  OG  SER A  30     -24.728  65.385  -3.669  1.00 38.89           O
ATOM   3492  N   SER A  31     -24.419  67.147  -6.740  1.00 27.16           N
ATOM   3493  CA  SER A  31     -23.905  66.778  -8.045  1.00 38.98           C
ATOM   3494  C   SER A  31     -23.443  67.962  -8.896  1.00 39.11           C
ATOM   3495  O   SER A  31     -23.036  67.740 -10.050  1.00 33.54           O
ATOM   3496  CB  SER A  31     -24.944  65.966  -8.806  1.00 31.50           C
ATOM   3497  OG  SER A  31     -25.034  64.689  -8.205  1.00 43.55           O
ATOM   3498  N   TYR A  32     -23.469  69.194  -8.377  1.00 30.49           N
ATOM   3499  CA  TYR A  32     -22.942  70.307  -9.164  1.00 28.71           C
ATOM   3500  C   TYR A  32     -22.356  71.382  -8.268  1.00 29.76           C
ATOM   3501  O   TYR A  32     -22.712  71.503  -7.092  1.00 29.23           O
ATOM   3502  CB  TYR A  32     -24.002  70.910 -10.078  1.00 34.80           C
ATOM   3503  CG  TYR A  32     -25.331  71.155  -9.416  1.00 32.18           C
ATOM   3504  CD1 TYR A  32     -25.549  72.299  -8.660  1.00 33.21           C
ATOM   3505  CD2 TYR A  32     -26.364  70.259  -9.562  1.00 32.73           C
ATOM   3506  CE1 TYR A  32     -26.770  72.536  -8.050  1.00 37.14           C
ATOM   3507  CE2 TYR A  32     -27.589  70.484  -8.953  1.00 36.08           C
ATOM   3508  CZ  TYR A  32     -27.783  71.621  -8.202  1.00 34.54           C
ATOM   3509  OH  TYR A  32     -28.995  71.854  -7.605  1.00 42.41           O
ATOM   3510  N   GLY A  33     -21.391  72.118  -8.828  1.00 29.06           N
ATOM   3511  CA  GLY A  33     -20.917  73.336  -8.213  1.00 26.22           C
ATOM   3512  C   GLY A  33     -21.823  74.508  -8.562  1.00 32.33           C
ATOM   3513  O   GLY A  33     -22.749  74.389  -9.373  1.00 32.28           O
ATOM   3514  N   LEU A  34     -21.549  75.660  -7.944  1.00 28.11           N
ATOM   3515  CA  LEU A  34     -22.397  76.825  -8.149  1.00 28.06           C
ATOM   3516  C   LEU A  34     -21.579  78.107  -8.137  1.00 32.81           C
ATOM   3517  O   LEU A  34     -20.482  78.185  -7.562  1.00 30.26           O
ATOM   3518  CB  LEU A  34     -23.503  76.934  -7.083  1.00 25.69           C
ATOM   3519  CG  LEU A  34     -24.496  75.772  -7.075  1.00 29.24           C
ATOM   3520  CD1 LEU A  34     -24.122  74.810  -5.948  1.00 25.51           C
ATOM   3521  CD2 LEU A  34     -25.937  76.248  -6.951  1.00 28.69           C
ATOM   3522  N   HIS A  35     -22.174  79.124  -8.757  1.00 25.76           N
ATOM   3523  CA  HIS A  35     -21.645  80.469  -8.877  1.00 28.30           C
ATOM   3524  C   HIS A  35     -22.559  81.459  -8.167  1.00 28.45           C
ATOM   3525  O   HIS A  35     -23.771  81.255  -8.047  1.00 26.56           O
ATOM   3526  CB  HIS A  35     -21.583  80.946 -10.334  1.00 27.75           C
ATOM   3527  CG  HIS A  35     -20.599  80.236 -11.204  1.00 34.48           C
ATOM   3528  ND1 HIS A  35     -19.305  80.689 -11.377  1.00 31.96           N
ATOM   3529  CD2 HIS A  35     -20.742  79.174 -12.034  1.00 27.73           C
ATOM   3530  CE1 HIS A  35     -18.693  79.927 -12.263  1.00 30.71           C
ATOM   3531  NE2 HIS A  35     -19.537  78.989 -12.664  1.00 32.82           N
ATOM   3532  N   TRP A  36     -21.971  82.583  -7.793  1.00 24.52           N
ATOM   3533  CA  TRP A  36     -22.702  83.815  -7.578  1.00 24.53           C
ATOM   3534  C   TRP A  36     -22.276  84.804  -8.656  1.00 30.64           C
ATOM   3535  O   TRP A  36     -21.078  84.979  -8.895  1.00 31.45           O
ATOM   3536  CB  TRP A  36     -22.431  84.389  -6.184  1.00 25.38           C
ATOM   3537  CG  TRP A  36     -23.102  83.636  -5.061  1.00 34.21           C
ATOM   3538  CD1 TRP A  36     -22.528  82.700  -4.225  1.00 27.01           C
ATOM   3539  CD2 TRP A  36     -24.483  83.734  -4.662  1.00 29.26           C
ATOM   3540  NE1 TRP A  36     -23.464  82.236  -3.328  1.00 29.61           N
ATOM   3541  CE2 TRP A  36     -24.669  82.850  -3.574  1.00 29.15           C
ATOM   3542  CE3 TRP A  36     -25.569  84.500  -5.104  1.00 31.70           C
ATOM   3543  CZ2 TRP A  36     -25.902  82.707  -2.925  1.00 29.62           C
ATOM   3544  CZ3 TRP A  36     -26.795  84.353  -4.464  1.00 31.58           C
ATOM   3545  CH2 TRP A  36     -26.950  83.447  -3.390  1.00 32.02           C
ATOM   3546  N   VAL A  37     -23.255  85.430  -9.315  1.00 26.17           N
```

```
ATOM   3547  CA  VAL A  37     -23.052  86.487 -10.305  1.00 26.93           C
ATOM   3548  C   VAL A  37     -23.911  87.683  -9.909  1.00 31.18           C
ATOM   3549  O   VAL A  37     -24.979  87.514  -9.311  1.00 32.57           O
ATOM   3550  CB  VAL A  37     -23.436  86.003 -11.725  1.00 30.07           C
ATOM   3551  CG1 VAL A  37     -23.336  87.141 -12.741  1.00 25.17           C
ATOM   3552  CG2 VAL A  37     -22.577  84.797 -12.141  1.00 27.92           C
ATOM   3553  N   ARG A  38     -23.451  88.900 -10.217  1.00 26.83           N
ATOM   3554  CA  ARG A  38     -24.222  90.086  -9.838  1.00 28.59           C
ATOM   3555  C   ARG A  38     -24.327  91.074 -10.987  1.00 32.00           C
ATOM   3556  O   ARG A  38     -23.546  91.042 -11.942  1.00 34.12           O
ATOM   3557  CB  ARG A  38     -23.649  90.790  -8.616  1.00 24.52           C
ATOM   3558  CG  ARG A  38     -22.405  91.581  -8.863  1.00 27.87           C
ATOM   3559  CD  ARG A  38     -21.832  92.016  -7.532  1.00 25.42           C
ATOM   3560  NE  ARG A  38     -20.569  92.691  -7.719  1.00 26.21           N
ATOM   3561  CZ  ARG A  38     -19.825  93.186  -6.735  1.00 33.88           C
ATOM   3562  NH1 ARG A  38     -20.207  93.058  -5.470  1.00 31.46           N1+
ATOM   3563  NH2 ARG A  38     -18.700  93.822  -7.026  1.00 27.28           N
ATOM   3564  N   GLN A  39     -25.317  91.961 -10.874  1.00 31.14           N
ATOM   3565  CA  GLN A  39     -25.594  92.942 -11.923  1.00 26.67           C
ATOM   3566  C   GLN A  39     -26.067  94.237 -11.278  1.00 33.37           C
ATOM   3567  O   GLN A  39     -27.144  94.282 -10.657  1.00 30.44           O
ATOM   3568  CB  GLN A  39     -26.635  92.419 -12.901  1.00 29.71           C
ATOM   3569  CG  GLN A  39     -26.977  93.391 -14.031  1.00 30.87           C
ATOM   3570  CD  GLN A  39     -27.797  92.710 -15.108  1.00 35.35           C
ATOM   3571  OE1 GLN A  39     -28.796  92.048 -14.812  1.00 37.94           O
ATOM   3572  NE2 GLN A  39     -27.370  92.841 -16.358  1.00 26.92           N
ATOM   3573  N   ALA A  40     -25.269  95.279 -11.425  1.00 28.05           N
ATOM   3574  CA  ALA A  40     -25.664  96.588 -10.926  1.00 34.65           C
ATOM   3575  C   ALA A  40     -26.709  97.199 -11.859  1.00 34.83           C
ATOM   3576  O   ALA A  40     -26.757  96.861 -13.039  1.00 32.60           O
ATOM   3577  CB  ALA A  40     -24.443  97.499 -10.812  1.00 29.23           C
ATOM   3578  N   PRO A  41     -27.556  98.095 -11.352  1.00 41.70           N
ATOM   3579  CA  PRO A  41     -28.654  98.645 -12.175  1.00 37.62           C
ATOM   3580  C   PRO A  41     -28.143  99.327 -13.440  1.00 38.87           C
ATOM   3581  O   PRO A  41     -27.259 100.188 -13.392  1.00 37.58           O
ATOM   3582  CB  PRO A  41     -29.330  99.656 -11.236  1.00 34.86           C
ATOM   3583  CG  PRO A  41     -28.936  99.229  -9.859  1.00 40.20           C
ATOM   3584  CD  PRO A  41     -27.557  98.641  -9.983  1.00 35.94           C
ATOM   3585  N   GLY A  42     -28.698  98.918 -14.578  1.00 36.04           N
ATOM   3586  CA  GLY A  42     -28.295  99.408 -15.887  1.00 32.92           C
ATOM   3587  C   GLY A  42     -26.969  98.887 -16.429  1.00 42.89           C
ATOM   3588  O   GLY A  42     -26.492  99.395 -17.446  1.00 48.01           O
ATOM   3589  N   LYS A  43     -26.358  97.882 -15.817  1.00 37.13           N
ATOM   3590  CA  LYS A  43     -25.003  97.473 -16.196  1.00 39.84           C
ATOM   3591  C   LYS A  43     -24.961  95.989 -16.548  1.00 36.76           C
ATOM   3592  O   LYS A  43     -25.989  95.301 -16.591  1.00 33.65           O
ATOM   3593  CB  LYS A  43     -24.004  97.816 -15.094  1.00 35.22           C
ATOM   3594  CG  LYS A  43     -23.960  99.326 -14.833  1.00 42.47           C
ATOM   3595  CD  LYS A  43     -22.804  99.688 -13.941  1.00 57.71           C
ATOM   3596  CE  LYS A  43     -22.589 101.201 -13.864  1.00 72.06           C
ATOM   3597  NZ  LYS A  43     -21.339 101.531 -13.103  1.00 70.64           N1+
ATOM   3598  N   GLY A  44     -23.743  95.520 -16.834  1.00 31.12           N
ATOM   3599  CA  GLY A  44     -23.510  94.165 -17.290  1.00 28.92           C
ATOM   3600  C   GLY A  44     -23.333  93.158 -16.166  1.00 33.92           C
ATOM   3601  O   GLY A  44     -23.295  93.484 -14.979  1.00 35.65           O
ATOM   3602  N   LEU A  45     -23.202  91.898 -16.569  1.00 31.47           N
ATOM   3603  CA  LEU A  45     -22.959  90.839 -15.606  1.00 26.60           C
ATOM   3604  C   LEU A  45     -21.542  90.959 -15.072  1.00 31.15           C
ATOM   3605  O   LEU A  45     -20.601  91.246 -15.820  1.00 31.96           O
ATOM   3606  CB  LEU A  45     -23.173  89.462 -16.256  1.00 28.04           C
ATOM   3607  CG  LEU A  45     -24.575  89.294 -16.881  1.00 33.18           C
ATOM   3608  CD1 LEU A  45     -24.804  87.921 -17.544  1.00 29.82           C
ATOM   3609  CD2 LEU A  45     -25.639  89.585 -15.859  1.00 27.89           C
ATOM   3610  N   GLU A  46     -21.397  90.735 -13.767  1.00 30.38           N
ATOM   3611  CA  GLU A  46     -20.101  90.660 -13.112  1.00 31.96           C
ATOM   3612  C   GLU A  46     -20.049  89.376 -12.306  1.00 28.71           C
ATOM   3613  O   GLU A  46     -20.899  89.156 -11.440  1.00 28.54           O
ATOM   3614  CB  GLU A  46     -19.854  91.859 -12.196  1.00 30.82           C
ATOM   3615  CG  GLU A  46     -18.411  91.886 -11.708  1.00 35.43           C
ATOM   3616  CD  GLU A  46     -18.145  92.863 -10.551  1.00 42.19           C
ATOM   3617  OE1 GLU A  46     -19.076  93.544 -10.038  1.00 34.18           O
```

```
ATOM   3618  OE2 GLU A  46     -16.968  92.932 -10.154  1.00 46.04          O1-
ATOM   3619  N   TRP A  47     -19.052  88.537 -12.584  1.00 28.91          N
ATOM   3620  CA  TRP A  47     -18.888  87.300 -11.834  1.00 28.05          C
ATOM   3621  C   TRP A  47     -18.433  87.610 -10.414  1.00 28.38          C
ATOM   3622  O   TRP A  47     -17.652  88.534 -10.199  1.00 29.03          O
ATOM   3623  CB  TRP A  47     -17.882  86.396 -12.547  1.00 28.79          C
ATOM   3624  CG  TRP A  47     -17.570  85.150 -11.808  1.00 27.80          C
ATOM   3625  CD1 TRP A  47     -18.396  84.090 -11.618  1.00 26.75          C
ATOM   3626  CD2 TRP A  47     -16.330  84.810 -11.186  1.00 29.28          C
ATOM   3627  NE1 TRP A  47     -17.759  83.119 -10.900  1.00 30.04          N
ATOM   3628  CE2 TRP A  47     -16.487  83.529 -10.623  1.00 26.53          C
ATOM   3629  CE3 TRP A  47     -15.093  85.455 -11.067  1.00 30.37          C
ATOM   3630  CZ2 TRP A  47     -15.454  82.870  -9.945  1.00 30.41          C
ATOM   3631  CZ3 TRP A  47     -14.058  84.797 -10.376  1.00 27.15          C
ATOM   3632  CH2 TRP A  47     -14.251  83.527  -9.832  1.00 30.81          C
ATOM   3633  N   VAL A  48     -18.923  86.836  -9.441  1.00 26.85          N
ATOM   3634  CA  VAL A  48     -18.590  87.031  -8.026  1.00 26.22          C
ATOM   3635  C   VAL A  48     -17.740  85.890  -7.475  1.00 27.91          C
ATOM   3636  O   VAL A  48     -16.641  86.118  -6.962  1.00 31.20          O
ATOM   3637  CB  VAL A  48     -19.858  87.245  -7.171  1.00 29.89          C
ATOM   3638  CG1 VAL A  48     -19.465  87.415  -5.709  1.00 27.30          C
ATOM   3639  CG2 VAL A  48     -20.640  88.465  -7.680  1.00 27.25          C
ATOM   3640  N   ALA A  49     -18.234  84.656  -7.552  1.00 27.92          N
ATOM   3641  CA  ALA A  49     -17.498  83.540  -6.964  1.00 27.21          C
ATOM   3642  C   ALA A  49     -18.028  82.240  -7.528  1.00 29.25          C
ATOM   3643  O   ALA A  49     -19.155  82.178  -8.025  1.00 29.04          O
ATOM   3644  CB  ALA A  49     -17.590  83.500  -5.429  1.00 22.18          C
ATOM   3645  N   VAL A  50     -17.187  81.190  -7.435  1.00 25.65          N
ATOM   3646  CA  VAL A  50     -17.592  79.835  -7.777  1.00 25.46          C
ATOM   3647  C   VAL A  50     -17.129  78.894  -6.678  1.00 28.11          C
ATOM   3648  O   VAL A  50     -16.137  79.144  -5.988  1.00 30.11          O
ATOM   3649  CB  VAL A  50     -17.068  79.380  -9.162  1.00 31.87          C
ATOM   3650  CG1 VAL A  50     -15.561  79.238  -9.175  1.00 28.23          C
ATOM   3651  CG2 VAL A  50     -17.767  78.084  -9.606  1.00 28.82          C
ATOM   3652  N   ILE A  51     -17.884  77.821  -6.484  1.00 29.93          N
ATOM   3653  CA  ILE A  51     -17.514  76.799  -5.522  1.00 25.88          C
ATOM   3654  C   ILE A  51     -17.657  75.447  -6.203  1.00 26.86          C
ATOM   3655  O   ILE A  51     -18.486  75.262  -7.100  1.00 26.48          O
ATOM   3656  CB  ILE A  51     -18.354  76.879  -4.227  1.00 28.38          C
ATOM   3657  CG1 ILE A  51     -17.776  75.932  -3.163  1.00 29.68          C
ATOM   3658  CG2 ILE A  51     -19.831  76.565  -4.498  1.00 23.38          C
ATOM   3659  CD1 ILE A  51     -18.344  76.180  -1.775  1.00 28.59          C
ATOM   3660  N   TRP A  52     -16.821  74.510  -5.793  1.00 24.08          N
ATOM   3661  CA  TRP A  52     -16.856  73.188  -6.392  1.00 28.60          C
ATOM   3662  C   TRP A  52     -18.074  72.397  -5.899  1.00 30.88          C
ATOM   3663  O   TRP A  52     -18.688  72.722  -4.879  1.00 26.43          O
ATOM   3664  CB  TRP A  52     -15.559  72.452  -6.066  1.00 30.05          C
ATOM   3665  CG  TRP A  52     -14.821  71.992  -7.256  1.00 31.59          C
ATOM   3666  CD1 TRP A  52     -14.551  70.701  -7.601  1.00 34.80          C
ATOM   3667  CD2 TRP A  52     -14.265  72.811  -8.293  1.00 30.63          C
ATOM   3668  NE1 TRP A  52     -13.842  70.664  -8.781  1.00 33.66          N
ATOM   3669  CE2 TRP A  52     -13.652  71.942  -9.228  1.00 31.14          C
ATOM   3670  CE3 TRP A  52     -14.220  74.183  -8.522  1.00 28.98          C
ATOM   3671  CZ2 TRP A  52     -12.999  72.404 -10.368  1.00 30.12          C
ATOM   3672  CZ3 TRP A  52     -13.564  74.646  -9.663  1.00 37.05          C
ATOM   3673  CH2 TRP A  52     -12.953  73.756 -10.562  1.00 36.23          C
ATOM   3674  N   TYR A  53     -18.401  71.330  -6.635  1.00 28.62          N
ATOM   3675  CA  TYR A  53     -19.539  70.484  -6.281  1.00 31.01          C
ATOM   3676  C   TYR A  53     -19.373  69.846  -4.909  1.00 36.12          C
ATOM   3677  O   TYR A  53     -20.370  69.557  -4.240  1.00 36.43          O
ATOM   3678  CB  TYR A  53     -19.743  69.393  -7.329  1.00 31.97          C
ATOM   3679  CG  TYR A  53     -18.458  68.713  -7.742  1.00 35.13          C
ATOM   3680  CD1 TYR A  53     -17.918  67.672  -6.989  1.00 37.05          C
ATOM   3681  CD2 TYR A  53     -17.791  69.104  -8.896  1.00 37.33          C
ATOM   3682  CE1 TYR A  53     -16.755  67.058  -7.366  1.00 36.11          C
ATOM   3683  CE2 TYR A  53     -16.614  68.492  -9.286  1.00 40.57          C
ATOM   3684  CZ  TYR A  53     -16.095  67.479  -8.521  1.00 40.64          C
ATOM   3685  OH  TYR A  53     -14.916  66.886  -8.923  1.00 51.83          O
ATOM   3686  N   ASP A  54     -18.136  69.613  -4.468  1.00 31.86          N
ATOM   3687  CA  ASP A  54     -17.896  69.044  -3.150  1.00 32.47          C
ATOM   3688  C   ASP A  54     -17.433  70.090  -2.141  1.00 32.55          C
```

```
ATOM   3689  O   ASP A  54     -16.894  69.732  -1.097  1.00 34.26           O
ATOM   3690  CB  ASP A  54     -16.882  67.901  -3.245  1.00 33.69           C
ATOM   3691  CG  ASP A  54     -15.550  68.344  -3.878  1.00 41.63           C
ATOM   3692  OD1 ASP A  54     -15.332  69.574  -4.029  1.00 35.39           O
ATOM   3693  OD2 ASP A  54     -14.721  67.462  -4.224  1.00 41.66           O1-
ATOM   3694  N   GLY A  55     -17.633  71.376  -2.428  1.00 35.34           N
ATOM   3695  CA  GLY A  55     -17.197  72.416  -1.516  1.00 28.60           C
ATOM   3696  C   GLY A  55     -15.696  72.626  -1.397  1.00 30.85           C
ATOM   3697  O   GLY A  55     -15.261  73.340  -0.483  1.00 31.85           O
ATOM   3698  N   SER A  56     -14.880  72.030  -2.271  1.00 31.41           N
ATOM   3699  CA  SER A  56     -13.427  72.159  -2.138  1.00 28.55           C
ATOM   3700  C   SER A  56     -12.921  73.456  -2.773  1.00 29.96           C
ATOM   3701  O   SER A  56     -12.790  74.463  -2.071  1.00 35.87           O
ATOM   3702  CB  SER A  56     -12.716  70.922  -2.715  1.00 29.73           C
ATOM   3703  OG  SER A  56     -13.055  70.688  -4.069  1.00 33.14           O
ATOM   3704  N   ASN A  57     -12.648  73.468  -4.080  1.00 27.89           N
ATOM   3705  CA  ASN A  57     -12.094  74.669  -4.708  1.00 30.78           C
ATOM   3706  C   ASN A  57     -13.090  75.836  -4.663  1.00 34.96           C
ATOM   3707  O   ASN A  57     -14.296  75.655  -4.883  1.00 29.93           O
ATOM   3708  CB  ASN A  57     -11.712  74.392  -6.167  1.00 28.41           C
ATOM   3709  CG  ASN A  57     -10.430  73.551  -6.316  1.00 36.02           C
ATOM   3710  OD1 ASN A  57     -10.034  72.789  -5.427  1.00 31.33           O
ATOM   3711  ND2 ASN A  57      -9.779  73.703  -7.462  1.00 33.91           N
ATOM   3712  N   LYS A  58     -12.562  77.042  -4.418  1.00 30.71           N
ATOM   3713  CA  LYS A  58     -13.307  78.299  -4.384  1.00 31.44           C
ATOM   3714  C   LYS A  58     -12.504  79.356  -5.117  1.00 31.50           C
ATOM   3715  O   LYS A  58     -11.306  79.491  -4.858  1.00 35.00           O
ATOM   3716  CB  LYS A  58     -13.541  78.796  -2.953  1.00 28.26           C
ATOM   3717  CG  LYS A  58     -14.308  77.853  -2.071  1.00 32.31           C
ATOM   3718  CD  LYS A  58     -14.359  78.350  -0.623  1.00 29.79           C
ATOM   3719  CE  LYS A  58     -15.146  77.337   0.247  1.00 31.84           C
ATOM   3720  NZ  LYS A  58     -15.624  77.954   1.523  1.00 28.78           N1+
ATOM   3721  N   TYR A  59     -13.143  80.105  -6.025  1.00 31.81           N
ATOM   3722  CA  TYR A  59     -12.489  81.224  -6.704  1.00 29.74           C
ATOM   3723  C   TYR A  59     -13.349  82.463  -6.543  1.00 31.86           C
ATOM   3724  O   TYR A  59     -14.581  82.379  -6.491  1.00 36.21           O
ATOM   3725  CB  TYR A  59     -12.258  80.990  -8.212  1.00 35.36           C
ATOM   3726  CG  TYR A  59     -11.620  79.662  -8.593  1.00 35.36           C
ATOM   3727  CD1 TYR A  59     -10.873  78.936  -7.693  1.00 49.05           C
ATOM   3728  CD2 TYR A  59     -11.776  79.141  -9.849  1.00 46.01           C
ATOM   3729  CE1 TYR A  59     -10.317  77.708  -8.033  1.00 56.82           C
ATOM   3730  CE2 TYR A  59     -11.212  77.925 -10.198  1.00 50.42           C
ATOM   3731  CZ  TYR A  59     -10.494  77.215  -9.292  1.00 45.11           C
ATOM   3732  OH  TYR A  59      -9.945  76.014  -9.656  1.00 44.41           O
ATOM   3733  N   TYR A  60     -12.706  83.617  -6.491  1.00 28.31           N
ATOM   3734  CA  TYR A  60     -13.418  84.868  -6.277  1.00 31.56           C
ATOM   3735  C   TYR A  60     -12.950  85.928  -7.263  1.00 33.13           C
ATOM   3736  O   TYR A  60     -11.782  85.963  -7.657  1.00 36.90           O
ATOM   3737  CB  TYR A  60     -13.221  85.407  -4.884  1.00 26.95           C
ATOM   3738  CG  TYR A  60     -13.706  84.522  -3.780  1.00 31.53           C
ATOM   3739  CD1 TYR A  60     -12.877  83.520  -3.249  1.00 34.43           C
ATOM   3740  CD2 TYR A  60     -14.958  84.703  -3.225  1.00 29.79           C
ATOM   3741  CE1 TYR A  60     -13.308  82.707  -2.215  1.00 28.05           C
ATOM   3742  CE2 TYR A  60     -15.400  83.896  -2.183  1.00 32.79           C
ATOM   3743  CZ  TYR A  60     -14.567  82.900  -1.679  1.00 33.02           C
ATOM   3744  OH  TYR A  60     -14.995  82.098  -0.641  1.00 31.57           O
ATOM   3745  N   ALA A  61     -13.872  86.804  -7.650  1.00 23.00           N
ATOM   3746  CA  ALA A  61     -13.464  87.976  -8.406  1.00 28.65           C
ATOM   3747  C   ALA A  61     -12.612  88.888  -7.526  1.00 32.06           C
ATOM   3748  O   ALA A  61     -12.759  88.923  -6.301  1.00 30.34           O
ATOM   3749  CB  ALA A  61     -14.679  88.736  -8.937  1.00 25.89           C
ATOM   3750  N   ASP A  62     -11.713  89.633  -8.171  1.00 32.65           N
ATOM   3751  CA  ASP A  62     -10.805  90.522  -7.445  1.00 32.02           C
ATOM   3752  C   ASP A  62     -11.551  91.559  -6.605  1.00 31.30           C
ATOM   3753  O   ASP A  62     -11.125  91.882  -5.492  1.00 33.95           O
ATOM   3754  CB  ASP A  62      -9.856  91.208  -8.428  1.00 30.42           C
ATOM   3755  CG  ASP A  62      -8.574  90.404  -8.671  1.00 42.21           C
ATOM   3756  OD1 ASP A  62      -8.521  89.196  -8.308  1.00 50.07           O
ATOM   3757  OD2 ASP A  62      -7.625  90.972  -9.257  1.00 56.07           O1-
ATOM   3758  N   SER A  63     -12.672  92.082  -7.106  1.00 28.74           N
ATOM   3759  CA  SER A  63     -13.409  93.118  -6.383  1.00 32.42           C
```

```
ATOM   3760  C   SER A  63     -13.980  92.646  -5.048  1.00 39.97           C
ATOM   3761  O   SER A  63     -14.490  93.477  -4.280  1.00 38.00           O
ATOM   3762  CB  SER A  63     -14.542  93.641  -7.263  1.00 35.16           C
ATOM   3763  OG  SER A  63     -15.314  92.561  -7.747  1.00 42.20           O
ATOM   3764  N   VAL A  64     -13.865  91.356  -4.740  1.00 33.69           N
ATOM   3765  CA  VAL A  64     -14.600  90.717  -3.663  1.00 31.03           C
ATOM   3766  C   VAL A  64     -13.681  89.860  -2.780  1.00 35.18           C
ATOM   3767  O   VAL A  64     -14.040  89.490  -1.651  1.00 33.73           O
ATOM   3768  CB  VAL A  64     -15.740  89.918  -4.330  1.00 34.61           C
ATOM   3769  CG1 VAL A  64     -15.732  88.417  -4.001  1.00 22.27           C
ATOM   3770  CG2 VAL A  64     -17.031  90.609  -4.115  1.00 28.14           C
ATOM   3771  N   LYS A  65     -12.476  89.566  -3.273  1.00 30.69           N
ATOM   3772  CA  LYS A  65     -11.498  88.785  -2.511  1.00 32.30           C
ATOM   3773  C   LYS A  65     -11.300  89.377  -1.126  1.00 35.92           C
ATOM   3774  O   LYS A  65     -11.119  90.590  -0.975  1.00 37.34           O
ATOM   3775  CB  LYS A  65     -10.155  88.769  -3.242  1.00 31.37           C
ATOM   3776  CG  LYS A  65     -10.056  87.772  -4.365  1.00 35.93           C
ATOM   3777  CD  LYS A  65      -8.637  87.667  -4.881  1.00 39.14           C
ATOM   3778  CE  LYS A  65      -8.443  86.411  -5.742  1.00 40.69           C
ATOM   3779  NZ  LYS A  65      -9.097  86.500  -7.077  1.00 44.27           N1+
ATOM   3780  N   GLY A  66     -11.300  88.509  -0.118  1.00 36.76           N
ATOM   3781  CA  GLY A  66     -11.109  88.926   1.249  1.00 34.77           C
ATOM   3782  C   GLY A  66     -12.355  89.409   1.957  1.00 37.43           C
ATOM   3783  O   GLY A  66     -12.361  89.462   3.185  1.00 43.41           O
ATOM   3784  N   ARG A  67     -13.407  89.779   1.231  1.00 37.34           N
ATOM   3785  CA  ARG A  67     -14.630  90.281   1.849  1.00 34.16           C
ATOM   3786  C   ARG A  67     -15.789  89.302   1.783  1.00 32.20           C
ATOM   3787  O   ARG A  67     -16.554  89.208   2.745  1.00 35.10           O
ATOM   3788  CB  ARG A  67     -15.047  91.609   1.199  1.00 28.81           C
ATOM   3789  CG  ARG A  67     -14.047  92.745   1.481  1.00 38.29           C
ATOM   3790  CD  ARG A  67     -14.504  94.103   0.942  1.00 39.40           C
ATOM   3791  NE  ARG A  67     -14.857  94.018  -0.470  1.00 34.94           N
ATOM   3792  CZ  ARG A  67     -16.086  94.209  -0.939  1.00 36.27           C
ATOM   3793  NH1 ARG A  67     -17.074  94.532  -0.113  1.00 29.46           N1+
ATOM   3794  NH2 ARG A  67     -16.325  94.083  -2.236  1.00 33.40           N
ATOM   3795  N   PHE A  68     -15.936  88.558   0.688  1.00 31.92           N
ATOM   3796  CA  PHE A  68     -17.046  87.626   0.523  1.00 33.41           C
ATOM   3797  C   PHE A  68     -16.540  86.204   0.697  1.00 34.08           C
ATOM   3798  O   PHE A  68     -15.382  85.903   0.405  1.00 35.01           O
ATOM   3799  CB  PHE A  68     -17.727  87.743  -0.850  1.00 29.41           C
ATOM   3800  CG  PHE A  68     -18.410  89.076  -1.108  1.00 31.18           C
ATOM   3801  CD1 PHE A  68     -18.242  90.156  -0.256  1.00 28.93           C
ATOM   3802  CD2 PHE A  68     -19.236  89.231  -2.206  1.00 29.68           C
ATOM   3803  CE1 PHE A  68     -18.851  91.388  -0.518  1.00 33.26           C
ATOM   3804  CE2 PHE A  68     -19.865  90.444  -2.462  1.00 36.39           C
ATOM   3805  CZ  PHE A  68     -19.660  91.532  -1.618  1.00 35.74           C
ATOM   3806  N   THR A  69     -17.413  85.325   1.177  1.00 33.37           N
ATOM   3807  CA  THR A  69     -17.054  83.917   1.293  1.00 32.05           C
ATOM   3808  C   THR A  69     -18.206  83.085   0.775  1.00 30.76           C
ATOM   3809  O   THR A  69     -19.354  83.292   1.177  1.00 28.56           O
ATOM   3810  CB  THR A  69     -16.720  83.513   2.739  1.00 38.78           C
ATOM   3811  OG1 THR A  69     -15.552  84.216   3.173  1.00 33.71           O
ATOM   3812  CG2 THR A  69     -16.475  81.992   2.856  1.00 30.01           C
ATOM   3813  N   ILE A  70     -17.892  82.169  -0.143  1.00 28.12           N
ATOM   3814  CA  ILE A  70     -18.862  81.246  -0.708  1.00 31.36           C
ATOM   3815  C   ILE A  70     -18.754  79.918   0.040  1.00 32.93           C
ATOM   3816  O   ILE A  70     -17.655  79.472   0.402  1.00 33.29           O
ATOM   3817  CB  ILE A  70     -18.656  81.079  -2.230  1.00 31.45           C
ATOM   3818  CG1 ILE A  70     -19.832  80.302  -2.852  1.00 29.85           C
ATOM   3819  CG2 ILE A  70     -17.257  80.401  -2.554  1.00 29.79           C
ATOM   3820  CD1 ILE A  70     -19.805  80.244  -4.411  1.00 27.30           C
ATOM   3821  N   SER A  71     -19.899  79.300   0.307  1.00 30.39           N
ATOM   3822  CA  SER A  71     -19.935  78.023   1.017  1.00 34.30           C
ATOM   3823  C   SER A  71     -21.233  77.320   0.648  1.00 30.83           C
ATOM   3824  O   SER A  71     -22.137  77.905   0.046  1.00 34.13           O
ATOM   3825  CB  SER A  71     -19.827  78.201   2.544  1.00 28.89           C
ATOM   3826  OG  SER A  71     -20.944  78.930   3.075  1.00 31.85           O
ATOM   3827  N   ARG A  72     -21.333  76.064   1.046  1.00 33.01           N
ATOM   3828  CA  ARG A  72     -22.531  75.307   0.753  1.00 33.51           C
ATOM   3829  C   ARG A  72     -22.820  74.404   1.941  1.00 36.68           C
ATOM   3830  O   ARG A  72     -21.918  74.070   2.713  1.00 32.75           O
```

```
ATOM   3831  CB  ARG A  72     -22.364  74.492  -0.545  1.00 29.96           C
ATOM   3832  CG  ARG A  72     -21.230  73.458  -0.489  1.00 29.86           C
ATOM   3833  CD  ARG A  72     -20.985  72.827  -1.859  1.00 31.26           C
ATOM   3834  NE  ARG A  72     -22.179  72.130  -2.344  1.00 36.14           N
ATOM   3835  CZ  ARG A  72     -22.480  71.942  -3.627  1.00 33.42           C
ATOM   3836  NH1 ARG A  72     -21.683  72.400  -4.575  1.00 31.33           N1+
ATOM   3837  NH2 ARG A  72     -23.599  71.322  -3.972  1.00 33.70           N
ATOM   3838  N   ASP A  73     -24.094  74.046   2.108  1.00 35.23           N
ATOM   3839  CA  ASP A  73     -24.523  73.070   3.119  1.00 36.76           C
ATOM   3840  C   ASP A  73     -25.407  72.032   2.428  1.00 39.51           C
ATOM   3841  O   ASP A  73     -26.597  72.270   2.181  1.00 34.82           O
ATOM   3842  CB  ASP A  73     -25.251  73.761   4.266  1.00 34.22           C
ATOM   3843  CG  ASP A  73     -25.616  72.808   5.397  1.00 42.95           C
ATOM   3844  OD1 ASP A  73     -25.733  71.576   5.175  1.00 42.54           O
ATOM   3845  OD2 ASP A  73     -25.774  73.306   6.532  1.00 48.48           O1-
ATOM   3846  N   ASN A  74     -24.825  70.874   2.117  1.00 37.32           N
ATOM   3847  CA  ASN A  74     -25.569  69.888   1.350  1.00 37.99           C
ATOM   3848  C   ASN A  74     -26.773  69.366   2.126  1.00 38.75           C
ATOM   3849  O   ASN A  74     -27.823  69.104   1.530  1.00 38.15           O
ATOM   3850  CB  ASN A  74     -24.634  68.757   0.923  1.00 38.26           C
ATOM   3851  CG  ASN A  74     -23.691  69.174  -0.228  1.00 43.82           C
ATOM   3852  OD1 ASN A  74     -23.726  70.314  -0.699  1.00 41.08           O
ATOM   3853  ND2 ASN A  74     -22.837  68.252  -0.664  1.00 42.34           N
ATOM   3854  N   SER A  75     -26.678  69.273   3.454  1.00 37.68           N
ATOM   3855  CA  SER A  75     -27.820  68.764   4.205  1.00 40.41           C
ATOM   3856  C   SER A  75     -29.031  69.694   4.108  1.00 39.19           C
ATOM   3857  O   SER A  75     -30.152  69.250   4.331  1.00 38.81           O
ATOM   3858  CB  SER A  75     -27.433  68.533   5.666  1.00 34.54           C
ATOM   3859  OG  SER A  75     -27.418  69.751   6.380  1.00 41.65           O
ATOM   3860  N   LYS A  76     -28.840  70.966   3.765  1.00 39.96           N
ATOM   3861  CA  LYS A  76     -29.947  71.888   3.540  1.00 32.91           C
ATOM   3862  C   LYS A  76     -30.127  72.270   2.076  1.00 33.45           C
ATOM   3863  O   LYS A  76     -30.819  73.255   1.793  1.00 32.73           O
ATOM   3864  CB  LYS A  76     -29.760  73.156   4.371  1.00 34.21           C
ATOM   3865  CG  LYS A  76     -29.536  72.893   5.843  1.00 39.47           C
ATOM   3866  CD  LYS A  76     -29.433  74.203   6.610  1.00 37.51           C
ATOM   3867  CE  LYS A  76     -29.059  73.960   8.060  1.00 36.30           C
ATOM   3868  NZ  LYS A  76     -28.974  75.226   8.812  1.00 53.39           N1+
ATOM   3869  N   ASN A  77     -29.486  71.560   1.142  1.00 34.23           N
ATOM   3870  CA  ASN A  77     -29.510  71.936  -0.275  1.00 34.08           C
ATOM   3871  C   ASN A  77     -29.340  73.439  -0.531  1.00 33.69           C
ATOM   3872  O   ASN A  77     -30.019  73.994  -1.395  1.00 31.88           O
ATOM   3873  CB  ASN A  77     -30.814  71.468  -0.910  1.00 35.11           C
ATOM   3874  CG  ASN A  77     -30.897  69.952  -1.020  1.00 45.26           C
ATOM   3875  OD1 ASN A  77     -29.889  69.267  -1.184  1.00 51.24           O
ATOM   3876  ND2 ASN A  77     -32.095  69.426  -0.909  1.00 53.41           N
ATOM   3877  N   THR A  78     -28.427  74.101   0.184  1.00 28.09           N
ATOM   3878  CA  THR A  78     -28.320  75.550   0.139  1.00 34.16           C
ATOM   3879  C   THR A  78     -26.883  75.999  -0.101  1.00 31.55           C
ATOM   3880  O   THR A  78     -25.941  75.476   0.499  1.00 29.95           O
ATOM   3881  CB  THR A  78     -28.867  76.150   1.432  1.00 32.28           C
ATOM   3882  OG1 THR A  78     -30.230  75.746   1.559  1.00 36.31           O
ATOM   3883  CG2 THR A  78     -28.789  77.662   1.405  1.00 32.86           C
ATOM   3884  N   LEU A  79     -26.747  76.977  -0.989  1.00 33.81           N
ATOM   3885  CA  LEU A  79     -25.515  77.701  -1.273  1.00 30.18           C
ATOM   3886  C   LEU A  79     -25.571  79.060  -0.585  1.00 32.22           C
ATOM   3887  O   LEU A  79     -26.606  79.724  -0.617  1.00 34.07           O
ATOM   3888  CB  LEU A  79     -25.381  77.913  -2.782  1.00 31.42           C
ATOM   3889  CG  LEU A  79     -24.281  78.860  -3.263  1.00 32.10           C
ATOM   3890  CD1 LEU A  79     -22.973  78.101  -3.223  1.00 23.19           C
ATOM   3891  CD2 LEU A  79     -24.601  79.393  -4.668  1.00 27.71           C
ATOM   3892  N   TYR A  80     -24.450  79.498  -0.015  1.00 30.45           N
ATOM   3893  CA  TYR A  80     -24.385  80.758   0.715  1.00 29.65           C
ATOM   3894  C   TYR A  80     -23.352  81.714   0.114  1.00 36.35           C
ATOM   3895  O   TYR A  80     -22.353  81.294  -0.486  1.00 29.45           O
ATOM   3896  CB  TYR A  80     -24.022  80.536   2.194  1.00 29.90           C
ATOM   3897  CG  TYR A  80     -24.972  79.655   2.914  1.00 35.65           C
ATOM   3898  CD1 TYR A  80     -26.209  80.148   3.347  1.00 31.27           C
ATOM   3899  CD2 TYR A  80     -24.656  78.311   3.162  1.00 32.71           C
ATOM   3900  CE1 TYR A  80     -27.109  79.334   4.006  1.00 30.61           C
ATOM   3901  CE2 TYR A  80     -25.548  77.480   3.834  1.00 34.98           C
```

```
ATOM   3902  CZ  TYR A  80     -26.780  77.999   4.253  1.00 43.60           C
ATOM   3903  OH  TYR A  80     -27.691  77.183   4.903  1.00 43.60           O
ATOM   3904  N   LEU A  81     -23.608  83.016   0.286  1.00 33.92           N
ATOM   3905  CA  LEU A  81     -22.616  84.067   0.062  1.00 32.11           C
ATOM   3906  C   LEU A  81     -22.609  84.955   1.294  1.00 35.72           C
ATOM   3907  O   LEU A  81     -23.559  85.712   1.534  1.00 31.37           O
ATOM   3908  CB  LEU A  81     -22.899  84.890  -1.193  1.00 29.72           C
ATOM   3909  CG  LEU A  81     -21.820  85.907  -1.554  1.00 30.90           C
ATOM   3910  CD1 LEU A  81     -20.535  85.193  -2.008  1.00 31.13           C
ATOM   3911  CD2 LEU A  81     -22.311  86.863  -2.620  1.00 29.96           C
ATOM   3912  N   GLN A  82     -21.546  84.836   2.077  1.00 35.14           N
ATOM   3913  CA  GLN A  82     -21.322  85.681   3.236  1.00 35.67           C
ATOM   3914  C   GLN A  82     -20.628  86.948   2.753  1.00 33.89           C
ATOM   3915  O   GLN A  82     -19.504  86.883   2.239  1.00 36.17           O
ATOM   3916  CB  GLN A  82     -20.463  84.940   4.264  1.00 33.97           C
ATOM   3917  CG  GLN A  82     -20.206  85.726   5.526  1.00 35.10           C
ATOM   3918  CD  GLN A  82     -21.509  86.106   6.226  1.00 41.65           C
ATOM   3919  OE1 GLN A  82     -22.419  85.279   6.375  1.00 41.07           O
ATOM   3920  NE2 GLN A  82     -21.598  87.354   6.669  1.00 39.37           N
ATOM   3921  N   MET A  83     -21.290  88.089   2.892  1.00 34.01           N
ATOM   3922  CA  MET A  83     -20.762  89.349   2.360  1.00 40.25           C
ATOM   3923  C   MET A  83     -20.390  90.231   3.540  1.00 34.20           C
ATOM   3924  O   MET A  83     -21.271  90.753   4.231  1.00 43.36           O
ATOM   3925  CB  MET A  83     -21.782  90.054   1.460  1.00 35.88           C
ATOM   3926  CG  MET A  83     -22.247  89.246   0.242  1.00 40.32           C
ATOM   3927  SD  MET A  83     -23.444  90.120  -0.837  1.00 45.75           S
ATOM   3928  CE  MET A  83     -24.869  90.178   0.214  1.00 39.89           C
ATOM   3929  N   ASN A  84     -19.098  90.416   3.767  1.00 34.41           N
ATOM   3930  CA  ASN A  84     -18.649  91.282   4.849  1.00 35.66           C
ATOM   3931  C   ASN A  84     -18.114  92.576   4.266  1.00 35.32           C
ATOM   3932  O   ASN A  84     -17.798  92.660   3.078  1.00 37.11           O
ATOM   3933  CB  ASN A  84     -17.563  90.616   5.694  1.00 33.02           C
ATOM   3934  CG  ASN A  84     -18.033  89.347   6.358  1.00 38.60           C
ATOM   3935  OD1 ASN A  84     -19.196  89.206   6.717  1.00 38.86           O
ATOM   3936  ND2 ASN A  84     -17.127  88.398   6.499  1.00 43.30           N
ATOM   3937  N   SER A  85     -18.051  93.598   5.113  1.00 37.32           N
ATOM   3938  CA  SER A  85     -17.446  94.870   4.742  1.00 40.34           C
ATOM   3939  C   SER A  85     -18.091  95.435   3.483  1.00 36.53           C
ATOM   3940  O   SER A  85     -17.417  95.833   2.536  1.00 42.50           O
ATOM   3941  CB  SER A  85     -15.936  94.707   4.545  1.00 41.25           C
ATOM   3942  OG  SER A  85     -15.303  94.426   5.777  1.00 48.30           O
ATOM   3943  N   LEU A  86     -19.419  95.440   3.469  1.00 36.42           N
ATOM   3944  CA  LEU A  86     -20.121  95.839   2.269  1.00 30.29           C
ATOM   3945  C   LEU A  86     -19.768  97.269   1.898  1.00 37.87           C
ATOM   3946  O   LEU A  86     -19.530  98.126   2.759  1.00 39.88           O
ATOM   3947  CB  LEU A  86     -21.620  95.670   2.458  1.00 37.21           C
ATOM   3948  CG  LEU A  86     -22.026  94.199   2.267  1.00 41.48           C
ATOM   3949  CD1 LEU A  86     -23.420  93.965   2.745  1.00 31.33           C
ATOM   3950  CD2 LEU A  86     -21.912  93.809   0.788  1.00 34.28           C
ATOM   3951  N   ARG A  87     -19.673  97.500   0.601  1.00 31.11           N
ATOM   3952  CA  ARG A  87     -19.397  98.809   0.054  1.00 36.58           C
ATOM   3953  C   ARG A  87     -20.539  99.186  -0.890  1.00 37.14           C
ATOM   3954  O   ARG A  87     -21.233  98.322  -1.439  1.00 30.93           O
ATOM   3955  CB  ARG A  87     -18.047  98.816  -0.688  1.00 36.84           C
ATOM   3956  CG  ARG A  87     -16.843  98.100  -0.017  1.00 39.75           C
ATOM   3957  CD  ARG A  87     -15.620  98.762  -0.560  1.00 50.01           C
ATOM   3958  NE  ARG A  87     -14.715  97.898  -1.313  1.00 57.70           N
ATOM   3959  CZ  ARG A  87     -13.636  97.274  -0.840  1.00 54.84           C
ATOM   3960  NH1 ARG A  87     -13.275  97.378   0.442  1.00 55.39           N1+
ATOM   3961  NH2 ARG A  87     -12.907  96.541  -1.682  1.00 46.24           N
ATOM   3962  N   VAL A  88     -20.706 100.495  -1.088  1.00 33.94           N
ATOM   3963  CA  VAL A  88     -21.786 101.015  -1.927  1.00 35.85           C
ATOM   3964  C   VAL A  88     -21.768 100.348  -3.297  1.00 33.17           C
ATOM   3965  O   VAL A  88     -22.812  99.996  -3.856  1.00 34.21           O
ATOM   3966  CB  VAL A  88     -21.681 102.557  -2.018  1.00 41.36           C
ATOM   3967  CG1 VAL A  88     -22.508 103.125  -3.182  1.00 34.83           C
ATOM   3968  CG2 VAL A  88     -22.191 103.172  -0.697  1.00 32.83           C
ATOM   3969  N   GLU A  89     -20.577 100.142  -3.842  1.00 32.51           N
ATOM   3970  CA  GLU A  89     -20.416  99.535  -5.149  1.00 32.60           C
ATOM   3971  C   GLU A  89     -20.831  98.070  -5.195  1.00 35.92           C
ATOM   3972  O   GLU A  89     -20.914  97.531  -6.303  1.00 32.77           O
```

```
ATOM   3973  CB  GLU A  89     -18.947  99.625  -5.598  1.00 33.36           C
ATOM   3974  CG  GLU A  89     -18.249 100.917  -5.267  1.00 52.01           C
ATOM   3975  CD  GLU A  89     -17.581 100.894  -3.898  1.00 57.81           C
ATOM   3976  OE1 GLU A  89     -18.121 101.544  -2.969  1.00 46.95           O
ATOM   3977  OE2 GLU A  89     -16.513 100.230  -3.762  1.00 68.05           O1-
ATOM   3978  N   ASP A  90     -21.123  97.427  -4.048  1.00 30.72           N
ATOM   3979  CA  ASP A  90     -21.653  96.063  -4.058  1.00 34.90           C
ATOM   3980  C   ASP A  90     -23.142  96.017  -4.360  1.00 35.83           C
ATOM   3981  O   ASP A  90     -23.710  94.912  -4.422  1.00 33.53           O
ATOM   3982  CB  ASP A  90     -21.377  95.351  -2.721  1.00 28.51           C
ATOM   3983  CG  ASP A  90     -19.884  95.173  -2.453  1.00 37.19           C
ATOM   3984  OD1 ASP A  90     -19.142  94.821  -3.411  1.00 36.43           O
ATOM   3985  OD2 ASP A  90     -19.439  95.412  -1.300  1.00 36.43           O1-
ATOM   3986  N   THR A  91     -23.778  97.180  -4.534  1.00 30.48           N
ATOM   3987  CA  THR A  91     -25.207  97.244  -4.843  1.00 34.41           C
ATOM   3988  C   THR A  91     -25.488  96.586  -6.183  1.00 29.60           C
ATOM   3989  O   THR A  91     -24.889  96.958  -7.192  1.00 33.51           O
ATOM   3990  CB  THR A  91     -25.655  98.705  -4.865  1.00 34.98           C
ATOM   3991  OG1 THR A  91     -25.482  99.260  -3.556  1.00 33.04           O
ATOM   3992  CG2 THR A  91     -27.119  98.836  -5.317  1.00 22.08           C
ATOM   3993  N   ALA A  92     -26.384  95.601  -6.196  1.00 26.49           N
ATOM   3994  CA  ALA A  92     -26.628  94.831  -7.418  1.00 33.82           C
ATOM   3995  C   ALA A  92     -27.764  93.858  -7.167  1.00 31.11           C
ATOM   3996  O   ALA A  92     -28.109  93.559  -6.019  1.00 33.45           O
ATOM   3997  CB  ALA A  92     -25.374  94.036  -7.893  1.00 29.95           C
ATOM   3998  N   VAL A  93     -28.318  93.336  -8.255  1.00 27.74           N
ATOM   3999  CA  VAL A  93     -29.052  92.083  -8.161  1.00 27.69           C
ATOM   4000  C   VAL A  93     -28.035  90.949  -8.156  1.00 32.05           C
ATOM   4001  O   VAL A  93     -27.098  90.935  -8.970  1.00 32.98           O
ATOM   4002  CB  VAL A  93     -30.043  91.925  -9.321  1.00 30.90           C
ATOM   4003  CG1 VAL A  93     -30.675  90.530  -9.260  1.00 27.42           C
ATOM   4004  CG2 VAL A  93     -31.106  93.006  -9.272  1.00 22.48           C
ATOM   4005  N   TYR A  94     -28.210  90.005  -7.236  1.00 28.80           N
ATOM   4006  CA  TYR A  94     -27.333  88.851  -7.090  1.00 27.10           C
ATOM   4007  C   TYR A  94     -28.052  87.579  -7.535  1.00 30.77           C
ATOM   4008  O   TYR A  94     -29.164  87.290  -7.070  1.00 32.21           O
ATOM   4009  CB  TYR A  94     -26.849  88.711  -5.643  1.00 25.98           C
ATOM   4010  CG  TYR A  94     -25.744  89.678  -5.299  1.00 35.21           C
ATOM   4011  CD1 TYR A  94     -26.003  91.042  -5.195  1.00 33.48           C
ATOM   4012  CD2 TYR A  94     -24.448  89.235  -5.071  1.00 28.53           C
ATOM   4013  CE1 TYR A  94     -25.011  91.927  -4.887  1.00 31.11           C
ATOM   4014  CE2 TYR A  94     -23.439  90.127  -4.754  1.00 34.57           C
ATOM   4015  CZ  TYR A  94     -23.734  91.482  -4.674  1.00 34.25           C
ATOM   4016  OH  TYR A  94     -22.756  92.410  -4.395  1.00 31.02           O
ATOM   4017  N   TYR A  95     -27.399  86.815  -8.412  1.00 27.50           N
ATOM   4018  CA  TYR A  95     -27.904  85.566  -8.958  1.00 28.28           C
ATOM   4019  C   TYR A  95     -26.990  84.436  -8.531  1.00 30.88           C
ATOM   4020  O   TYR A  95     -25.769  84.610  -8.464  1.00 30.35           O
ATOM   4021  CB  TYR A  95     -27.948  85.576 -10.497  1.00 23.11           C
ATOM   4022  CG  TYR A  95     -28.742  86.673 -11.106  1.00 28.17           C
ATOM   4023  CD1 TYR A  95     -30.120  86.537 -11.313  1.00 35.38           C
ATOM   4024  CD2 TYR A  95     -28.128  87.864 -11.486  1.00 31.26           C
ATOM   4025  CE1 TYR A  95     -30.863  87.559 -11.882  1.00 29.38           C
ATOM   4026  CE2 TYR A  95     -28.854  88.887 -12.059  1.00 27.86           C
ATOM   4027  CZ  TYR A  95     -30.210  88.733 -12.251  1.00 32.29           C
ATOM   4028  OH  TYR A  95     -30.913  89.752 -12.812  1.00 36.01           O
ATOM   4029  N   CYS A  96     -27.576  83.288  -8.237  1.00 28.07           N
ATOM   4030  CA  CYS A  96     -26.795  82.069  -8.201  1.00 31.83           C
ATOM   4031  C   CYS A  96     -27.035  81.314  -9.498  1.00 30.66           C
ATOM   4032  O   CYS A  96     -28.063  81.482 -10.165  1.00 27.69           O
ATOM   4033  CB  CYS A  96     -27.113  81.176  -6.989  1.00 35.63           C
ATOM   4034  SG  CYS A  96     -28.807  80.660  -6.800  1.00 52.39           S
ATOM   4035  N   ALA A  97     -26.055  80.500  -9.860  1.00 25.32           N
ATOM   4036  CA  ALA A  97     -26.171  79.615 -11.005  1.00 29.44           C
ATOM   4037  C   ALA A  97     -25.383  78.346 -10.695  1.00 29.42           C
ATOM   4038  O   ALA A  97     -24.512  78.346  -9.823  1.00 32.47           O
ATOM   4039  CB  ALA A  97     -25.671  80.294 -12.287  1.00 26.70           C
ATOM   4040  N   ASN A  98     -25.693  77.251 -11.396  1.00 25.38           N
ATOM   4041  CA  ASN A  98     -24.856  76.072 -11.236  1.00 31.07           C
ATOM   4042  C   ASN A  98     -23.922  75.893 -12.441  1.00 25.38           C
ATOM   4043  O   ASN A  98     -23.936  76.655 -13.416  1.00 26.89           O
```

```
ATOM   4044  CB  ASN A  98     -25.714  74.832 -10.962  1.00 26.42           C
ATOM   4045  CG  ASN A  98     -26.528  74.385 -12.153  1.00 31.33           C
ATOM   4046  OD1 ASN A  98     -26.444  74.948 -13.257  1.00 31.54           O
ATOM   4047  ND2 ASN A  98     -27.362  73.366 -11.925  1.00 34.14           N
ATOM   4048  N   TRP A  99     -23.088  74.869 -12.372  1.00 27.06           N
ATOM   4049  CA  TRP A  99     -22.251  74.549 -13.521  1.00 30.36           C
ATOM   4050  C   TRP A  99     -22.064  73.046 -13.590  1.00 30.04           C
ATOM   4051  O   TRP A  99     -21.903  72.391 -12.555  1.00 29.39           O
ATOM   4052  CB  TRP A  99     -20.897  75.266 -13.450  1.00 25.45           C
ATOM   4053  CG  TRP A  99     -19.972  74.863 -12.353  1.00 29.81           C
ATOM   4054  CD1 TRP A  99     -19.834  75.449 -11.122  1.00 28.02           C
ATOM   4055  CD2 TRP A  99     -18.997  73.810 -12.408  1.00 26.75           C
ATOM   4056  NE1 TRP A  99     -18.818  74.830 -10.414  1.00 23.44           N
ATOM   4057  CE2 TRP A  99     -18.300  73.816 -11.178  1.00 25.89           C
ATOM   4058  CE3 TRP A  99     -18.634  72.880 -13.385  1.00 28.32           C
ATOM   4059  CZ2 TRP A  99     -17.278  72.904 -10.891  1.00 30.78           C
ATOM   4060  CZ3 TRP A  99     -17.613  71.972 -13.101  1.00 30.19           C
ATOM   4061  CH2 TRP A  99     -16.951  71.992 -11.859  1.00 28.00           C
ATOM   4062  N   TYR A 100     -22.084  72.513 -14.814  1.00 30.79           N
ATOM   4063  CA  TYR A 100     -22.044  71.070 -15.081  1.00 34.23           C
ATOM   4064  C   TYR A 100     -20.741  70.594 -15.703  1.00 36.36           C
ATOM   4065  O   TYR A 100     -20.246  69.521 -15.339  1.00 31.49           O
ATOM   4066  CB  TYR A 100     -23.188  70.657 -16.023  1.00 29.48           C
ATOM   4067  CG  TYR A 100     -24.563  70.844 -15.457  1.00 29.45           C
ATOM   4068  CD1 TYR A 100     -24.812  70.621 -14.106  1.00 32.61           C
ATOM   4069  CD2 TYR A 100     -25.623  71.233 -16.273  1.00 31.46           C
ATOM   4070  CE1 TYR A 100     -26.081  70.796 -13.576  1.00 32.67           C
ATOM   4071  CE2 TYR A 100     -26.904  71.403 -15.756  1.00 30.44           C
ATOM   4072  CZ  TYR A 100     -27.124  71.173 -14.404  1.00 31.95           C
ATOM   4073  OH  TYR A 100     -28.372  71.337 -13.866  1.00 30.17           O
ATOM   4074  N   TYR A 101     -20.183  71.382 -16.626  1.00 29.07           N
ATOM   4075  CA  TYR A 101     -19.125  70.940 -17.527  1.00 29.25           C
ATOM   4076  C   TYR A 101     -17.797  71.608 -17.189  1.00 34.28           C
ATOM   4077  O   TYR A 101     -16.868  70.944 -16.723  1.00 35.11           O
ATOM   4078  CB  TYR A 101     -19.548  71.243 -18.955  1.00 24.67           C
ATOM   4079  CG  TYR A 101     -20.914  70.690 -19.282  1.00 32.07           C
ATOM   4080  CD1 TYR A 101     -21.119  69.317 -19.342  1.00 32.40           C
ATOM   4081  CD2 TYR A 101     -21.996  71.534 -19.549  1.00 27.53           C
ATOM   4082  CE1 TYR A 101     -22.357  68.791 -19.657  1.00 33.92           C
ATOM   4083  CE2 TYR A 101     -23.255  71.019 -19.850  1.00 27.34           C
ATOM   4084  CZ  TYR A 101     -23.419  69.641 -19.902  1.00 34.29           C
ATOM   4085  OH  TYR A 101     -24.622  69.081 -20.215  1.00 35.46           O
ATOM   4086  N   TYR A 102     -17.670  72.911 -17.415  1.00 28.83           N
ATOM   4087  CA  TYR A 102     -16.483  73.631 -16.998  1.00 29.54           C
ATOM   4088  C   TYR A 102     -16.872  74.660 -15.951  1.00 31.00           C
ATOM   4089  O   TYR A 102     -17.957  75.244 -16.004  1.00 33.23           O
ATOM   4090  CB  TYR A 102     -15.761  74.287 -18.187  1.00 27.78           C
ATOM   4091  CG  TYR A 102     -16.664  74.965 -19.187  1.00 30.93           C
ATOM   4092  CD1 TYR A 102     -17.186  74.251 -20.261  1.00 31.23           C
ATOM   4093  CD2 TYR A 102     -16.985  76.326 -19.074  1.00 27.14           C
ATOM   4094  CE1 TYR A 102     -18.004  74.864 -21.204  1.00 29.52           C
ATOM   4095  CE2 TYR A 102     -17.801  76.957 -20.027  1.00 26.32           C
ATOM   4096  CZ  TYR A 102     -18.311  76.217 -21.086  1.00 29.71           C
ATOM   4097  OH  TYR A 102     -19.120  76.803 -22.045  1.00 27.38           O
ATOM   4098  N   TYR A 103     -15.960  74.870 -15.000  1.00 33.17           N
ATOM   4099  CA  TYR A 103     -16.282  75.569 -13.768  1.00 30.18           C
ATOM   4100  C   TYR A 103     -16.585  77.043 -13.983  1.00 30.85           C
ATOM   4101  O   TYR A 103     -17.198  77.659 -13.111  1.00 31.82           O
ATOM   4102  CB  TYR A 103     -15.133  75.420 -12.772  1.00 30.32           C
ATOM   4103  CG  TYR A 103     -13.820  76.094 -13.175  1.00 36.74           C
ATOM   4104  CD1 TYR A 103     -12.864  75.419 -13.922  1.00 34.48           C
ATOM   4105  CD2 TYR A 103     -13.527  77.399 -12.776  1.00 36.39           C
ATOM   4106  CE1 TYR A 103     -11.652  76.031 -14.266  1.00 37.99           C
ATOM   4107  CE2 TYR A 103     -12.332  78.012 -13.120  1.00 34.39           C
ATOM   4108  CZ  TYR A 103     -11.394  77.329 -13.860  1.00 40.90           C
ATOM   4109  OH  TYR A 103     -10.196  77.947 -14.206  1.00 43.10           O
ATOM   4110  N   TYR A 104     -16.189  77.616 -15.112  1.00 27.43           N
ATOM   4111  CA  TYR A 104     -16.416  79.027 -15.373  1.00 29.07           C
ATOM   4112  C   TYR A 104     -17.599  79.242 -16.291  1.00 28.87           C
ATOM   4113  O   TYR A 104     -17.791  80.354 -16.780  1.00 35.12           O
ATOM   4114  CB  TYR A 104     -15.149  79.690 -15.953  1.00 25.68           C
```

```
ATOM   4115  CG  TYR A 104     -14.499  78.931 -17.095  1.00 30.36           C
ATOM   4116  CD1 TYR A 104     -13.573  77.894 -16.846  1.00 29.10           C
ATOM   4117  CD2 TYR A 104     -14.813  79.233 -18.429  1.00 27.13           C
ATOM   4118  CE1 TYR A 104     -12.964  77.181 -17.913  1.00 27.53           C
ATOM   4119  CE2 TYR A 104     -14.225  78.528 -19.494  1.00 27.81           C
ATOM   4120  CZ  TYR A 104     -13.296  77.508 -19.232  1.00 31.37           C
ATOM   4121  OH  TYR A 104     -12.708  76.829 -20.282  1.00 33.25           O
ATOM   4122  N   GLY A 105     -18.385  78.199 -16.546  1.00 33.05           N
ATOM   4123  CA  GLY A 105     -19.642  78.324 -17.262  1.00 28.37           C
ATOM   4124  C   GLY A 105     -20.806  78.259 -16.290  1.00 33.54           C
ATOM   4125  O   GLY A 105     -20.731  77.601 -15.262  1.00 36.54           O
ATOM   4126  N   MET A 106     -21.885  78.955 -16.614  1.00 33.38           N
ATOM   4127  CA  MET A 106     -23.107  78.909 -15.818  1.00 33.92           C
ATOM   4128  C   MET A 106     -24.192  78.210 -16.619  1.00 33.40           C
ATOM   4129  O   MET A 106     -24.516  78.645 -17.727  1.00 41.54           O
ATOM   4130  CB  MET A 106     -23.575  80.314 -15.438  1.00 31.98           C
ATOM   4131  CG  MET A 106     -22.640  81.023 -14.492  1.00 38.84           C
ATOM   4132  SD  MET A 106     -21.690  82.292 -15.342  1.00 39.21           S
ATOM   4133  CE  MET A 106     -20.191  82.280 -14.355  1.00 44.14           C
ATOM   4134  N   ASP A 107     -24.786  77.161 -16.049  1.00 30.51           N
ATOM   4135  CA  ASP A 107     -25.760  76.380 -16.809  1.00 30.12           C
ATOM   4136  C   ASP A 107     -27.213  76.688 -16.421  1.00 31.04           C
ATOM   4137  O   ASP A 107     -28.019  76.977 -17.300  1.00 30.61           O
ATOM   4138  CB  ASP A 107     -25.432  74.882 -16.678  1.00 32.36           C
ATOM   4139  CG  ASP A 107     -24.108  74.509 -17.383  1.00 34.37           C
ATOM   4140  OD1 ASP A 107     -24.105  74.413 -18.627  1.00 32.86           O1-
ATOM   4141  OD2 ASP A 107     -23.060  74.339 -16.705  1.00 36.09           O
ATOM   4142  N   VAL A 108     -27.581  76.603 -15.138  1.00 32.41           N
ATOM   4143  CA  VAL A 108     -28.922  76.954 -14.662  1.00 26.51           C
ATOM   4144  C   VAL A 108     -28.818  78.175 -13.754  1.00 32.76           C
ATOM   4145  O   VAL A 108     -27.911  78.254 -12.920  1.00 31.62           O
ATOM   4146  CB  VAL A 108     -29.590  75.776 -13.915  1.00 28.43           C
ATOM   4147  CG1 VAL A 108     -31.028  76.146 -13.506  1.00 27.65           C
ATOM   4148  CG2 VAL A 108     -29.617  74.516 -14.803  1.00 30.87           C
ATOM   4149  N   TRP A 109     -29.752  79.117 -13.893  1.00 33.08           N
ATOM   4150  CA  TRP A 109     -29.744  80.348 -13.102  1.00 34.02           C
ATOM   4151  C   TRP A 109     -30.981  80.440 -12.208  1.00 33.68           C
ATOM   4152  O   TRP A 109     -32.064  79.966 -12.563  1.00 33.19           O
ATOM   4153  CB  TRP A 109     -29.716  81.605 -13.997  1.00 30.84           C
ATOM   4154  CG  TRP A 109     -28.485  81.762 -14.834  1.00 36.98           C
ATOM   4155  CD1 TRP A 109     -28.097  80.972 -15.893  1.00 30.27           C
ATOM   4156  CD2 TRP A 109     -27.503  82.805 -14.730  1.00 31.30           C
ATOM   4157  NE1 TRP A 109     -26.927  81.459 -16.432  1.00 31.83           N
ATOM   4158  CE2 TRP A 109     -26.534  82.571 -15.731  1.00 29.54           C
ATOM   4159  CE3 TRP A 109     -27.339  83.902 -13.875  1.00 30.44           C
ATOM   4160  CZ2 TRP A 109     -25.409  83.392 -15.896  1.00 31.19           C
ATOM   4161  CZ3 TRP A 109     -26.223  84.723 -14.042  1.00 30.38           C
ATOM   4162  CH2 TRP A 109     -25.271  84.460 -15.043  1.00 29.90           C
ATOM   4163  N   GLY A 110     -30.820  81.113 -11.066  1.00 29.11           N
ATOM   4164  CA  GLY A 110     -31.931  81.457 -10.200  1.00 35.80           C
ATOM   4165  C   GLY A 110     -32.644  82.701 -10.704  1.00 37.01           C
ATOM   4166  O   GLY A 110     -32.532  83.075 -11.871  1.00 37.79           O
ATOM   4167  N   GLN A 111     -33.399  83.358  -9.817  1.00 35.07           N
ATOM   4168  CA  GLN A 111     -34.189  84.495 -10.276  1.00 30.15           C
ATOM   4169  C   GLN A 111     -33.645  85.841  -9.831  1.00 32.38           C
ATOM   4170  O   GLN A 111     -34.080  86.862 -10.372  1.00 33.82           O
ATOM   4171  CB  GLN A 111     -35.644  84.410  -9.787  1.00 37.66           C
ATOM   4172  CG  GLN A 111     -35.874  85.115  -8.454  1.00 36.90           C
ATOM   4173  CD  GLN A 111     -35.642  84.208  -7.281  1.00 42.01           C
ATOM   4174  OE1 GLN A 111     -35.896  82.996  -7.380  1.00 52.02           O
ATOM   4175  NE2 GLN A 111     -35.176  84.777  -6.142  1.00 30.60           N
ATOM   4176  N   GLY A 112     -32.755  85.872  -8.846  1.00 31.52           N
ATOM   4177  CA  GLY A 112     -32.098  87.079  -8.391  1.00 29.27           C
ATOM   4178  C   GLY A 112     -32.707  87.635  -7.114  1.00 30.54           C
ATOM   4179  O   GLY A 112     -33.900  87.487  -6.840  1.00 36.59           O
ATOM   4180  N   THR A 113     -31.873  88.297  -6.326  1.00 32.24           N
ATOM   4181  CA  THR A 113     -32.301  89.057  -5.166  1.00 33.85           C
ATOM   4182  C   THR A 113     -31.459  90.323  -5.122  1.00 32.53           C
ATOM   4183  O   THR A 113     -30.284  90.295  -5.496  1.00 30.25           O
ATOM   4184  CB  THR A 113     -32.150  88.240  -3.878  1.00 31.09           C
ATOM   4185  OG1 THR A 113     -32.645  89.016  -2.780  1.00 36.12           O
```

```
ATOM   4186  CG2 THR A 113     -30.672  87.868  -3.623  1.00 30.38           C
ATOM   4187  N  ATHR A 114     -32.052  91.460  -4.734  0.50 32.93           N
ATOM   4188  CA ATHR A 114     -31.300  92.714  -4.776  0.50 30.39           C
ATOM   4189  C  ATHR A 114     -30.691  93.019  -3.419  0.50 31.37           C
ATOM   4190  O  ATHR A 114     -31.310  92.805  -2.374  0.50 33.91           O
ATOM   4191  CB ATHR A 114     -32.120  93.928  -5.266  0.50 31.38           C
ATOM   4192  OG1ATHR A 114     -31.978  95.061  -4.375  0.50 27.49           O
ATOM   4193  CG2ATHR A 114     -33.533  93.593  -5.476  0.50 26.66           C
ATOM   4194  N  BTHR A 114     -32.061  91.410  -4.642  0.50 32.98           N
ATOM   4195  CA BTHR A 114     -31.413  92.712  -4.641  0.50 30.32           C
ATOM   4196  C  BTHR A 114     -30.650  92.930  -3.345  0.50 31.38           C
ATOM   4197  O  BTHR A 114     -31.141  92.610  -2.260  0.50 34.03           O
ATOM   4198  CB BTHR A 114     -32.434  93.834  -4.810  0.50 30.28           C
ATOM   4199  OG1BTHR A 114     -33.299  93.846  -3.681  0.50 37.62           O
ATOM   4200  CG2BTHR A 114     -33.258  93.627  -6.018  0.50 25.95           C
ATOM   4201  N   VAL A 115     -29.451  93.489  -3.463  1.00 29.38           N
ATOM   4202  CA  VAL A 115     -28.711  93.973  -2.317  1.00 31.80           C
ATOM   4203  C   VAL A 115     -28.460  95.452  -2.583  1.00 32.96           C
ATOM   4204  O   VAL A 115     -27.891  95.811  -3.622  1.00 32.78           O
ATOM   4205  CB  VAL A 115     -27.392  93.209  -2.130  1.00 36.32           C
ATOM   4206  CG1 VAL A 115     -26.569  93.856  -1.020  1.00 35.15           C
ATOM   4207  CG2 VAL A 115     -27.651  91.686  -1.886  1.00 32.11           C
ATOM   4208  N   THR A 116     -28.917  96.307  -1.676  1.00 32.75           N
ATOM   4209  CA  THR A 116     -28.678  97.741  -1.754  1.00 34.57           C
ATOM   4210  C   THR A 116     -27.787  98.139  -0.584  1.00 34.59           C
ATOM   4211  O   THR A 116     -28.121  97.881   0.580  1.00 36.50           O
ATOM   4212  CB  THR A 116     -29.995  98.522  -1.736  1.00 43.36           C
ATOM   4213  OG1 THR A 116     -30.802  98.125  -2.856  1.00 40.71           O
ATOM   4214  CG2 THR A 116     -29.731 100.021  -1.809  1.00 29.94           C
ATOM   4215  N   VAL A 117     -26.649  98.738  -0.890  1.00 34.23           N
ATOM   4216  CA  VAL A 117     -25.719  99.181   0.134  1.00 34.01           C
ATOM   4217  C   VAL A 117     -25.756 100.691   0.076  1.00 33.64           C
ATOM   4218  O   VAL A 117     -25.318 101.293  -0.906  1.00 37.46           O
ATOM   4219  CB  VAL A 117     -24.301  98.631  -0.073  1.00 36.31           C
ATOM   4220  CG1 VAL A 117     -23.392  99.053   1.093  1.00 33.46           C
ATOM   4221  CG2 VAL A 117     -24.317  97.090  -0.232  1.00 29.32           C
ATOM   4222  N   SER A 118     -26.359 101.302   1.081  1.00 39.03           N
ATOM   4223  CA  SER A 118     -26.566 102.738   1.077  1.00 39.96           C
ATOM   4224  C   SER A 118     -26.419 103.243   2.497  1.00 45.19           C
ATOM   4225  O   SER A 118     -26.858 102.579   3.439  1.00 47.46           O
ATOM   4226  CB  SER A 118     -27.961 103.097   0.529  1.00 38.81           C
ATOM   4227  OG  SER A 118     -28.165 104.501   0.460  1.00 48.85           O
ATOM   4228  N   SER A 119     -25.802 104.406   2.653  1.00 46.28           N
ATOM   4229  CA  SER A 119     -25.847 105.090   3.935  1.00 53.97           C
ATOM   4230  C   SER A 119     -26.871 106.217   3.954  1.00 56.65           C
ATOM   4231  O   SER A 119     -26.985 106.913   4.961  1.00 67.20           O
ATOM   4232  CB  SER A 119     -24.468 105.628   4.292  1.00 47.03           C
ATOM   4233  OG  SER A 119     -23.903 106.260   3.168  1.00 54.58           O
ATOM   4234  N   ALA A 120     -27.649 106.385   2.890  1.00 48.46           N
ATOM   4235  CA  ALA A 120     -28.631 107.451   2.863  1.00 46.93           C
ATOM   4236  C   ALA A 120     -29.791 107.119   3.793  1.00 50.99           C
ATOM   4237  O   ALA A 120     -30.104 105.957   4.047  1.00 62.07           O
ATOM   4238  CB  ALA A 120     -29.138 107.672   1.439  1.00 43.79           C
ATOM   4239  N   SER A 121     -30.399 108.159   4.341  1.00 61.71      GZ00 N
ATOM   4240  CA  SER A 121     -31.605 108.063   5.149  1.00 54.23      GZ00 C
ATOM   4241  C   SER A 121     -32.579 109.105   4.648  1.00 47.84      GZ00 C
ATOM   4242  O   SER A 121     -32.202 110.015   3.907  1.00 55.11      GZ00 O
ATOM   4243  CB  SER A 121     -31.338 108.273   6.640  1.00 50.17      GZ00 C
ATOM   4244  OG  SER A 121     -30.386 109.312   6.829  1.00 66.59      GZ00 O
ATOM   4245  N   THR A 122     -33.838 108.938   5.041  1.00 46.14      GZ00 N
ATOM   4246  CA  THR A 122     -34.934 109.776   4.572  1.00 52.42      GZ00 C
ATOM   4247  C   THR A 122     -34.557 111.248   4.510  1.00 56.26      GZ00 C
ATOM   4248  O   THR A 122     -33.924 111.783   5.426  1.00 48.53      GZ00 O
ATOM   4249  CB  THR A 122     -36.129 109.606   5.486  1.00 52.24      GZ00 C
ATOM   4250  OG1 THR A 122     -36.428 108.215   5.593  1.00 57.02      GZ00 O
ATOM   4251  CG2 THR A 122     -37.310 110.342   4.912  1.00 53.18      GZ00 C
ATOM   4252  N   LYS A 123     -34.894 111.876   3.385  1.00 54.75      GZ00 N
ATOM   4253  CA  LYS A 123     -34.659 113.296   3.176  1.00 45.96      GZ00 C
ATOM   4254  C   LYS A 123     -35.645 113.763   2.125  1.00 53.79      GZ00 C
ATOM   4255  O   LYS A 123     -35.799 113.095   1.099  1.00 47.21      GZ00 O
ATOM   4256  CB  LYS A 123     -33.228 113.577   2.727  1.00 48.41      GZ00 C
```

```
ATOM   4257  CG  LYS A 123     -32.969 115.041   2.451  1.00 46.73      GZ00 C
ATOM   4258  CD  LYS A 123     -31.559 115.291   1.972  1.00 52.19      GZ00 C
ATOM   4259  CE  LYS A 123     -31.365 116.750   1.520  1.00 54.71      GZ00 C
ATOM   4260  NZ  LYS A 123     -32.367 117.163   0.481  1.00 49.08      GZ00 N1+
ATOM   4261  N   GLY A 124     -36.311 114.898   2.382  1.00 53.18      GZ00 N
ATOM   4262  CA  GLY A 124     -37.243 115.482   1.440  1.00 35.65      GZ00 C
ATOM   4263  C   GLY A 124     -36.503 116.234   0.347  1.00 38.66      GZ00 C
ATOM   4264  O   GLY A 124     -35.330 116.589   0.499  1.00 39.24      GZ00 O
ATOM   4265  N   PRO A 125     -37.165 116.475  -0.782  1.00 39.30      GZ00 N
ATOM   4266  CA  PRO A 125     -36.474 117.071  -1.933  1.00 45.65      GZ00 C
ATOM   4267  C   PRO A 125     -36.378 118.586  -1.844  1.00 46.64      GZ00 C
ATOM   4268  O   PRO A 125     -37.212 119.253  -1.230  1.00 46.44      GZ00 O
ATOM   4269  CB  PRO A 125     -37.378 116.684  -3.110  1.00 44.97      GZ00 C
ATOM   4270  CG  PRO A 125     -38.764 116.674  -2.504  1.00 34.50      GZ00 C
ATOM   4271  CD  PRO A 125     -38.573 116.145  -1.088  1.00 36.15      GZ00 C
ATOM   4272  N   SER A 126     -35.358 119.126  -2.502  1.00 46.29      GZ00 N
ATOM   4273  CA  SER A 126     -35.329 120.540  -2.858  1.00 46.55      GZ00 C
ATOM   4274  C   SER A 126     -35.926 120.698  -4.247  1.00 51.08      GZ00 C
ATOM   4275  O   SER A 126     -35.646 119.893  -5.139  1.00 52.88      GZ00 O
ATOM   4276  CB  SER A 126     -33.903 121.093  -2.860  1.00 40.26      GZ00 C
ATOM   4277  OG  SER A 126     -33.293 120.973  -1.591  1.00 55.79      GZ00 O
ATOM   4278  N   VAL A 127     -36.744 121.735  -4.438  1.00 47.44      GZ00 N
ATOM   4279  CA  VAL A 127     -37.420 121.956  -5.713  1.00 40.11      GZ00 C
ATOM   4280  C   VAL A 127     -36.980 123.290  -6.314  1.00 43.78      GZ00 C
ATOM   4281  O   VAL A 127     -37.076 124.339  -5.665  1.00 52.62      GZ00 O
ATOM   4282  CB  VAL A 127     -38.948 121.898  -5.553  1.00 45.33      GZ00 C
ATOM   4283  CG1 VAL A 127     -39.618 122.036  -6.908  1.00 44.26      GZ00 C
ATOM   4284  CG2 VAL A 127     -39.359 120.584  -4.873  1.00 41.94      GZ00 C
ATOM   4285  N   PHE A 128     -36.517 123.250  -7.564  1.00 40.88      GZ00 N
ATOM   4286  CA  PHE A 128     -36.074 124.425  -8.285  1.00 43.70      GZ00 C
ATOM   4287  C   PHE A 128     -36.857 124.590  -9.578  1.00 46.15      GZ00 C
ATOM   4288  O   PHE A 128     -37.192 123.598 -10.227  1.00 47.49      GZ00 O
ATOM   4289  CB  PHE A 128     -34.582 124.356  -8.615  1.00 42.40      GZ00 C
ATOM   4290  CG  PHE A 128     -33.714 124.253  -7.406  1.00 49.59      GZ00 C
ATOM   4291  CD1 PHE A 128     -33.404 125.389  -6.666  1.00 47.01      GZ00 C
ATOM   4292  CD2 PHE A 128     -33.188 123.033  -7.012  1.00 45.42      GZ00 C
ATOM   4293  CE1 PHE A 128     -32.604 125.308  -5.538  1.00 45.05      GZ00 C
ATOM   4294  CE2 PHE A 128     -32.379 122.946  -5.890  1.00 55.33      GZ00 C
ATOM   4295  CZ  PHE A 128     -32.084 124.085  -5.152  1.00 51.39      GZ00 C
ATOM   4296  N   PRO A 129     -37.153 125.823  -9.985  1.00 44.34      GZ00 N
ATOM   4297  CA  PRO A 129     -37.894 126.021 -11.233  1.00 46.78      GZ00 C
ATOM   4298  C   PRO A 129     -36.975 125.867 -12.426  1.00 45.16      GZ00 C
ATOM   4299  O   PRO A 129     -35.815 126.280 -12.397  1.00 53.62      GZ00 O
ATOM   4300  CB  PRO A 129     -38.404 127.460 -11.109  1.00 47.94      GZ00 C
ATOM   4301  CG  PRO A 129     -37.334 128.141 -10.336  1.00 40.44      GZ00 C
ATOM   4302  CD  PRO A 129     -36.844 127.103  -9.323  1.00 47.69      GZ00 C
ATOM   4303  N   LEU A 130     -37.486 125.227 -13.465  1.00 44.60      GZ00 N
ATOM   4304  CA  LEU A 130     -36.794 125.147 -14.749  1.00 49.12      GZ00 C
ATOM   4305  C   LEU A 130     -37.528 126.108 -15.677  1.00 54.30      GZ00 C
ATOM   4306  O   LEU A 130     -38.580 125.769 -16.225  1.00 53.88      GZ00 O
ATOM   4307  CB  LEU A 130     -36.764 123.714 -15.283  1.00 52.10      GZ00 C
ATOM   4308  CG  LEU A 130     -36.085 122.707 -14.338  1.00 49.99      GZ00 C
ATOM   4309  CD1 LEU A 130     -36.064 121.284 -14.876  1.00 44.72      GZ00 C
ATOM   4310  CD2 LEU A 130     -34.670 123.167 -14.003  1.00 49.22      GZ00 C
ATOM   4311  N   ALA A 131     -36.979 127.339 -15.828  1.00 51.83      GZ00 N
ATOM   4312  CA  ALA A 131     -37.752 128.405 -16.461  1.00 60.57      GZ00 C
ATOM   4313  C   ALA A 131     -37.777 128.241 -17.979  1.00 58.44      GZ00 C
ATOM   4314  O   ALA A 131     -36.767 127.860 -18.578  1.00 62.01      GZ00 O
ATOM   4315  CB  ALA A 131     -37.182 129.780 -16.118  1.00 52.12      GZ00 C
ATOM   4316  N   PRO A 132     -38.922 128.508 -18.610  1.00 63.89      GZ00 N
ATOM   4317  CA  PRO A 132     -38.974 128.551 -20.076  1.00 60.84      GZ00 C
ATOM   4318  C   PRO A 132     -38.312 129.818 -20.583  1.00 68.50      GZ00 C
ATOM   4319  O   PRO A 132     -38.605 130.917 -20.107  1.00 78.71      GZ00 O
ATOM   4320  CB  PRO A 132     -40.477 128.546 -20.374  1.00 61.98      GZ00 C
ATOM   4321  CG  PRO A 132     -41.076 129.218 -19.186  1.00 59.91      GZ00 C
ATOM   4322  CD  PRO A 132     -40.239 128.787 -18.005  1.00 64.04      GZ00 C
ATOM   4323  N   SER A 133     -37.403 129.660 -21.536  1.00 78.25      GZ00 N
ATOM   4324  CA  SER A 133     -36.712 130.783 -22.151  1.00 90.93      GZ00 C
ATOM   4325  C   SER A 133     -36.986 130.784 -23.647  1.00 95.12      GZ00 C
ATOM   4326  O   SER A 133     -37.432 129.785 -24.219  1.00 92.73      GZ00 O
ATOM   4327  CB  SER A 133     -35.195 130.741 -21.878  1.00 93.56      GZ00 C
```

```
ATOM   4328  OG  SER A 133     -34.721 129.411 -21.727  1.00 92.59      GZ00 O
ATOM   4329  N   SER A 134     -36.724 131.923 -24.279  1.00101.62      GZ00 N
ATOM   4330  CA  SER A 134     -37.027 132.073 -25.696  1.00101.63      GZ00 C
ATOM   4331  C   SER A 134     -35.957 131.408 -26.549  1.00 98.00      GZ00 C
ATOM   4332  O   SER A 134     -36.000 130.197 -26.770  1.00105.90      GZ00 O
ATOM   4333  CB  SER A 134     -37.165 133.548 -26.069  1.00 96.91      GZ00 C
ATOM   4334  OG  SER A 134     -37.994 133.692 -27.209  1.00104.41      GZ00 O
ATOM   4335  N   GLY A 139     -42.971 131.608 -30.259  1.00100.95      GZ00 N
ATOM   4336  CA  GLY A 139     -44.001 130.908 -31.008  1.00110.26      GZ00 C
ATOM   4337  C   GLY A 139     -43.531 129.600 -31.626  1.00116.15      GZ00 C
ATOM   4338  O   GLY A 139     -42.529 129.576 -32.345  1.00129.42      GZ00 O
ATOM   4339  N   GLY A 140     -44.252 128.512 -31.352  1.00102.94      GZ00 N
ATOM   4340  CA  GLY A 140     -45.429 128.577 -30.509  1.00 98.08      GZ00 C
ATOM   4341  C   GLY A 140     -45.549 127.510 -29.435  1.00 93.20      GZ00 C
ATOM   4342  O   GLY A 140     -46.648 127.229 -28.960  1.00 88.91      GZ00 O
ATOM   4343  N   THR A 141     -44.427 126.906 -29.049  1.00 94.52      GZ00 N
ATOM   4344  CA  THR A 141     -44.434 125.891 -28.005  1.00 84.86      GZ00 C
ATOM   4345  C   THR A 141     -43.275 126.163 -27.053  1.00 82.99      GZ00 C
ATOM   4346  O   THR A 141     -42.191 126.566 -27.485  1.00 81.83      GZ00 O
ATOM   4347  CB  THR A 141     -44.353 124.474 -28.595  1.00 90.26      GZ00 C
ATOM   4348  OG1 THR A 141     -44.628 123.513 -27.566  1.00 85.35      GZ00 O
ATOM   4349  CG2 THR A 141     -42.971 124.203 -29.232  1.00 79.54      GZ00 C
ATOM   4350  N   ALA A 142     -43.506 125.953 -25.756  1.00 80.86      GZ00 N
ATOM   4351  CA  ALA A 142     -42.487 126.212 -24.745  1.00 77.11      GZ00 C
ATOM   4352  C   ALA A 142     -42.460 125.082 -23.731  1.00 70.08      GZ00 C
ATOM   4353  O   ALA A 142     -43.508 124.527 -23.382  1.00 69.86      GZ00 O
ATOM   4354  CB  ALA A 142     -42.731 127.539 -24.014  1.00 76.03      GZ00 C
ATOM   4355  N   ALA A 143     -41.262 124.748 -23.262  1.00 59.75      GZ00 N
ATOM   4356  CA  ALA A 143     -41.079 123.717 -22.248  1.00 63.56      GZ00 C
ATOM   4357  C   ALA A 143     -40.608 124.351 -20.947  1.00 58.18      GZ00 C
ATOM   4358  O   ALA A 143     -39.664 125.152 -20.948  1.00 54.35      GZ00 O
ATOM   4359  CB  ALA A 143     -40.072 122.666 -22.710  1.00 62.26      GZ00 C
ATOM   4360  N   LEU A 144     -41.241 123.961 -19.840  1.00 51.02      GZ00 N
ATOM   4361  CA  LEU A 144     -40.864 124.417 -18.507  1.00 54.73      GZ00 C
ATOM   4362  C   LEU A 144     -41.027 123.254 -17.537  1.00 53.32      GZ00 C
ATOM   4363  O   LEU A 144     -41.753 122.293 -17.812  1.00 53.18      GZ00 O
ATOM   4364  CB  LEU A 144     -41.709 125.621 -18.047  1.00 46.73      GZ00 C
ATOM   4365  CG  LEU A 144     -43.215 125.351 -17.951  1.00 56.02      GZ00 C
ATOM   4366  CD1 LEU A 144     -43.665 125.025 -16.521  1.00 52.68      GZ00 C
ATOM   4367  CD2 LEU A 144     -44.014 126.520 -18.513  1.00 58.59      GZ00 C
ATOM   4368  N   GLY A 145     -40.359 123.341 -16.391  1.00 51.88      GZ00 N
ATOM   4369  CA  GLY A 145     -40.399 122.209 -15.497  1.00 48.27      GZ00 C
ATOM   4370  C   GLY A 145     -39.960 122.514 -14.085  1.00 51.16      GZ00 C
ATOM   4371  O   GLY A 145     -39.791 123.673 -13.698  1.00 53.82      GZ00 O
ATOM   4372  N   CYS A 146     -39.798 121.434 -13.315  1.00 44.69      GZ00 N
ATOM   4373  CA  CYS A 146     -39.413 121.470 -11.910  1.00 47.10      GZ00 C
ATOM   4374  C   CYS A 146     -38.297 120.462 -11.680  1.00 45.37      GZ00 C
ATOM   4375  O   CYS A 146     -38.433 119.290 -12.038  1.00 42.62      GZ00 O
ATOM   4376  CB  CYS A 146     -40.597 121.139 -10.990  1.00 47.73      GZ00 C
ATOM   4377  SG  CYS A 146     -41.531 122.590 -10.443  1.00 76.23      GZ00 S
ATOM   4378  N   LEU A 147     -37.207 120.910 -11.080  1.00 47.76      GZ00 N
ATOM   4379  CA  LEU A 147     -36.102 120.037 -10.725  1.00 40.76      GZ00 C
ATOM   4380  C   LEU A 147     -36.281 119.619  -9.279  1.00 43.78      GZ00 C
ATOM   4381  O   LEU A 147     -36.273 120.470  -8.388  1.00 44.48      GZ00 O
ATOM   4382  CB  LEU A 147     -34.767 120.742 -10.938  1.00 37.72      GZ00 C
ATOM   4383  CG  LEU A 147     -33.513 120.047 -10.400  1.00 47.51      GZ00 C
ATOM   4384  CD1 LEU A 147     -33.360 118.653 -10.996  1.00 40.15      GZ00 C
ATOM   4385  CD2 LEU A 147     -32.260 120.918 -10.669  1.00 37.25      GZ00 C
ATOM   4386  N   VAL A 148     -36.396 118.311  -9.046  1.00 48.64      GZ00 N
ATOM   4387  CA  VAL A 148     -36.699 117.743  -7.733  1.00 46.35      GZ00 C
ATOM   4388  C   VAL A 148     -35.441 117.031  -7.252  1.00 49.34      GZ00 C
ATOM   4389  O   VAL A 148     -35.200 115.861  -7.576  1.00 50.72      GZ00 O
ATOM   4390  CB  VAL A 148     -37.896 116.788  -7.790  1.00 38.94      GZ00 C
ATOM   4391  CG1 VAL A 148     -38.234 116.266  -6.410  1.00 40.39      GZ00 C
ATOM   4392  CG2 VAL A 148     -39.087 117.487  -8.380  1.00 40.04      GZ00 C
ATOM   4393  N   LYS A 149     -34.660 117.721  -6.440  1.00 45.78      GZ00 N
ATOM   4394  CA  LYS A 149     -33.291 117.334  -6.155  1.00 45.80      GZ00 C
ATOM   4395  C   LYS A 149     -33.137 116.710  -4.774  1.00 47.10      GZ00 C
ATOM   4396  O   LYS A 149     -33.791 117.126  -3.815  1.00 47.43      GZ00 O
ATOM   4397  CB  LYS A 149     -32.379 118.554  -6.266  1.00 47.24      GZ00 C
ATOM   4398  CG  LYS A 149     -31.174 118.293  -7.097  1.00 56.69      GZ00 C
```

```
ATOM   4399  CD  LYS A 149     -29.975 119.004  -6.564  1.00 59.82      GZ00 C
ATOM   4400  CE  LYS A 149     -30.099 120.481  -6.760  1.00 57.45      GZ00 C
ATOM   4401  NZ  LYS A 149     -28.781 121.117  -6.434  1.00 60.94      GZ00 N1+
ATOM   4402  N   ASP A 150     -32.254 115.710  -4.694  1.00 49.92      GZ00 N
ATOM   4403  CA  ASP A 150     -31.630 115.231  -3.456  1.00 45.59      GZ00 C
ATOM   4404  C   ASP A 150     -32.643 114.736  -2.423  1.00 44.92      GZ00 C
ATOM   4405  O   ASP A 150     -32.679 115.208  -1.289  1.00 51.88      GZ00 O
ATOM   4406  CB  ASP A 150     -30.741 116.314  -2.838  1.00 42.77      GZ00 C
ATOM   4407  CG  ASP A 150     -29.533 116.637  -3.689  1.00 56.92      GZ00 C
ATOM   4408  OD1 ASP A 150     -29.136 115.782  -4.512  1.00 57.01      GZ00 O
ATOM   4409  OD2 ASP A 150     -28.970 117.747  -3.525  1.00 62.51      GZ00 O1-
ATOM   4410  N   TYR A 151     -33.415 113.725  -2.802  1.00 45.00      GZ00 N
ATOM   4411  CA  TYR A 151     -34.367 113.102  -1.894  1.00 49.20      GZ00 C
ATOM   4412  C   TYR A 151     -34.088 111.606  -1.765  1.00 57.02      GZ00 C
ATOM   4413  O   TYR A 151     -33.356 111.009  -2.563  1.00 54.16      GZ00 O
ATOM   4414  CB  TYR A 151     -35.807 113.316  -2.346  1.00 41.84      GZ00 C
ATOM   4415  CG  TYR A 151     -36.146 112.630  -3.642  1.00 53.39      GZ00 C
ATOM   4416  CD1 TYR A 151     -36.579 111.294  -3.672  1.00 58.67      GZ00 C
ATOM   4417  CD2 TYR A 151     -36.045 113.316  -4.845  1.00 47.72      GZ00 C
ATOM   4418  CE1 TYR A 151     -36.898 110.679  -4.879  1.00 55.52      GZ00 C
ATOM   4419  CE2 TYR A 151     -36.365 112.718  -6.041  1.00 47.90      GZ00 C
ATOM   4420  CZ  TYR A 151     -36.782 111.403  -6.063  1.00 54.44      GZ00 C
ATOM   4421  OH  TYR A 151     -37.077 110.834  -7.286  1.00 56.96      GZ00 O
ATOM   4422  N   PHE A 152     -34.688 111.011  -0.737  1.00 52.17      GZ00 N
ATOM   4423  CA  PHE A 152     -34.494 109.613  -0.424  1.00 56.95      GZ00 C
ATOM   4424  C   PHE A 152     -35.543 109.170   0.575  1.00 59.21      GZ00 C
ATOM   4425  O   PHE A 152     -35.877 109.929   1.472  1.00 56.82      GZ00 O
ATOM   4426  CB  PHE A 152     -33.097 109.382   0.144  1.00 56.68      GZ00 C
ATOM   4427  CG  PHE A 152     -32.764 107.946   0.349  1.00 56.75      GZ00 C
ATOM   4428  CD1 PHE A 152     -33.106 107.301   1.528  1.00 57.37      GZ00 C
ATOM   4429  CD2 PHE A 152     -32.097 107.233  -0.640  1.00 61.45      GZ00 C
ATOM   4430  CE1 PHE A 152     -32.796 105.963   1.718  1.00 62.30      GZ00 C
ATOM   4431  CE2 PHE A 152     -31.784 105.899  -0.457  1.00 54.88      GZ00 C
ATOM   4432  CZ  PHE A 152     -32.136 105.258   0.722  1.00 52.68      GZ00 C
ATOM   4433  N   PRO A 153     -36.081 107.947   0.414  1.00 64.15      GZ00 N
ATOM   4434  CA  PRO A 153     -35.890 107.052  -0.728  1.00 60.57      GZ00 C
ATOM   4435  C   PRO A 153     -36.949 107.343  -1.784  1.00 57.01      GZ00 C
ATOM   4436  O   PRO A 153     -37.736 108.261  -1.579  1.00 57.18      GZ00 O
ATOM   4437  CB  PRO A 153     -36.104 105.684  -0.109  1.00 56.69      GZ00 C
ATOM   4438  CG  PRO A 153     -37.250 105.962   0.843  1.00 50.72      GZ00 C
ATOM   4439  CD  PRO A 153     -36.942 107.317   1.434  1.00 59.37      GZ00 C
ATOM   4440  N   GLU A 154     -37.022 106.550  -2.848  1.00 55.69      GZ00 N
ATOM   4441  CA  GLU A 154     -38.086 106.727  -3.833  1.00 52.35      GZ00 C
ATOM   4442  C   GLU A 154     -39.389 106.318  -3.182  1.00 47.39      GZ00 C
ATOM   4443  O   GLU A 154     -39.364 105.619  -2.171  1.00 52.96      GZ00 O
ATOM   4444  CB  GLU A 154     -37.805 105.905  -5.093  1.00 53.56      GZ00 C
ATOM   4445  CG  GLU A 154     -36.530 106.322  -5.818  1.00 58.65      GZ00 C
ATOM   4446  CD  GLU A 154     -36.727 106.415  -7.315  1.00 67.26      GZ00 C
ATOM   4447  OE1 GLU A 154     -36.043 105.662  -8.041  1.00 74.85      GZ00 O
ATOM   4448  OE2 GLU A 154     -37.572 107.227  -7.765  1.00 66.72      GZ00 O1-
ATOM   4449  N   PRO A 155     -40.533 106.779  -3.713  1.00 45.32      GZ00 N
ATOM   4450  CA  PRO A 155     -40.792 107.703  -4.827  1.00 55.68      GZ00 C
ATOM   4451  C   PRO A 155     -41.144 109.144  -4.437  1.00 57.15      GZ00 C
ATOM   4452  O   PRO A 155     -41.413 109.427  -3.272  1.00 61.59      GZ00 O
ATOM   4453  CB  PRO A 155     -42.020 107.086  -5.474  1.00 54.31      GZ00 C
ATOM   4454  CG  PRO A 155     -42.813 106.627  -4.281  1.00 36.78      GZ00 C
ATOM   4455  CD  PRO A 155     -41.792 106.177  -3.235  1.00 36.78      GZ00 C
ATOM   4456  N   VAL A 156     -41.135 110.047  -5.417  1.00 56.20      GZ00 N
ATOM   4457  CA  VAL A 156     -41.884 111.294  -5.339  1.00 56.13      GZ00 C
ATOM   4458  C   VAL A 156     -42.962 111.242  -6.407  1.00 55.59      GZ00 C
ATOM   4459  O   VAL A 156     -42.818 110.570  -7.432  1.00 66.78      GZ00 O
ATOM   4460  CB  VAL A 156     -41.023 112.567  -5.514  1.00 57.46      GZ00 C
ATOM   4461  CG1 VAL A 156     -40.008 112.698  -4.399  1.00 56.24      GZ00 C
ATOM   4462  CG2 VAL A 156     -40.327 112.555  -6.838  1.00 58.46      GZ00 C
ATOM   4463  N   THR A 157     -44.052 111.949  -6.156  1.00 55.63      GZ00 N
ATOM   4464  CA  THR A 157     -45.091 112.189  -7.145  1.00 48.48      GZ00 C
ATOM   4465  C   THR A 157     -45.079 113.673  -7.480  1.00 56.97      GZ00 C
ATOM   4466  O   THR A 157     -44.819 114.506  -6.606  1.00 54.54      GZ00 O
ATOM   4467  CB  THR A 157     -46.464 111.777  -6.608  1.00 58.63      GZ00 C
ATOM   4468  OG1 THR A 157     -46.837 112.659  -5.542  1.00 69.16      GZ00 O
ATOM   4469  CG2 THR A 157     -46.413 110.369  -6.046  1.00 52.02      GZ00 C
```

```
ATOM   4470  N   VAL A 158     -45.317 114.003  -8.747  1.00 52.48      GZ00 N
ATOM   4471  CA  VAL A 158     -45.344 115.385  -9.209  1.00 49.55      GZ00 C
ATOM   4472  C   VAL A 158     -46.619 115.606 -10.001  1.00 53.68      GZ00 C
ATOM   4473  O   VAL A 158     -46.942 114.809 -10.885  1.00 58.24      GZ00 O
ATOM   4474  CB  VAL A 158     -44.131 115.743 -10.087  1.00 53.34      GZ00 C
ATOM   4475  CG1 VAL A 158     -44.181 117.245 -10.447  1.00 47.23      GZ00 C
ATOM   4476  CG2 VAL A 158     -42.819 115.357  -9.407  1.00 50.02      GZ00 C
ATOM   4477  N   SER A 159     -47.337 116.684  -9.693  1.00 53.96      GZ00 N
ATOM   4478  CA  SER A 159     -48.485 117.098 -10.485  1.00 54.02      GZ00 C
ATOM   4479  C   SER A 159     -48.334 118.563 -10.856  1.00 57.99      GZ00 C
ATOM   4480  O   SER A 159     -47.487 119.282 -10.319  1.00 58.35      GZ00 O
ATOM   4481  CB  SER A 159     -49.802 116.870  -9.741  1.00 57.03      GZ00 C
ATOM   4482  OG  SER A 159     -49.841 117.623  -8.548  1.00 64.29      GZ00 O
ATOM   4483  N   TRP A 160     -49.143 119.008 -11.804  1.00 52.93      GZ00 N
ATOM   4484  CA  TRP A 160     -49.127 120.403 -12.198  1.00 53.69      GZ00 C
ATOM   4485  C   TRP A 160     -50.507 120.996 -11.965  1.00 60.22      GZ00 C
ATOM   4486  O   TRP A 160     -51.524 120.353 -12.254  1.00 56.05      GZ00 O
ATOM   4487  CB  TRP A 160     -48.667 120.551 -13.654  1.00 52.01      GZ00 C
ATOM   4488  CG  TRP A 160     -47.199 120.239 -13.791  1.00 61.18      GZ00 C
ATOM   4489  CD1 TRP A 160     -46.630 119.002 -13.982  1.00 51.63      GZ00 C
ATOM   4490  CD2 TRP A 160     -46.108 121.169 -13.703  1.00 51.85      GZ00 C
ATOM   4491  NE1 TRP A 160     -45.260 119.116 -14.035  1.00 51.65      GZ00 N
ATOM   4492  CE2 TRP A 160     -44.914 120.433 -13.871  1.00 55.17      GZ00 C
ATOM   4493  CE3 TRP A 160     -46.025 122.550 -13.513  1.00 49.96      GZ00 C
ATOM   4494  CZ2 TRP A 160     -43.654 121.035 -13.847  1.00 52.75      GZ00 C
ATOM   4495  CZ3 TRP A 160     -44.772 123.148 -13.502  1.00 55.98      GZ00 C
ATOM   4496  CH2 TRP A 160     -43.604 122.389 -13.663  1.00 51.25      GZ00 C
ATOM   4497  N   ASN A 161     -50.521 122.215 -11.417  1.00 59.30      GZ00 N
ATOM   4498  CA  ASN A 161     -51.738 122.946 -11.048  1.00 53.77      GZ00 C
ATOM   4499  C   ASN A 161     -52.737 122.039 -10.336  1.00 58.01      GZ00 C
ATOM   4500  O   ASN A 161     -53.929 122.014 -10.642  1.00 64.68      GZ00 O
ATOM   4501  CB  ASN A 161     -52.353 123.615 -12.267  1.00 42.97      GZ00 C
ATOM   4502  CG  ASN A 161     -51.430 124.645 -12.851  1.00 59.88      GZ00 C
ATOM   4503  OD1 ASN A 161     -50.421 124.988 -12.231  1.00 57.52      GZ00 O
ATOM   4504  ND2 ASN A 161     -51.743 125.141 -14.043  1.00 62.17      GZ00 N
ATOM   4505  N   SER A 162     -52.218 121.280  -9.367  1.00 60.34      GZ00 N
ATOM   4506  CA  SER A 162     -53.022 120.430  -8.483  1.00 66.27      GZ00 C
ATOM   4507  C   SER A 162     -53.790 119.353  -9.244  1.00 71.65      GZ00 C
ATOM   4508  O   SER A 162     -54.873 118.941  -8.821  1.00 79.00      GZ00 O
ATOM   4509  CB  SER A 162     -53.984 121.273  -7.641  1.00 67.29      GZ00 C
ATOM   4510  OG  SER A 162     -53.287 122.322  -6.987  1.00 70.91      GZ00 O
ATOM   4511  N   GLY A 163     -53.224 118.858 -10.349  1.00 70.85      GZ00 N
ATOM   4512  CA  GLY A 163     -53.876 117.868 -11.181  1.00 59.17      GZ00 C
ATOM   4513  C   GLY A 163     -54.598 118.443 -12.385  1.00 68.56      GZ00 C
ATOM   4514  O   GLY A 163     -55.017 117.675 -13.255  1.00 76.49      GZ00 O
ATOM   4515  N   ALA A 164     -54.744 119.772 -12.463  1.00 67.36      GZ00 N
ATOM   4516  CA  ALA A 164     -55.483 120.392 -13.561  1.00 63.96      GZ00 C
ATOM   4517  C   ALA A 164     -54.755 120.239 -14.885  1.00 68.34      GZ00 C
ATOM   4518  O   ALA A 164     -55.391 120.060 -15.927  1.00 75.07      GZ00 O
ATOM   4519  CB  ALA A 164     -55.712 121.879 -13.280  1.00 57.29      GZ00 C
ATOM   4520  N   LEU A 165     -53.431 120.361 -14.874  1.00 70.33      GZ00 N
ATOM   4521  CA  LEU A 165     -52.620 120.265 -16.082  1.00 64.91      GZ00 C
ATOM   4522  C   LEU A 165     -52.055 118.846 -16.163  1.00 69.76      GZ00 C
ATOM   4523  O   LEU A 165     -51.263 118.438 -15.303  1.00 66.93      GZ00 O
ATOM   4524  CB  LEU A 165     -51.521 121.324 -16.062  1.00 64.77      GZ00 C
ATOM   4525  CG  LEU A 165     -50.556 121.397 -17.245  1.00 68.60      GZ00 C
ATOM   4526  CD1 LEU A 165     -51.313 121.483 -18.560  1.00 68.89      GZ00 C
ATOM   4527  CD2 LEU A 165     -49.654 122.612 -17.083  1.00 68.22      GZ00 C
ATOM   4528  N   THR A 166     -52.506 118.076 -17.164  1.00 75.54      GZ00 N
ATOM   4529  CA  THR A 166     -52.042 116.700 -17.363  1.00 72.10      GZ00 C
ATOM   4530  C   THR A 166     -51.554 116.504 -18.792  1.00 68.22      GZ00 C
ATOM   4531  O   THR A 166     -50.624 115.732 -19.042  1.00 71.78      GZ00 O
ATOM   4532  CB  THR A 166     -53.133 115.662 -17.055  1.00 67.33      GZ00 C
ATOM   4533  OG1 THR A 166     -54.242 115.850 -17.938  1.00 72.47      GZ00 O
ATOM   4534  CG2 THR A 166     -53.609 115.751 -15.608  1.00 70.69      GZ00 C
ATOM   4535  N   SER A 167     -52.193 117.175 -19.742  1.00 70.73      GZ00 N
ATOM   4536  CA  SER A 167     -51.742 117.096 -21.121  1.00 77.77      GZ00 C
ATOM   4537  C   SER A 167     -50.357 117.710 -21.242  1.00 66.92      GZ00 C
ATOM   4538  O   SER A 167     -50.104 118.796 -20.717  1.00 69.96      GZ00 O
ATOM   4539  CB  SER A 167     -52.734 117.819 -22.039  1.00 74.39      GZ00 C
ATOM   4540  OG  SER A 167     -52.114 118.270 -23.233  1.00 68.17      GZ00 O
```

```
ATOM   4541  N   GLY A 168     -49.455 117.012 -21.932  1.00 64.19      GZ00 N
ATOM   4542  CA  GLY A 168     -48.125 117.554 -22.141  1.00 62.50      GZ00 C
ATOM   4543  C   GLY A 168     -47.169 117.414 -20.977  1.00 58.51      GZ00 C
ATOM   4544  O   GLY A 168     -46.115 118.053 -20.994  1.00 54.75      GZ00 O
ATOM   4545  N   VAL A 169     -47.512 116.619 -19.963  1.00 59.87      GZ00 N
ATOM   4546  CA  VAL A 169     -46.709 116.442 -18.757  1.00 53.22      GZ00 C
ATOM   4547  C   VAL A 169     -45.837 115.206 -18.906  1.00 57.24      GZ00 C
ATOM   4548  O   VAL A 169     -46.341 114.121 -19.219  1.00 54.95      GZ00 O
ATOM   4549  CB  VAL A 169     -47.605 116.322 -17.514  1.00 52.90      GZ00 C
ATOM   4550  CG1 VAL A 169     -46.789 115.872 -16.311  1.00 50.21      GZ00 C
ATOM   4551  CG2 VAL A 169     -48.279 117.657 -17.237  1.00 56.97      GZ00 C
ATOM   4552  N   HIS A 170     -44.533 115.362 -18.656  1.00 49.30      GZ00 N
ATOM   4553  CA  HIS A 170     -43.571 114.263 -18.742  1.00 46.23      GZ00 C
ATOM   4554  C   HIS A 170     -42.653 114.312 -17.519  1.00 45.18      GZ00 C
ATOM   4555  O   HIS A 170     -41.702 115.095 -17.482  1.00 48.42      GZ00 O
ATOM   4556  CB  HIS A 170     -42.786 114.360 -20.050  1.00 46.88      GZ00 C
ATOM   4557  CG  HIS A 170     -41.995 113.136 -20.400  1.00 50.83      GZ00 C
ATOM   4558  ND1 HIS A 170     -41.756 112.109 -19.507  1.00 51.60      GZ00 N
ATOM   4559  CD2 HIS A 170     -41.374 112.784 -21.551  1.00 45.43      GZ00 C
ATOM   4560  CE1 HIS A 170     -41.020 111.180 -20.092  1.00 44.58      GZ00 C
ATOM   4561  NE2 HIS A 170     -40.776 111.565 -21.332  1.00 49.60      GZ00 N
ATOM   4562  N   THR A 171     -42.927 113.466 -16.529  1.00 43.26      GZ00 N
ATOM   4563  CA  THR A 171     -42.052 113.277 -15.380  1.00 42.92      GZ00 C
ATOM   4564  C   THR A 171     -41.082 112.128 -15.662  1.00 43.51      GZ00 C
ATOM   4565  O   THR A 171     -41.505 111.018 -15.974  1.00 42.46      GZ00 O
ATOM   4566  CB  THR A 171     -42.883 113.022 -14.124  1.00 37.89      GZ00 C
ATOM   4567  OG1 THR A 171     -43.681 114.176 -13.878  1.00 47.19      GZ00 O
ATOM   4568  CG2 THR A 171     -42.006 112.776 -12.906  1.00 32.66      GZ00 C
ATOM   4569  N   PHE A 172     -39.793 112.421 -15.634  1.00 46.02      GZ00 N
ATOM   4570  CA  PHE A 172     -38.722 111.494 -15.965  1.00 45.07      GZ00 C
ATOM   4571  C   PHE A 172     -38.336 110.651 -14.754  1.00 49.93      GZ00 C
ATOM   4572  O   PHE A 172     -38.364 111.141 -13.628  1.00 51.84      GZ00 O
ATOM   4573  CB  PHE A 172     -37.501 112.256 -16.475  1.00 38.72      GZ00 C
ATOM   4574  CG  PHE A 172     -37.680 112.793 -17.855  1.00 43.18      GZ00 C
ATOM   4575  CD1 PHE A 172     -38.599 113.810 -18.104  1.00 42.98      GZ00 C
ATOM   4576  CD2 PHE A 172     -36.942 112.277 -18.917  1.00 40.18      GZ00 C
ATOM   4577  CE1 PHE A 172     -38.782 114.304 -19.389  1.00 43.59      GZ00 C
ATOM   4578  CE2 PHE A 172     -37.108 112.779 -20.216  1.00 44.39      GZ00 C
ATOM   4579  CZ  PHE A 172     -38.030 113.797 -20.449  1.00 45.10      GZ00 C
ATOM   4580  N   PRO A 173     -37.971 109.388 -14.970  1.00 45.23      GZ00 N
ATOM   4581  CA  PRO A 173     -37.427 108.573 -13.877  1.00 46.41      GZ00 C
ATOM   4582  C   PRO A 173     -36.181 109.215 -13.275  1.00 46.24      GZ00 C
ATOM   4583  O   PRO A 173     -35.412 109.890 -13.963  1.00 49.60      GZ00 O
ATOM   4584  CB  PRO A 173     -37.083 107.243 -14.568  1.00 43.84      GZ00 C
ATOM   4585  CG  PRO A 173     -37.966 107.212 -15.777  1.00 42.54      GZ00 C
ATOM   4586  CD  PRO A 173     -38.103 108.633 -16.230  1.00 42.67      GZ00 C
ATOM   4587  N   ALA A 174     -35.971 108.971 -11.983  1.00 43.82      GZ00 N
ATOM   4588  CA  ALA A 174     -34.906 109.615 -11.225  1.00 43.70      GZ00 C
ATOM   4589  C   ALA A 174     -33.520 109.033 -11.547  1.00 43.64      GZ00 C
ATOM   4590  O   ALA A 174     -33.392 107.905 -12.020  1.00 48.77      GZ00 O
ATOM   4591  CB  ALA A 174     -35.195 109.486  -9.733  1.00 46.19      GZ00 C
ATOM   4592  N   VAL A 175     -32.460 109.857 -11.304  1.00 40.72      GZ00 N
ATOM   4593  CA  VAL A 175     -31.066 109.414 -11.216  1.00 40.07      GZ00 C
ATOM   4594  C   VAL A 175     -30.766 109.037  -9.779  1.00 49.10      GZ00 C
ATOM   4595  O   VAL A 175     -31.260 109.680  -8.847  1.00 49.26      GZ00 O
ATOM   4596  CB  VAL A 175     -30.053 110.495 -11.665  1.00 47.05      GZ00 C
ATOM   4597  CG1 VAL A 175     -29.752 110.424 -13.122  1.00 49.41      GZ00 C
ATOM   4598  CG2 VAL A 175     -30.479 111.906 -11.241  1.00 43.16      GZ00 C
ATOM   4599  N   LEU A 176     -29.930 108.011  -9.593  1.00 45.95      GZ00 N
ATOM   4600  CA  LEU A 176     -29.317 107.724  -8.305  1.00 45.89      GZ00 C
ATOM   4601  C   LEU A 176     -27.916 108.315  -8.322  1.00 50.82      GZ00 C
ATOM   4602  O   LEU A 176     -27.048 107.853  -9.066  1.00 64.34      GZ00 O
ATOM   4603  CB  LEU A 176     -29.278 106.231  -8.012  1.00 50.15      GZ00 C
ATOM   4604  CG  LEU A 176     -28.524 105.913  -6.714  1.00 55.35      GZ00 C
ATOM   4605  CD1 LEU A 176     -29.054 106.726  -5.525  1.00 46.25      GZ00 C
ATOM   4606  CD2 LEU A 176     -28.546 104.409  -6.408  1.00 46.32      GZ00 C
ATOM   4607  N   GLN A 177     -27.691 109.322  -7.492  1.00 52.50      GZ00 N
ATOM   4608  CA  GLN A 177     -26.422 110.026  -7.518  1.00 63.27      GZ00 C
ATOM   4609  C   GLN A 177     -25.368 109.285  -6.697  1.00 56.88      GZ00 C
ATOM   4610  O   GLN A 177     -25.678 108.456  -5.831  1.00 51.21      GZ00 O
ATOM   4611  CB  GLN A 177     -26.600 111.448  -6.985  1.00 64.89      GZ00 C
```

```
ATOM   4612  CG  GLN A 177     -27.646 112.247  -7.732  1.00 67.73      GZ00 C
ATOM   4613  CD  GLN A 177     -27.955 113.563  -7.061  1.00 68.75      GZ00 C
ATOM   4614  OE1 GLN A 177     -27.236 114.552  -7.240  1.00 87.07      GZ00 O
ATOM   4615  NE2 GLN A 177     -29.018 113.581  -6.259  1.00 58.03      GZ00 N
ATOM   4616  N   SER A 178     -24.100 109.596  -6.997  1.00 53.78      GZ00 N
ATOM   4617  CA  SER A 178     -22.982 109.070  -6.216  1.00 54.16      GZ00 C
ATOM   4618  C   SER A 178     -23.113 109.421  -4.744  1.00 58.69      GZ00 C
ATOM   4619  O   SER A 178     -22.550 108.730  -3.889  1.00 66.24      GZ00 O
ATOM   4620  CB  SER A 178     -21.648 109.588  -6.769  1.00 54.96      GZ00 C
ATOM   4621  OG  SER A 178     -21.589 111.004  -6.780  1.00 68.48      GZ00 O
ATOM   4622  N   SER A 179     -23.821 110.508  -4.432  1.00 59.99      GZ00 N
ATOM   4623  CA  SER A 179     -24.134 110.871  -3.058  1.00 57.94      GZ00 C
ATOM   4624  C   SER A 179     -25.059 109.870  -2.372  1.00 50.10      GZ00 C
ATOM   4625  O   SER A 179     -25.232 109.952  -1.154  1.00 50.29      GZ00 O
ATOM   4626  CB  SER A 179     -24.787 112.254  -3.030  1.00 52.99      GZ00 C
ATOM   4627  OG  SER A 179     -26.135 112.159  -3.478  1.00 61.58      GZ00 O
ATOM   4628  N   GLY A 180     -25.671 108.949  -3.113  1.00 43.93      GZ00 N
ATOM   4629  CA  GLY A 180     -26.698 108.079  -2.571  1.00 44.88      GZ00 C
ATOM   4630  C   GLY A 180     -28.110 108.631  -2.606  1.00 52.65      GZ00 C
ATOM   4631  O   GLY A 180     -29.037 107.923  -2.196  1.00 57.69      GZ00 O
ATOM   4632  N   LEU A 181     -28.306 109.863  -3.094  1.00 54.40      GZ00 N
ATOM   4633  CA  LEU A 181     -29.609 110.513  -3.171  1.00 55.39      GZ00 C
ATOM   4634  C   LEU A 181     -30.141 110.518  -4.600  1.00 52.55      GZ00 C
ATOM   4635  O   LEU A 181     -29.377 110.492  -5.571  1.00 47.86      GZ00 O
ATOM   4636  CB  LEU A 181     -29.523 111.954  -2.660  1.00 50.22      GZ00 C
ATOM   4637  CG  LEU A 181     -29.108 112.109  -1.207  1.00 54.13      GZ00 C
ATOM   4638  CD1 LEU A 181     -28.919 113.590  -0.837  1.00 45.91      GZ00 C
ATOM   4639  CD2 LEU A 181     -30.175 111.435  -0.357  1.00 50.94      GZ00 C
ATOM   4640  N   TYR A 182     -31.469 110.607  -4.712  1.00 45.18      GZ00 N
ATOM   4641  CA  TYR A 182     -32.159 110.643  -5.991  1.00 44.17      GZ00 C
ATOM   4642  C   TYR A 182     -32.489 112.069  -6.403  1.00 48.41      GZ00 C
ATOM   4643  O   TYR A 182     -32.683 112.946  -5.562  1.00 50.13      GZ00 O
ATOM   4644  CB  TYR A 182     -33.454 109.832  -5.939  1.00 51.31      GZ00 C
ATOM   4645  CG  TYR A 182     -33.222 108.357  -5.719  1.00 51.52      GZ00 C
ATOM   4646  CD1 TYR A 182     -32.971 107.499  -6.796  1.00 53.09      GZ00 C
ATOM   4647  CD2 TYR A 182     -33.255 107.817  -4.441  1.00 49.04      GZ00 C
ATOM   4648  CE1 TYR A 182     -32.746 106.144  -6.595  1.00 57.42      GZ00 C
ATOM   4649  CE2 TYR A 182     -33.037 106.464  -4.231  1.00 58.73      GZ00 C
ATOM   4650  CZ  TYR A 182     -32.784 105.634  -5.305  1.00 56.88      GZ00 C
ATOM   4651  OH  TYR A 182     -32.567 104.299  -5.082  1.00 64.47      GZ00 O
ATOM   4652  N   SER A 183     -32.565 112.285  -7.718  1.00 46.87      GZ00 N
ATOM   4653  CA  SER A 183     -33.102 113.509  -8.298  1.00 44.44      GZ00 C
ATOM   4654  C   SER A 183     -33.911 113.162  -9.541  1.00 46.59      GZ00 C
ATOM   4655  O   SER A 183     -33.582 112.222 -10.262  1.00 44.22      GZ00 O
ATOM   4656  CB  SER A 183     -31.992 114.502  -8.679  1.00 39.93      GZ00 C
ATOM   4657  OG  SER A 183     -31.284 114.978  -7.545  1.00 50.25      GZ00 O
ATOM   4658  N   LEU A 184     -34.945 113.951  -9.821  1.00 43.36      GZ00 N
ATOM   4659  CA  LEU A 184     -35.653 113.810 -11.084  1.00 43.02      GZ00 C
ATOM   4660  C   LEU A 184     -36.113 115.182 -11.552  1.00 47.62      GZ00 C
ATOM   4661  O   LEU A 184     -36.058 116.171 -10.815  1.00 47.17      GZ00 O
ATOM   4662  CB  LEU A 184     -36.840 112.839 -10.975  1.00 38.26      GZ00 C
ATOM   4663  CG  LEU A 184     -38.061 113.103 -10.085  1.00 43.98      GZ00 C
ATOM   4664  CD1 LEU A 184     -38.998 114.216 -10.603  1.00 40.01      GZ00 C
ATOM   4665  CD2 LEU A 184     -38.840 111.795  -9.902  1.00 43.99      GZ00 C
ATOM   4666  N   SER A 185     -36.568 115.229 -12.801  1.00 43.75      GZ00 N
ATOM   4667  CA  SER A 185     -37.198 116.411 -13.358  1.00 38.83      GZ00 C
ATOM   4668  C   SER A 185     -38.565 116.044 -13.909  1.00 43.09      GZ00 C
ATOM   4669  O   SER A 185     -38.803 114.901 -14.312  1.00 45.04      GZ00 O
ATOM   4670  CB  SER A 185     -36.346 117.037 -14.462  1.00 38.03      GZ00 C
ATOM   4671  OG  SER A 185     -35.075 117.365 -13.952  1.00 38.25      GZ00 O
ATOM   4672  N   SER A 186     -39.468 117.023 -13.889  1.00 39.49      GZ00 N
ATOM   4673  CA  SER A 186     -40.767 116.950 -14.544  1.00 41.04      GZ00 C
ATOM   4674  C   SER A 186     -40.899 118.159 -15.449  1.00 42.89      GZ00 C
ATOM   4675  O   SER A 186     -40.584 119.272 -15.032  1.00 44.02      GZ00 O
ATOM   4676  CB  SER A 186     -41.917 116.931 -13.536  1.00 44.24      GZ00 C
ATOM   4677  OG  SER A 186     -43.174 117.016 -14.199  1.00 48.30      GZ00 O
ATOM   4678  N   VAL A 187     -41.298 117.945 -16.698  1.00 47.04      GZ00 N
ATOM   4679  CA  VAL A 187     -41.489 119.062 -17.613  1.00 45.11      GZ00 C
ATOM   4680  C   VAL A 187     -42.849 118.971 -18.275  1.00 51.54      GZ00 C
ATOM   4681  O   VAL A 187     -43.401 117.887 -18.494  1.00 53.22      GZ00 O
ATOM   4682  CB  VAL A 187     -40.385 119.152 -18.666  1.00 43.95      GZ00 C
```

```
ATOM   4683  CG1 VAL A 187     -39.102 119.540 -17.976  1.00 54.28      GZ00 C
ATOM   4684  CG2 VAL A 187     -40.236 117.828 -19.352  1.00 52.33      GZ00 C
ATOM   4685  N   VAL A 188     -43.405 120.132 -18.564  1.00 54.43      GZ00 N
ATOM   4686  CA  VAL A 188     -44.641 120.228 -19.315  1.00 58.17      GZ00 C
ATOM   4687  C   VAL A 188     -44.385 121.161 -20.480  1.00 59.55      GZ00 C
ATOM   4688  O   VAL A 188     -43.710 122.188 -20.330  1.00 58.11      GZ00 O
ATOM   4689  CB  VAL A 188     -45.821 120.710 -18.443  1.00 59.93      GZ00 C
ATOM   4690  CG1 VAL A 188     -45.449 121.979 -17.680  1.00 60.26      GZ00 C
ATOM   4691  CG2 VAL A 188     -47.062 120.912 -19.297  1.00 61.12      GZ00 C
ATOM   4692  N   THR A 189     -44.859 120.768 -21.655  1.00 62.33      GZ00 N
ATOM   4693  CA  THR A 189     -44.814 121.638 -22.815  1.00 66.67      GZ00 C
ATOM   4694  C   THR A 189     -46.153 122.362 -22.930  1.00 69.89      GZ00 C
ATOM   4695  O   THR A 189     -47.220 121.739 -22.815  1.00 62.33      GZ00 O
ATOM   4696  CB  THR A 189     -44.477 120.837 -24.072  1.00 67.75      GZ00 C
ATOM   4697  OG1 THR A 189     -44.384 119.450 -23.731  1.00 69.60      GZ00 O
ATOM   4698  CG2 THR A 189     -43.130 121.278 -24.620  1.00 74.71      GZ00 C
ATOM   4699  N   VAL A 190     -46.084 123.681 -23.102  1.00 66.60      GZ00 N
ATOM   4700  CA  VAL A 190     -47.263 124.547 -23.133  1.00 66.10      GZ00 C
ATOM   4701  C   VAL A 190     -47.136 125.490 -24.322  1.00 73.09      GZ00 C
ATOM   4702  O   VAL A 190     -46.045 125.641 -24.901  1.00 71.87      GZ00 O
ATOM   4703  CB  VAL A 190     -47.425 125.349 -21.818  1.00 64.66      GZ00 C
ATOM   4704  CG1 VAL A 190     -47.569 124.428 -20.610  1.00 58.32      GZ00 C
ATOM   4705  CG2 VAL A 190     -46.261 126.316 -21.640  1.00 59.75      GZ00 C
ATOM   4706  N   PRO A 191     -48.245 126.108 -24.739  1.00 74.14      GZ00 N
ATOM   4707  CA  PRO A 191     -48.160 127.158 -25.763  1.00 74.58      GZ00 C
ATOM   4708  C   PRO A 191     -47.354 128.344 -25.261  1.00 76.75      GZ00 C
ATOM   4709  O   PRO A 191     -47.577 128.839 -24.154  1.00 81.03      GZ00 O
ATOM   4710  CB  PRO A 191     -49.625 127.539 -26.000  1.00 69.86      GZ00 C
ATOM   4711  CG  PRO A 191     -50.402 126.339 -25.563  1.00 73.10      GZ00 C
ATOM   4712  CD  PRO A 191     -49.645 125.802 -24.391  1.00 71.77      GZ00 C
ATOM   4713  N   SER A 192     -46.422 128.813 -26.093  1.00 74.74      GZ00 N
ATOM   4714  CA  SER A 192     -45.569 129.925 -25.684  1.00 84.32      GZ00 C
ATOM   4715  C   SER A 192     -46.375 131.203 -25.449  1.00 87.52      GZ00 C
ATOM   4716  O   SER A 192     -46.000 132.033 -24.611  1.00 90.45      GZ00 O
ATOM   4717  CB  SER A 192     -44.469 130.145 -26.720  1.00 82.62      GZ00 C
ATOM   4718  OG  SER A 192     -45.022 130.471 -27.977  1.00 97.04      GZ00 O
ATOM   4719  N   SER A 193     -47.472 131.392 -26.187  1.00 89.79      GZ00 N
ATOM   4720  CA  SER A 193     -48.307 132.573 -25.998  1.00 89.74      GZ00 C
ATOM   4721  C   SER A 193     -48.972 132.612 -24.626  1.00 93.59      GZ00 C
ATOM   4722  O   SER A 193     -49.320 133.699 -24.148  1.00 95.20      GZ00 O
ATOM   4723  CB  SER A 193     -49.389 132.613 -27.076  1.00 81.94      GZ00 C
ATOM   4724  OG  SER A 193     -50.265 131.503 -26.929  1.00 74.81      GZ00 O
ATOM   4725  N   SER A 194     -49.138 131.462 -23.975  1.00 87.57      GZ00 N
ATOM   4726  CA  SER A 194     -49.771 131.416 -22.662  1.00 89.09      GZ00 C
ATOM   4727  C   SER A 194     -48.823 131.758 -21.516  1.00 91.10      GZ00 C
ATOM   4728  O   SER A 194     -49.278 131.840 -20.368  1.00 89.32      GZ00 O
ATOM   4729  CB  SER A 194     -50.372 130.030 -22.418  1.00 81.55      GZ00 C
ATOM   4730  OG  SER A 194     -49.347 129.061 -22.241  1.00 88.02      GZ00 O
ATOM   4731  N   LEU A 195     -47.528 131.951 -21.791  1.00 87.53      GZ00 N
ATOM   4732  CA  LEU A 195     -46.560 132.107 -20.708  1.00 88.74      GZ00 C
ATOM   4733  C   LEU A 195     -46.827 133.359 -19.882  1.00 89.05      GZ00 C
ATOM   4734  O   LEU A 195     -46.677 133.340 -18.654  1.00 89.42      GZ00 O
ATOM   4735  CB  LEU A 195     -45.137 132.120 -21.267  1.00 85.76      GZ00 C
ATOM   4736  CG  LEU A 195     -44.685 130.772 -21.838  1.00 84.17      GZ00 C
ATOM   4737  CD1 LEU A 195     -43.245 130.846 -22.337  1.00 78.51      GZ00 C
ATOM   4738  CD2 LEU A 195     -44.872 129.643 -20.827  1.00 71.43      GZ00 C
ATOM   4739  N   GLY A 196     -47.240 134.451 -20.529  1.00 92.67      GZ00 N
ATOM   4740  CA  GLY A 196     -47.552 135.661 -19.789  1.00 83.87      GZ00 C
ATOM   4741  C   GLY A 196     -48.867 135.611 -19.045  1.00 82.81      GZ00 C
ATOM   4742  O   GLY A 196     -49.054 136.368 -18.090  1.00 84.91      GZ00 O
ATOM   4743  N   THR A 197     -49.775 134.728 -19.455  1.00 85.57      GZ00 N
ATOM   4744  CA  THR A 197     -51.143 134.692 -18.952  1.00 86.43      GZ00 C
ATOM   4745  C   THR A 197     -51.368 133.631 -17.888  1.00 86.30      GZ00 C
ATOM   4746  O   THR A 197     -52.058 133.892 -16.898  1.00 86.17      GZ00 O
ATOM   4747  CB  THR A 197     -52.121 134.417 -20.097  1.00 86.40      GZ00 C
ATOM   4748  OG1 THR A 197     -51.849 135.303 -21.187  1.00 91.08      GZ00 O
ATOM   4749  CG2 THR A 197     -53.569 134.569 -19.626  1.00 80.19      GZ00 C
ATOM   4750  N   GLN A 198     -50.770 132.454 -18.048  1.00 84.30      GZ00 N
ATOM   4751  CA  GLN A 198     -51.154 131.288 -17.272  1.00 78.44      GZ00 C
ATOM   4752  C   GLN A 198     -50.118 131.004 -16.194  1.00 79.40      GZ00 C
ATOM   4753  O   GLN A 198     -48.910 131.155 -16.412  1.00 78.37      GZ00 O
```

```
ATOM   4754  CB  GLN A 198     -51.315 130.071 -18.184  1.00 76.20      GZ00 C
ATOM   4755  CG  GLN A 198     -51.543 128.762 -17.443  1.00 79.56      GZ00 C
ATOM   4756  CD  GLN A 198     -52.867 128.724 -16.710  1.00 81.18      GZ00 C
ATOM   4757  OE1 GLN A 198     -53.881 129.172 -17.236  1.00 93.21      GZ00 O
ATOM   4758  NE2 GLN A 198     -52.867 128.185 -15.493  1.00 73.89      GZ00 N
ATOM   4759  N   THR A 199     -50.606 130.551 -15.043  1.00 73.01      GZ00 N
ATOM   4760  CA  THR A 199     -49.774 130.248 -13.891  1.00 76.95      GZ00 C
ATOM   4761  C   THR A 199     -49.518 128.747 -13.834  1.00 74.20      GZ00 C
ATOM   4762  O   THR A 199     -50.462 127.944 -13.805  1.00 70.39      GZ00 O
ATOM   4763  CB  THR A 199     -50.445 130.746 -12.610  1.00 71.33      GZ00 C
ATOM   4764  OG1 THR A 199     -50.421 132.179 -12.601  1.00 73.00      GZ00 O
ATOM   4765  CG2 THR A 199     -49.728 130.224 -11.382  1.00 65.14      GZ00 C
ATOM   4766  N   TYR A 200     -48.242 128.376 -13.805  1.00 68.08      GZ00 N
ATOM   4767  CA  TYR A 200     -47.829 126.982 -13.781  1.00 61.58      GZ00 C
ATOM   4768  C   TYR A 200     -47.135 126.697 -12.461  1.00 60.20      GZ00 C
ATOM   4769  O   TYR A 200     -46.093 127.293 -12.153  1.00 57.85      GZ00 O
ATOM   4770  CB  TYR A 200     -46.911 126.674 -14.955  1.00 57.54      GZ00 C
ATOM   4771  CG  TYR A 200     -47.580 126.881 -16.287  1.00 62.50      GZ00 C
ATOM   4772  CD1 TYR A 200     -48.564 126.013 -16.731  1.00 61.12      GZ00 C
ATOM   4773  CD2 TYR A 200     -47.218 127.943 -17.106  1.00 67.26      GZ00 C
ATOM   4774  CE1 TYR A 200     -49.178 126.194 -17.951  1.00 65.39      GZ00 C
ATOM   4775  CE2 TYR A 200     -47.820 128.135 -18.333  1.00 69.26      GZ00 C
ATOM   4776  CZ  TYR A 200     -48.802 127.257 -18.753  1.00 70.05      GZ00 C
ATOM   4777  OH  TYR A 200     -49.409 127.447 -19.979  1.00 69.68      GZ00 O
ATOM   4778  N   ILE A 201     -47.710 125.775 -11.699  1.00 54.42      GZ00 N
ATOM   4779  CA  ILE A 201     -47.224 125.396 -10.384  1.00 55.01      GZ00 C
ATOM   4780  C   ILE A 201     -47.026 123.891 -10.383  1.00 53.67      GZ00 C
ATOM   4781  O   ILE A 201     -47.944 123.147 -10.738  1.00 51.99      GZ00 O
ATOM   4782  CB  ILE A 201     -48.220 125.791  -9.275  1.00 53.52      GZ00 C
ATOM   4783  CG1 ILE A 201     -48.406 127.304  -9.225  1.00 59.92      GZ00 C
ATOM   4784  CG2 ILE A 201     -47.757 125.257  -7.920  1.00 51.50      GZ00 C
ATOM   4785  CD1 ILE A 201     -49.568 127.719  -8.359  1.00 59.25      GZ00 C
ATOM   4786  N   CYS A 202     -45.846 123.434  -9.979  1.00 49.43      GZ00 N
ATOM   4787  CA  CYS A 202     -45.655 122.005  -9.794  1.00 52.57      GZ00 C
ATOM   4788  C   CYS A 202     -45.814 121.642  -8.324  1.00 50.37      GZ00 C
ATOM   4789  O   CYS A 202     -45.364 122.364  -7.433  1.00 52.12      GZ00 O
ATOM   4790  CB  CYS A 202     -44.301 121.549 -10.331  1.00 62.40      GZ00 C
ATOM   4791  SG  CYS A 202     -42.952 121.799  -9.238  1.00 64.20      GZ00 S
ATOM   4792  N   ASN A 203     -46.465 120.516  -8.082  1.00 47.36      GZ00 N
ATOM   4793  CA  ASN A 203     -46.831 120.068  -6.747  1.00 46.99      GZ00 C
ATOM   4794  C   ASN A 203     -46.058 118.791  -6.497  1.00 48.88      GZ00 C
ATOM   4795  O   ASN A 203     -46.287 117.778  -7.163  1.00 57.36      GZ00 O
ATOM   4796  CB  ASN A 203     -48.342 119.850  -6.635  1.00 48.02      GZ00 C
ATOM   4797  CG  ASN A 203     -49.137 120.936  -7.344  1.00 55.33      GZ00 C
ATOM   4798  OD1 ASN A 203     -49.750 120.696  -8.385  1.00 60.59      GZ00 O
ATOM   4799  ND2 ASN A 203     -49.148 122.139  -6.765  1.00 49.46      GZ00 N
ATOM   4800  N   VAL A 204     -45.120 118.858  -5.568  1.00 44.47      GZ00 N
ATOM   4801  CA  VAL A 204     -44.215 117.764  -5.274  1.00 47.87      GZ00 C
ATOM   4802  C   VAL A 204     -44.619 117.151  -3.949  1.00 46.74      GZ00 C
ATOM   4803  O   VAL A 204     -44.770 117.864  -2.952  1.00 50.77      GZ00 O
ATOM   4804  CB  VAL A 204     -42.755 118.248  -5.231  1.00 44.63      GZ00 C
ATOM   4805  CG1 VAL A 204     -41.843 117.090  -4.887  1.00 38.03      GZ00 C
ATOM   4806  CG2 VAL A 204     -42.380 118.903  -6.567  1.00 40.53      GZ00 C
ATOM   4807  N   ASN A 205     -44.767 115.832  -3.928  1.00 48.79      GZ00 N
ATOM   4808  CA  ASN A 205     -45.133 115.123  -2.714  1.00 47.93      GZ00 C
ATOM   4809  C   ASN A 205     -44.153 113.974  -2.534  1.00 49.20      GZ00 C
ATOM   4810  O   ASN A 205     -43.964 113.166  -3.445  1.00 60.40      GZ00 O
ATOM   4811  CB  ASN A 205     -46.588 114.648  -2.781  1.00 53.37      GZ00 C
ATOM   4812  CG  ASN A 205     -47.095 114.117  -1.449  1.00 66.37      GZ00 C
ATOM   4813  OD1 ASN A 205     -46.479 114.336  -0.404  1.00 69.20      GZ00 O
ATOM   4814  ND2 ASN A 205     -48.254 113.468  -1.473  1.00 77.20      GZ00 N
ATOM   4815  N   HIS A 206     -43.476 113.954  -1.396  1.00 45.52      GZ00 N
ATOM   4816  CA  HIS A 206     -42.524 112.919  -1.028  1.00 43.97      GZ00 C
ATOM   4817  C   HIS A 206     -42.971 112.323   0.309  1.00 53.01      GZ00 C
ATOM   4818  O   HIS A 206     -42.520 112.750   1.378  1.00 53.77      GZ00 O
ATOM   4819  CB  HIS A 206     -41.137 113.478  -0.951  1.00 40.28      GZ00 C
ATOM   4820  CG  HIS A 206     -40.104 112.463  -0.585  1.00 48.58      GZ00 C
ATOM   4821  ND1 HIS A 206     -39.422 112.498   0.611  1.00 53.96      GZ00 N
ATOM   4822  CD2 HIS A 206     -39.646 111.374  -1.247  1.00 48.75      GZ00 C
ATOM   4823  CE1 HIS A 206     -38.579 111.482   0.667  1.00 51.43      GZ00 C
ATOM   4824  NE2 HIS A 206     -38.689 110.790  -0.453  1.00 52.90      GZ00 N
```

```
ATOM   4825  N   LYS A 207     -43.829 111.306   0.233  1.00 54.92      GZ00 N
ATOM   4826  CA  LYS A 207     -44.424 110.729   1.434  1.00 48.15      GZ00 C
ATOM   4827  C   LYS A 207     -43.418 110.140   2.423  1.00 52.26      GZ00 C
ATOM   4828  O   LYS A 207     -43.648 110.282   3.635  1.00 59.42      GZ00 O
ATOM   4829  CB  LYS A 207     -45.481 109.710   1.007  1.00 49.63      GZ00 C
ATOM   4830  CG  LYS A 207     -46.665 110.413   0.313  1.00 60.89      GZ00 C
ATOM   4831  CD  LYS A 207     -47.752 109.458  -0.167  1.00 75.35      GZ00 C
ATOM   4832  CE  LYS A 207     -48.892 110.226  -0.848  1.00 81.98      GZ00 C
ATOM   4833  NZ  LYS A 207     -49.961 109.352  -1.445  1.00 90.80      GZ00 N1+
ATOM   4834  N   PRO A 208     -42.313 109.506   2.016  1.00 53.20      GZ00 N
ATOM   4835  CA  PRO A 208     -41.376 108.969   3.026  1.00 54.32      GZ00 C
ATOM   4836  C   PRO A 208     -40.864 109.993   4.034  1.00 57.05      GZ00 C
ATOM   4837  O   PRO A 208     -40.579 109.623   5.178  1.00 57.60      GZ00 O
ATOM   4838  CB  PRO A 208     -40.231 108.409   2.174  1.00 48.60      GZ00 C
ATOM   4839  CG  PRO A 208     -40.871 108.022   0.913  1.00 50.40      GZ00 C
ATOM   4840  CD  PRO A 208     -41.948 109.055   0.660  1.00 50.23      GZ00 C
ATOM   4841  N   SER A 209     -40.691 111.254   3.636  1.00 61.65      GZ00 N
ATOM   4842  CA  SER A 209     -40.273 112.325   4.535  1.00 62.97      GZ00 C
ATOM   4843  C   SER A 209     -41.416 113.260   4.930  1.00 61.87      GZ00 C
ATOM   4844  O   SER A 209     -41.174 114.251   5.630  1.00 60.78      GZ00 O
ATOM   4845  CB  SER A 209     -39.165 113.147   3.879  1.00 59.23      GZ00 C
ATOM   4846  OG  SER A 209     -39.685 113.856   2.755  1.00 55.04      GZ00 O
ATOM   4847  N   ASN A 210     -42.646 112.940   4.539  1.00 55.47      GZ00 N
ATOM   4848  CA  ASN A 210     -43.808 113.822   4.651  1.00 56.64      GZ00 C
ATOM   4849  C   ASN A 210     -43.460 115.261   4.290  1.00 56.98      GZ00 C
ATOM   4850  O   ASN A 210     -43.558 116.181   5.100  1.00 62.92      GZ00 O
ATOM   4851  CB  ASN A 210     -44.398 113.761   6.053  1.00 60.66      GZ00 C
ATOM   4852  CG  ASN A 210     -44.555 112.358   6.550  1.00 60.50      GZ00 C
ATOM   4853  OD1 ASN A 210     -45.556 111.702   6.273  1.00 64.24      GZ00 O
ATOM   4854  ND2 ASN A 210     -43.562 111.880   7.288  1.00 60.19      GZ00 N
ATOM   4855  N   THR A 211     -43.011 115.442   3.057  1.00 54.32      GZ00 N
ATOM   4856  CA  THR A 211     -42.767 116.765   2.504  1.00 47.32      GZ00 C
ATOM   4857  C   THR A 211     -43.723 117.022   1.349  1.00 47.89      GZ00 C
ATOM   4858  O   THR A 211     -43.910 116.159   0.489  1.00 54.45      GZ00 O
ATOM   4859  CB  THR A 211     -41.317 116.913   2.046  1.00 49.88      GZ00 C
ATOM   4860  OG1 THR A 211     -40.444 116.645   3.148  1.00 51.07      GZ00 O
ATOM   4861  CG2 THR A 211     -41.061 118.318   1.560  1.00 42.66      GZ00 C
ATOM   4862  N   LYS A 212     -44.338 118.194   1.339  1.00 50.89      GZ00 N
ATOM   4863  CA  LYS A 212     -45.112 118.659   0.198  1.00 47.65      GZ00 C
ATOM   4864  C   LYS A 212     -44.570 120.029  -0.168  1.00 47.72      GZ00 C
ATOM   4865  O   LYS A 212     -44.386 120.878   0.712  1.00 52.21      GZ00 O
ATOM   4866  CB  LYS A 212     -46.611 118.715   0.514  1.00 52.77      GZ00 C
ATOM   4867  CG  LYS A 212     -47.140 117.383   1.052  1.00 63.53      GZ00 C
ATOM   4868  CD  LYS A 212     -48.662 117.295   1.167  1.00 63.25      GZ00 C
ATOM   4869  CE  LYS A 212     -49.049 116.010   1.920  1.00 71.43      GZ00 C
ATOM   4870  NZ  LYS A 212     -50.290 115.345   1.415  1.00 66.03      GZ00 N1+
ATOM   4871  N   VAL A 213     -44.223 120.212  -1.437  1.00 41.63      GZ00 N
ATOM   4872  CA  VAL A 213     -43.729 121.485  -1.935  1.00 44.71      GZ00 C
ATOM   4873  C   VAL A 213     -44.585 121.894  -3.121  1.00 48.49      GZ00 C
ATOM   4874  O   VAL A 213     -44.882 121.063  -3.983  1.00 53.14      GZ00 O
ATOM   4875  CB  VAL A 213     -42.246 121.419  -2.347  1.00 43.73      GZ00 C
ATOM   4876  CG1 VAL A 213     -41.816 122.764  -2.924  1.00 39.48      GZ00 C
ATOM   4877  CG2 VAL A 213     -41.362 121.029  -1.165  1.00 37.84      GZ00 C
ATOM   4878  N   ASP A 214     -45.015 123.156  -3.139  1.00 47.97      GZ00 N
ATOM   4879  CA  ASP A 214     -45.585 123.795  -4.317  1.00 44.59      GZ00 C
ATOM   4880  C   ASP A 214     -44.598 124.838  -4.810  1.00 46.54      GZ00 C
ATOM   4881  O   ASP A 214     -44.025 125.579  -4.009  1.00 54.01      GZ00 O
ATOM   4882  CB  ASP A 214     -46.929 124.477  -4.017  1.00 51.53      GZ00 C
ATOM   4883  CG  ASP A 214     -47.982 123.512  -3.513  1.00 63.26      GZ00 C
ATOM   4884  OD2 ASP A 214     -48.796 123.914  -2.654  1.00 87.44      GZ00 O1-
ATOM   4885  OD1 ASP A 214     -48.012 122.352  -3.969  1.00 69.85      GZ00 O
ATOM   4886  N   LYS A 215     -44.377 124.888  -6.119  1.00 44.93      GZ00 N
ATOM   4887  CA  LYS A 215     -43.442 125.855  -6.679  1.00 46.63      GZ00 C
ATOM   4888  C   LYS A 215     -43.978 126.399  -7.988  1.00 52.58      GZ00 C
ATOM   4889  O   LYS A 215     -44.348 125.626  -8.878  1.00 52.15      GZ00 O
ATOM   4890  CB  LYS A 215     -42.051 125.248  -6.899  1.00 47.58      GZ00 C
ATOM   4891  CG  LYS A 215     -40.969 125.964  -6.129  1.00 50.19      GZ00 C
ATOM   4892  CD  LYS A 215     -40.152 126.858  -7.027  1.00 48.08      GZ00 C
ATOM   4893  CE  LYS A 215     -39.413 127.923  -6.211  1.00 55.88      GZ00 C
ATOM   4894  NZ  LYS A 215     -38.638 127.415  -5.023  1.00 63.59      GZ00 N1+
ATOM   4895  N   LYS A 216     -44.024 127.727  -8.093  1.00 50.59      GZ00 N
```

```
ATOM   4896  CA  LYS A 216     -44.437 128.396  -9.312  1.00 51.04      GZ00 C
ATOM   4897  C   LYS A 216     -43.241 128.550 -10.244  1.00 53.52      GZ00 C
ATOM   4898  O   LYS A 216     -42.135 128.880  -9.807  1.00 49.36      GZ00 O
ATOM   4899  CB  LYS A 216     -45.052 129.760  -8.996  1.00 56.62      GZ00 C
ATOM   4900  CG  LYS A 216     -45.566 130.514 -10.215  1.00 61.12      GZ00 C
ATOM   4901  CD  LYS A 216     -46.136 131.864  -9.823  1.00 67.36      GZ00 C
ATOM   4902  CE  LYS A 216     -46.919 132.483 -10.962  1.00 66.87      GZ00 C
ATOM   4903  NZ  LYS A 216     -47.732 133.632 -10.483  1.00 75.15      GZ00 N1+
ATOM   4904  N   VAL A 217     -43.462 128.277 -11.526  1.00 51.79      GZ00 N
ATOM   4905  CA  VAL A 217     -42.414 128.342 -12.536  1.00 53.46      GZ00 C
ATOM   4906  C   VAL A 217     -42.741 129.494 -13.465  1.00 54.54      GZ00 C
ATOM   4907  O   VAL A 217     -43.747 129.455 -14.179  1.00 59.89      GZ00 O
ATOM   4908  CB  VAL A 217     -42.292 127.021 -13.308  1.00 55.15      GZ00 C
ATOM   4909  CG1 VAL A 217     -41.110 127.076 -14.255  1.00 49.43      GZ00 C
ATOM   4910  CG2 VAL A 217     -42.184 125.845 -12.330  1.00 40.65      GZ00 C
ATOM   4911  N   GLU A 218     -41.905 130.525 -13.455  1.00 58.16      GZ00 N
ATOM   4912  CA  GLU A 218     -42.169 131.714 -14.244  1.00 61.44      GZ00 C
ATOM   4913  C   GLU A 218     -41.064 131.965 -15.263  1.00 73.28      GZ00 C
ATOM   4914  O   GLU A 218     -39.904 131.589 -15.043  1.00 69.38      GZ00 O
ATOM   4915  CB  GLU A 218     -42.312 132.955 -13.350  1.00 65.18      GZ00 C
ATOM   4916  CG  GLU A 218     -43.436 132.867 -12.323  1.00 71.84      GZ00 C
ATOM   4917  CD  GLU A 218     -43.518 134.104 -11.427  1.00 80.98      GZ00 C
ATOM   4918  OE1 GLU A 218     -42.537 134.884 -11.391  1.00 69.24      GZ00 O
ATOM   4919  OE2 GLU A 218     -44.568 134.295 -10.769  1.00 78.83      GZ00 O1-
ATOM   4920  N   PRO A 219     -41.401 132.592 -16.400  1.00 72.81      GZ00 N
ATOM   4921  CA  PRO A 219     -40.374 133.004 -17.371  1.00 73.28      GZ00 C
ATOM   4922  C   PRO A 219     -39.387 134.017 -16.815  1.00 77.52      GZ00 C
ATOM   4923  O   PRO A 219     -39.500 134.420 -15.653  1.00 81.78      GZ00 O
ATOM   4924  CB  PRO A 219     -41.194 133.614 -18.517  1.00 73.25      GZ00 C
ATOM   4925  CG  PRO A 219     -42.619 133.679 -18.024  1.00 67.58      GZ00 C
ATOM   4926  CD  PRO A 219     -42.759 132.663 -16.958  1.00 67.19      GZ00 C
ATOM   4927  N   LYS A 220     -38.405 134.405 -17.627  1.00 81.29      GZ00 N
ATOM   4928  CA  LYS A 220     -37.376 135.375 -17.234  1.00 82.90      GZ00 C
ATOM   4929  C   LYS A 220     -36.507 134.815 -16.117  1.00 88.96      GZ00 C
ATOM   4930  O   LYS A 220     -36.186 133.626 -16.112  1.00 89.60      GZ00 O
ATOM   4931  CB  LYS A 220     -38.003 136.710 -16.809  1.00 83.44      GZ00 C
ATOM   4932  CG  LYS A 220     -37.004 137.772 -16.372  1.00 79.50      GZ00 C
ATOM   4933  CD  LYS A 220     -36.117 138.217 -17.516  1.00 78.87      GZ00 C
ATOM   4934  CE  LYS A 220     -35.095 139.231 -17.031  1.00 76.44      GZ00 C
ATOM   4935  NZ  LYS A 220     -34.316 139.811 -18.154  1.00 72.11      GZ00 N1+
TER
ATOM   4936  N   GLN X   1     -13.182  99.213 -18.301  1.00 76.62           N
ATOM   4937  CA  GLN X   1     -13.330  98.583 -19.611  1.00 76.63           C
ATOM   4938  C   GLN X   1     -13.561  97.073 -19.505  1.00 74.72           C
ATOM   4939  O   GLN X   1     -12.891  96.390 -18.727  1.00 80.15           O
ATOM   4940  CB  GLN X   1     -12.095  98.863 -20.464  1.00 81.35           C
ATOM   4941  CG  GLN X   1     -11.908 100.324 -20.759  1.00 87.31           C
ATOM   4942  CD  GLN X   1     -13.144 100.930 -21.400  1.00101.98           C
ATOM   4943  OE1 GLN X   1     -13.815 101.779 -20.806  1.00102.82           O
ATOM   4944  NE2 GLN X   1     -13.454 100.491 -22.619  1.00 97.35           N
ATOM   4945  N   SER X   2     -14.506  96.551 -20.287  1.00 67.44           N
ATOM   4946  CA  SER X   2     -14.749  95.113 -20.298  1.00 60.09           C
ATOM   4947  C   SER X   2     -13.572  94.377 -20.927  1.00 57.36           C
ATOM   4948  O   SER X   2     -12.944  94.860 -21.875  1.00 53.67           O
ATOM   4949  CB  SER X   2     -16.026  94.785 -21.086  1.00 46.51           C
ATOM   4950  OG  SER X   2     -17.130  94.586 -20.224  1.00 58.04           O
ATOM   4951  N   VAL X   3     -13.284  93.183 -20.403  1.00 47.89           N
ATOM   4952  CA  VAL X   3     -12.146  92.428 -20.923  1.00 46.54           C
ATOM   4953  C   VAL X   3     -12.475  91.869 -22.301  1.00 47.23           C
ATOM   4954  O   VAL X   3     -11.622  91.855 -23.201  1.00 45.87           O
ATOM   4955  CB  VAL X   3     -11.731  91.309 -19.951  1.00 44.31           C
ATOM   4956  CG1 VAL X   3     -10.685  90.401 -20.593  1.00 34.16           C
ATOM   4957  CG2 VAL X   3     -11.202  91.895 -18.640  1.00 39.33           C
ATOM   4958  N   LEU X   4     -13.716  91.408 -22.490  1.00 42.72           N
ATOM   4959  CA  LEU X   4     -14.234  91.004 -23.790  1.00 40.50           C
ATOM   4960  C   LEU X   4     -15.023  92.164 -24.377  1.00 38.73           C
ATOM   4961  O   LEU X   4     -15.756  92.844 -23.656  1.00 38.68           O
ATOM   4962  CB  LEU X   4     -15.120  89.761 -23.666  1.00 32.58           C
ATOM   4963  CG  LEU X   4     -14.559  88.652 -22.763  1.00 35.07           C
ATOM   4964  CD1 LEU X   4     -15.572  87.502 -22.591  1.00 33.11           C
ATOM   4965  CD2 LEU X   4     -13.193  88.130 -23.260  1.00 26.20           C
```

```
ATOM   4966  N   THR X   5     -14.874  92.394 -25.683  1.00 30.86           N
ATOM   4967  CA  THR X   5     -15.506  93.541 -26.318  1.00 31.01           C
ATOM   4968  C   THR X   5     -16.635  93.087 -27.228  1.00 32.92           C
ATOM   4969  O   THR X   5     -16.412  92.301 -28.156  1.00 34.89           O
ATOM   4970  CB  THR X   5     -14.488  94.361 -27.114  1.00 35.46           C
ATOM   4971  OG1 THR X   5     -13.373  94.678 -26.280  1.00 37.79           O
ATOM   4972  CG2 THR X   5     -15.130  95.668 -27.583  1.00 23.38           C
ATOM   4973  N   GLN X   6     -17.836  93.608 -26.972  1.00 31.00           N
ATOM   4974  CA  GLN X   6     -19.060  93.406 -27.730  1.00 33.70           C
ATOM   4975  C   GLN X   6     -19.549  94.756 -28.224  1.00 33.00           C
ATOM   4976  O   GLN X   6     -19.399  95.759 -27.519  1.00 30.42           O
ATOM   4977  CB  GLN X   6     -20.188  92.765 -26.892  1.00 30.43           C
ATOM   4978  CG  GLN X   6     -19.910  91.392 -26.335  1.00 28.80           C
ATOM   4979  CD  GLN X   6     -21.049  90.852 -25.456  1.00 32.96           C
ATOM   4980  OE1 GLN X   6     -20.823  90.407 -24.329  1.00 32.89           O
ATOM   4981  NE2 GLN X   6     -22.266  90.879 -25.978  1.00 26.46           N
ATOM   4982  N   PRO X   7     -20.179  94.813 -29.392  1.00 28.38           N
ATOM   4983  CA  PRO X   7     -20.880  96.043 -29.796  1.00 33.26           C
ATOM   4984  C   PRO X   7     -21.977  96.356 -28.791  1.00 38.21           C
ATOM   4985  O   PRO X   7     -22.613  95.435 -28.252  1.00 35.17           O
ATOM   4986  CB  PRO X   7     -21.461  95.693 -31.181  1.00 33.21           C
ATOM   4987  CG  PRO X   7     -21.607  94.178 -31.146  1.00 34.98           C
ATOM   4988  CD  PRO X   7     -20.480  93.673 -30.276  1.00 33.91           C
ATOM   4989  N   PRO X   8     -22.189  97.632 -28.468  1.00 34.91           N
ATOM   4990  CA  PRO X   8     -23.156  97.962 -27.407  1.00 29.83           C
ATOM   4991  C   PRO X   8     -24.604  97.731 -27.792  1.00 37.56           C
ATOM   4992  O   PRO X   8     -25.412  97.420 -26.908  1.00 36.02           O
ATOM   4993  CB  PRO X   8     -22.879  99.443 -27.119  1.00 28.75           C
ATOM   4994  CG  PRO X   8     -22.237  99.952 -28.379  1.00 41.44           C
ATOM   4995  CD  PRO X   8     -21.416  98.803 -28.911  1.00 31.17           C
ATOM   4996  N   SER X   9     -24.980  97.891 -29.057  1.00 30.64           N
ATOM   4997  CA  SER X   9     -26.373  97.657 -29.406  1.00 33.12           C
ATOM   4998  C   SER X   9     -26.487  97.243 -30.864  1.00 36.96           C
ATOM   4999  O   SER X   9     -25.582  97.451 -31.685  1.00 34.35           O
ATOM   5000  CB  SER X   9     -27.257  98.873 -29.146  1.00 35.68           C
ATOM   5001  OG  SER X   9     -26.883  99.958 -29.965  1.00 42.47           O
ATOM   5002  N   VAL X  10     -27.628  96.644 -31.164  1.00 33.72           N
ATOM   5003  CA  VAL X  10     -27.851  95.977 -32.431  1.00 34.33           C
ATOM   5004  C   VAL X  10     -29.358  95.932 -32.642  1.00 34.97           C
ATOM   5005  O   VAL X  10     -30.118  95.725 -31.688  1.00 36.04           O
ATOM   5006  CB  VAL X  10     -27.170  94.585 -32.397  1.00 36.02           C
ATOM   5007  CG1 VAL X  10     -28.071  93.486 -32.875  1.00 38.30           C
ATOM   5008  CG2 VAL X  10     -25.823  94.625 -33.148  1.00 34.46           C
ATOM   5009  N   SER X  11     -29.801  96.196 -33.872  1.00 35.57           N
ATOM   5010  CA  SER X  11     -31.238  96.220 -34.114  1.00 38.43           C
ATOM   5011  C   SER X  11     -31.565  95.782 -35.531  1.00 38.48           C
ATOM   5012  O   SER X  11     -30.839  96.101 -36.473  1.00 39.31           O
ATOM   5013  CB  SER X  11     -31.841  97.609 -33.833  1.00 38.56           C
ATOM   5014  OG  SER X  11     -31.368  98.589 -34.727  1.00 43.26           O
ATOM   5015  N   ALA X  12     -32.670  95.054 -35.669  1.00 37.39           N
ATOM   5016  CA  ALA X  12     -33.132  94.581 -36.965  1.00 35.97           C
ATOM   5017  C   ALA X  12     -34.610  94.221 -36.869  1.00 39.63           C
ATOM   5018  O   ALA X  12     -35.144  93.969 -35.782  1.00 37.40           O
ATOM   5019  CB  ALA X  12     -32.317  93.374 -37.454  1.00 32.40           C
ATOM   5020  N   ALA X  13     -35.245  94.137 -38.035  1.00 39.79           N
ATOM   5021  CA  ALA X  13     -36.664  93.835 -38.153  1.00 40.54           C
ATOM   5022  C   ALA X  13     -36.949  92.341 -37.964  1.00 39.36           C
ATOM   5023  O   ALA X  13     -36.060  91.493 -38.120  1.00 38.64           O
ATOM   5024  CB  ALA X  13     -37.170  94.286 -39.518  1.00 26.30           C
ATOM   5025  N   PRO X  14     -38.182  91.992 -37.606  1.00 39.35           N
ATOM   5026  CA  PRO X  14     -38.543  90.572 -37.547  1.00 40.01           C
ATOM   5027  C   PRO X  14     -38.206  89.887 -38.865  1.00 43.81           C
ATOM   5028  O   PRO X  14     -38.330  90.469 -39.949  1.00 40.74           O
ATOM   5029  CB  PRO X  14     -40.050  90.596 -37.287  1.00 28.16           C
ATOM   5030  CG  PRO X  14     -40.292  91.919 -36.614  1.00 38.63           C
ATOM   5031  CD  PRO X  14     -39.300  92.873 -37.204  1.00 38.01           C
ATOM   5032  N   GLY X  15     -37.742  88.649 -38.754  1.00 42.53           N
ATOM   5033  CA  GLY X  15     -37.352  87.856 -39.886  1.00 39.20           C
ATOM   5034  C   GLY X  15     -35.927  88.040 -40.349  1.00 44.97           C
ATOM   5035  O   GLY X  15     -35.426  87.186 -41.077  1.00 48.28           O
ATOM   5036  N   GLN X  16     -35.257  89.115 -39.944  1.00 41.58           N
```

```
ATOM   5037  CA  GLN X  16     -33.915  89.385 -40.433  1.00 43.47           C
ATOM   5038  C   GLN X  16     -32.862  88.623 -39.621  1.00 47.57           C
ATOM   5039  O   GLN X  16     -33.167  87.903 -38.664  1.00 46.60           O
ATOM   5040  CB  GLN X  16     -33.635  90.888 -40.417  1.00 52.99           C
ATOM   5041  CG  GLN X  16     -34.303  91.702 -41.539  1.00 46.17           C
ATOM   5042  CD  GLN X  16     -33.566  93.024 -41.807  1.00 74.76           C
ATOM   5043  OE1 GLN X  16     -33.715  94.021 -41.064  1.00 62.51           O
ATOM   5044  NE2 GLN X  16     -32.758  93.034 -42.866  1.00 79.00           N
ATOM   5045  N   LYS X  17     -31.607  88.762 -40.053  1.00 53.20           N
ATOM   5046  CA  LYS X  17     -30.415  88.195 -39.436  1.00 49.52           C
ATOM   5047  C   LYS X  17     -29.695  89.254 -38.627  1.00 51.74           C
ATOM   5048  O   LYS X  17     -29.796  90.454 -38.883  1.00 62.58           O
ATOM   5049  CB  LYS X  17     -29.417  87.662 -40.469  1.00 49.86           C
ATOM   5050  CG  LYS X  17     -29.783  86.391 -41.150  1.00 61.26           C
ATOM   5051  CD  LYS X  17     -28.839  86.137 -42.317  1.00 75.06           C
ATOM   5052  CE  LYS X  17     -29.295  84.939 -43.148  1.00 82.27           C
ATOM   5053  NZ  LYS X  17     -28.391  84.723 -44.304  1.00 82.49           N
ATOM   5054  N   VAL X  18     -28.913  88.785 -37.670  1.00 51.92           N
ATOM   5055  CA  VAL X  18     -28.083  89.670 -36.876  1.00 47.06           C
ATOM   5056  C   VAL X  18     -26.882  88.857 -36.416  1.00 42.24           C
ATOM   5057  O   VAL X  18     -26.969  87.645 -36.210  1.00 39.00           O
ATOM   5058  CB  VAL X  18     -28.932  90.288 -35.735  1.00 50.43           C
ATOM   5059  CG1 VAL X  18     -28.437  89.925 -34.363  1.00 44.21           C
ATOM   5060  CG2 VAL X  18     -29.054  91.783 -35.919  1.00 48.19           C
ATOM   5061  N   THR X  19     -25.745  89.520 -36.323  1.00 40.09           N
ATOM   5062  CA  THR X  19     -24.519  88.924 -35.825  1.00 43.49           C
ATOM   5063  C   THR X  19     -24.005  89.770 -34.672  1.00 39.57           C
ATOM   5064  O   THR X  19     -24.036  91.000 -34.737  1.00 39.43           O
ATOM   5065  CB  THR X  19     -23.484  88.816 -36.961  1.00 40.40           C
ATOM   5066  OG1 THR X  19     -23.352  87.443 -37.322  1.00 51.45           O
ATOM   5067  CG2 THR X  19     -22.132  89.395 -36.582  1.00 45.74           C
ATOM   5068  N   ILE X  20     -23.557  89.116 -33.607  1.00 36.67           N
ATOM   5069  CA  ILE X  20     -23.009  89.805 -32.449  1.00 34.08           C
ATOM   5070  C   ILE X  20     -21.638  89.219 -32.166  1.00 35.80           C
ATOM   5071  O   ILE X  20     -21.517  88.008 -31.946  1.00 34.42           O
ATOM   5072  CB  ILE X  20     -23.917  89.679 -31.210  1.00 36.76           C
ATOM   5073  CG1 ILE X  20     -25.269  90.345 -31.467  1.00 35.10           C
ATOM   5074  CG2 ILE X  20     -23.257  90.324 -29.996  1.00 27.82           C
ATOM   5075  CD1 ILE X  20     -26.276  90.127 -30.364  1.00 28.66           C
ATOM   5076  N   SER X  21     -20.614  90.068 -32.153  1.00 38.15           N
ATOM   5077  CA  SER X  21     -19.237  89.614 -31.980  1.00 37.42           C
ATOM   5078  C   SER X  21     -18.762  89.818 -30.547  1.00 38.58           C
ATOM   5079  O   SER X  21     -19.344  90.570 -29.762  1.00 39.24           O
ATOM   5080  CB  SER X  21     -18.290  90.351 -32.932  1.00 30.39           C
ATOM   5081  OG  SER X  21     -18.312  91.741 -32.656  1.00 45.43           O
ATOM   5082  N   CYS X  22     -17.662  89.152 -30.226  1.00 31.32           N
ATOM   5083  CA  CYS X  22     -17.099  89.156 -28.883  1.00 33.00           C
ATOM   5084  C   CYS X  22     -15.601  88.936 -29.035  1.00 36.67           C
ATOM   5085  O   CYS X  22     -15.179  87.824 -29.367  1.00 33.05           O
ATOM   5086  CB  CYS X  22     -17.737  88.067 -28.029  1.00 33.80           C
ATOM   5087  SG  CYS X  22     -16.950  87.740 -26.422  1.00 49.12           S
ATOM   5088  N   SER X  23     -14.806  89.986 -28.830  1.00 35.27           N
ATOM   5089  CA  SER X  23     -13.362  89.917 -29.015  1.00 36.02           C
ATOM   5090  C   SER X  23     -12.635  89.893 -27.682  1.00 35.20           C
ATOM   5091  O   SER X  23     -12.961  90.659 -26.765  1.00 32.83           O
ATOM   5092  CB  SER X  23     -12.847  91.105 -29.824  1.00 34.28           C
ATOM   5093  OG  SER X  23     -13.487  91.109 -31.082  1.00 60.42           O
ATOM   5094  N   GLY X  24     -11.631  89.027 -27.600  1.00 29.76           N
ATOM   5095  CA  GLY X  24     -10.801  88.942 -26.426  1.00 32.74           C
ATOM   5096  C   GLY X  24      -9.364  88.732 -26.822  1.00 36.96           C
ATOM   5097  O   GLY X  24      -8.898  89.366 -27.766  1.00 35.74           O
ATOM   5098  N   SER X  25      -8.666  87.829 -26.132  1.00 34.51           N
ATOM   5099  CA  SER X  25      -7.238  87.632 -26.326  1.00 35.15           C
ATOM   5100  C   SER X  25      -6.925  86.161 -26.114  1.00 38.46           C
ATOM   5101  O   SER X  25      -7.793  85.366 -25.733  1.00 35.89           O
ATOM   5102  CB  SER X  25      -6.411  88.485 -25.366  1.00 31.48           C
ATOM   5103  OG  SER X  25      -6.531  87.980 -24.047  1.00 41.73           O
ATOM   5104  N   SER X  26      -5.656  85.811 -26.338  1.00 32.62           N
ATOM   5105  CA  SER X  26      -5.255  84.410 -26.269  1.00 40.22           C
ATOM   5106  C   SER X  26      -5.478  83.825 -24.886  1.00 39.50           C
ATOM   5107  O   SER X  26      -5.701  82.616 -24.755  1.00 43.16           O
```

```
ATOM   5108  CB  SER X  26      -3.779  84.236 -26.645  1.00 33.65           C
ATOM   5109  OG  SER X  26      -2.978  85.154 -25.933  1.00 50.17           O
ATOM   5110  N   SER X  27      -5.442  84.650 -23.847  1.00 37.12           N
ATOM   5111  CA  SER X  27      -5.564  84.097 -22.504  1.00 35.96           C
ATOM   5112  C   SER X  27      -7.010  83.927 -22.062  1.00 36.99           C
ATOM   5113  O   SER X  27      -7.236  83.380 -20.976  1.00 37.69           O
ATOM   5114  CB  SER X  27      -4.848  84.982 -21.480  1.00 32.77           C
ATOM   5115  OG  SER X  27      -5.484  86.238 -21.459  1.00 46.10           O
ATOM   5116  N   ASN X  28      -7.992  84.407 -22.840  1.00 35.46           N
ATOM   5117  CA  ASN X  28      -9.372  84.080 -22.495  1.00 33.17           C
ATOM   5118  C   ASN X  28     -10.056  83.327 -23.636  1.00 34.99           C
ATOM   5119  O   ASN X  28     -10.028  82.089 -23.659  1.00 30.44           O
ATOM   5120  CB  ASN X  28     -10.161  85.324 -22.072  1.00 29.46           C
ATOM   5121  CG  ASN X  28      -9.945  86.529 -22.981  1.00 33.39           C
ATOM   5122  OD1 ASN X  28     -10.325  86.527 -24.163  1.00 33.37           O
ATOM   5123  ND2 ASN X  28      -9.394  87.594 -22.408  1.00 28.13           N
ATOM   5124  N   ILE X  29     -10.677  84.041 -24.577  1.00 26.63           N
ATOM   5125  CA  ILE X  29     -11.370  83.349 -25.660  1.00 33.95           C
ATOM   5126  C   ILE X  29     -10.423  82.422 -26.417  1.00 37.55           C
ATOM   5127  O   ILE X  29     -10.814  81.335 -26.857  1.00 33.77           O
ATOM   5128  CB  ILE X  29     -12.029  84.355 -26.611  1.00 31.78           C
ATOM   5129  CG1 ILE X  29     -13.165  85.074 -25.894  1.00 37.08           C
ATOM   5130  CG2 ILE X  29     -12.570  83.634 -27.846  1.00 27.80           C
ATOM   5131  CD1 ILE X  29     -13.921  85.975 -26.801  1.00 36.60           C
ATOM   5132  N   GLY X  30      -9.171  82.838 -26.596  1.00 38.13           N
ATOM   5133  CA  GLY X  30      -8.264  82.044 -27.399  1.00 32.55           C
ATOM   5134  C   GLY X  30      -7.961  80.683 -26.819  1.00 33.31           C
ATOM   5135  O   GLY X  30      -7.589  79.781 -27.559  1.00 43.57           O
ATOM   5136  N   ASN X  31      -8.136  80.495 -25.521  1.00 40.07           N
ATOM   5137  CA  ASN X  31      -7.797  79.191 -24.968  1.00 37.30           C
ATOM   5138  C   ASN X  31      -8.808  78.618 -23.980  1.00 36.23           C
ATOM   5139  O   ASN X  31      -8.500  77.622 -23.324  1.00 37.83           O
ATOM   5140  CB  ASN X  31      -6.405  79.245 -24.343  1.00 43.50           C
ATOM   5141  CG  ASN X  31      -5.314  79.117 -25.408  1.00 56.73           C
ATOM   5142  OD1 ASN X  31      -5.006  78.007 -25.858  1.00 58.50           O
ATOM   5143  ND2 ASN X  31      -4.764  80.253 -25.851  1.00 48.77           N
ATOM   5144  N   ASN X  32     -10.015  79.157 -23.886  1.00 33.81           N
ATOM   5145  CA  ASN X  32     -10.979  78.603 -22.954  1.00 35.74           C
ATOM   5146  C   ASN X  32     -12.338  78.460 -23.628  1.00 33.34           C
ATOM   5147  O   ASN X  32     -12.583  79.011 -24.700  1.00 34.66           O
ATOM   5148  CB  ASN X  32     -11.035  79.466 -21.699  1.00 32.31           C
ATOM   5149  CG  ASN X  32      -9.711  79.508 -20.983  1.00 33.00           C
ATOM   5150  OD1 ASN X  32      -9.339  78.559 -20.300  1.00 35.81           O
ATOM   5151  ND2 ASN X  32      -8.979  80.606 -21.141  1.00 40.72           N
ATOM   5152  N   TYR X  33     -13.220  77.691 -22.998  1.00 33.41           N
ATOM   5153  CA  TYR X  33     -14.543  77.451 -23.572  1.00 35.49           C
ATOM   5154  C   TYR X  33     -15.355  78.735 -23.542  1.00 30.39           C
ATOM   5155  O   TYR X  33     -15.333  79.455 -22.555  1.00 29.67           O
ATOM   5156  CB  TYR X  33     -15.281  76.348 -22.793  1.00 28.71           C
ATOM   5157  CG  TYR X  33     -14.627  74.978 -22.878  1.00 33.53           C
ATOM   5158  CD1 TYR X  33     -14.513  74.311 -24.098  1.00 27.38           C
ATOM   5159  CD2 TYR X  33     -14.115  74.356 -21.740  1.00 32.47           C
ATOM   5160  CE1 TYR X  33     -13.915  73.063 -24.178  1.00 30.49           C
ATOM   5161  CE2 TYR X  33     -13.514  73.101 -21.813  1.00 31.14           C
ATOM   5162  CZ  TYR X  33     -13.409  72.468 -23.043  1.00 31.76           C
ATOM   5163  OH  TYR X  33     -12.815  71.235 -23.121  1.00 31.17           O
ATOM   5164  N   VAL X  34     -16.106  79.006 -24.602  1.00 29.15           N
ATOM   5165  CA  VAL X  34     -16.887  80.240 -24.708  1.00 36.08           C
ATOM   5166  C   VAL X  34     -18.366  79.954 -24.434  1.00 32.87           C
ATOM   5167  O   VAL X  34     -18.934  79.011 -24.996  1.00 30.79           O
ATOM   5168  CB  VAL X  34     -16.704  80.865 -26.098  1.00 33.81           C
ATOM   5169  CG1 VAL X  34     -17.582  82.090 -26.255  1.00 27.19           C
ATOM   5170  CG2 VAL X  34     -15.243  81.172 -26.332  1.00 32.31           C
ATOM   5171  N   SER X  35     -19.008  80.798 -23.617  1.00 32.88           N
ATOM   5172  CA  SER X  35     -20.444  80.696 -23.349  1.00 30.32           C
ATOM   5173  C   SER X  35     -21.176  81.975 -23.759  1.00 32.72           C
ATOM   5174  O   SER X  35     -20.616  83.075 -23.709  1.00 28.89           O
ATOM   5175  CB  SER X  35     -20.725  80.419 -21.869  1.00 28.37           C
ATOM   5176  OG  SER X  35     -20.265  79.144 -21.480  1.00 28.41           O
ATOM   5177  N   TRP X  36     -22.446  81.832 -24.154  1.00 28.96           N
ATOM   5178  CA  TRP X  36     -23.308  82.972 -24.451  1.00 27.19           C
```

```
ATOM   5179  C   TRP X  36     -24.541  82.934 -23.566  1.00 32.55           C
ATOM   5180  O   TRP X  36     -25.151  81.873 -23.374  1.00 33.96           O
ATOM   5181  CB  TRP X  36     -23.738  83.010 -25.915  1.00 28.66           C
ATOM   5182  CG  TRP X  36     -22.661  83.470 -26.893  1.00 32.03           C
ATOM   5183  CD1 TRP X  36     -21.775  82.676 -27.576  1.00 30.86           C
ATOM   5184  CD2 TRP X  36     -22.382  84.821 -27.305  1.00 29.58           C
ATOM   5185  NE1 TRP X  36     -20.965  83.451 -28.377  1.00 29.86           N
ATOM   5186  CE2 TRP X  36     -21.320  84.767 -28.231  1.00 32.46           C
ATOM   5187  CE3 TRP X  36     -22.926  86.067 -26.979  1.00 30.71           C
ATOM   5188  CZ2 TRP X  36     -20.784  85.917 -28.827  1.00 34.25           C
ATOM   5189  CZ3 TRP X  36     -22.391  87.204 -27.571  1.00 32.12           C
ATOM   5190  CH2 TRP X  36     -21.329  87.120 -28.480  1.00 31.97           C
ATOM   5191  N   TYR X  37     -24.909  84.105 -23.040  1.00 34.18           N
ATOM   5192  CA  TYR X  37     -26.054  84.256 -22.152  1.00 28.55           C
ATOM   5193  C   TYR X  37     -27.044  85.232 -22.763  1.00 30.63           C
ATOM   5194  O   TYR X  37     -26.646  86.220 -23.399  1.00 30.08           O
ATOM   5195  CB  TYR X  37     -25.607  84.731 -20.760  1.00 24.98           C
ATOM   5196  CG  TYR X  37     -24.567  83.797 -20.195  1.00 29.34           C
ATOM   5197  CD1 TYR X  37     -24.941  82.601 -19.573  1.00 27.60           C
ATOM   5198  CD2 TYR X  37     -23.210  84.059 -20.346  1.00 27.93           C
ATOM   5199  CE1 TYR X  37     -23.978  81.699 -19.056  1.00 30.73           C
ATOM   5200  CE2 TYR X  37     -22.234  83.172 -19.828  1.00 31.38           C
ATOM   5201  CZ  TYR X  37     -22.629  81.990 -19.195  1.00 32.90           C
ATOM   5202  OH  TYR X  37     -21.685  81.119 -18.701  1.00 30.71           O
ATOM   5203  N   GLN X  38     -28.331  84.926 -22.592  1.00 29.50           N
ATOM   5204  CA  GLN X  38     -29.430  85.780 -23.026  1.00 30.90           C
ATOM   5205  C   GLN X  38     -30.211  86.252 -21.807  1.00 31.01           C
ATOM   5206  O   GLN X  38     -30.612  85.436 -20.970  1.00 29.04           O
ATOM   5207  CB  GLN X  38     -30.365  85.044 -23.979  1.00 27.81           C
ATOM   5208  CG  GLN X  38     -31.587  85.851 -24.407  1.00 27.64           C
ATOM   5209  CD  GLN X  38     -32.640  84.958 -25.007  1.00 34.54           C
ATOM   5210  OE1 GLN X  38     -33.141  84.043 -24.329  1.00 34.50           O
ATOM   5211  NE2 GLN X  38     -32.985  85.195 -26.279  1.00 26.87           N
ATOM   5212  N   GLN X  39     -30.416  87.566 -21.705  1.00 29.58           N
ATOM   5213  CA  GLN X  39     -31.199  88.157 -20.623  1.00 29.79           C
ATOM   5214  C   GLN X  39     -32.378  88.907 -21.252  1.00 36.36           C
ATOM   5215  O   GLN X  39     -32.234  90.040 -21.731  1.00 37.54           O
ATOM   5216  CB  GLN X  39     -30.341  89.067 -19.749  1.00 26.28           C
ATOM   5217  CG  GLN X  39     -31.077  89.513 -18.479  1.00 31.07           C
ATOM   5218  CD  GLN X  39     -30.207  90.302 -17.520  1.00 33.21           C
ATOM   5219  OE1 GLN X  39     -29.255  90.951 -17.926  1.00 33.77           O
ATOM   5220  NE2 GLN X  39     -30.542  90.260 -16.241  1.00 34.37           N
ATOM   5221  N   LEU X  40     -33.539  88.255 -21.271  1.00 32.04           N
ATOM   5222  CA  LEU X  40     -34.756  88.889 -21.729  1.00 34.90           C
ATOM   5223  C   LEU X  40     -35.132  90.007 -20.753  1.00 38.54           C
ATOM   5224  O   LEU X  40     -34.759  89.948 -19.575  1.00 31.68           O
ATOM   5225  CB  LEU X  40     -35.872  87.851 -21.832  1.00 33.07           C
ATOM   5226  CG  LEU X  40     -35.490  86.643 -22.697  1.00 39.00           C
ATOM   5227  CD1 LEU X  40     -36.411  85.450 -22.373  1.00 38.05           C
ATOM   5228  CD2 LEU X  40     -35.493  86.947 -24.228  1.00 26.12           C
ATOM   5229  N   PRO X  41     -35.826  91.047 -21.227  1.00 36.64           N
ATOM   5230  CA  PRO X  41     -36.146  92.208 -20.371  1.00 41.13           C
ATOM   5231  C   PRO X  41     -36.855  91.770 -19.096  1.00 38.67           C
ATOM   5232  O   PRO X  41     -37.737  90.913 -19.128  1.00 32.82           O
ATOM   5233  CB  PRO X  41     -37.079  93.058 -21.246  1.00 36.21           C
ATOM   5234  CG  PRO X  41     -36.885  92.555 -22.651  1.00 38.84           C
ATOM   5235  CD  PRO X  41     -36.528  91.097 -22.519  1.00 39.30           C
ATOM   5236  N   GLY X  42     -36.410  92.308 -17.961  1.00 37.25           N
ATOM   5237  CA  GLY X  42     -36.981  91.946 -16.678  1.00 39.06           C
ATOM   5238  C   GLY X  42     -36.772  90.514 -16.194  1.00 47.15           C
ATOM   5239  O   GLY X  42     -37.474  90.080 -15.269  1.00 47.29           O
ATOM   5240  N   THR X  43     -35.830  89.759 -16.760  1.00 42.87           N
ATOM   5241  CA  THR X  43     -35.594  88.390 -16.295  1.00 41.60           C
ATOM   5242  C   THR X  43     -34.125  88.218 -15.937  1.00 34.86           C
ATOM   5243  O   THR X  43     -33.283  89.070 -16.225  1.00 35.66           O
ATOM   5244  CB  THR X  43     -35.966  87.300 -17.340  1.00 38.72           C
ATOM   5245  OG1 THR X  43     -34.965  87.232 -18.372  1.00 37.04           O
ATOM   5246  CG2 THR X  43     -37.299  87.578 -18.007  1.00 39.86           C
ATOM   5247  N   ALA X  44     -33.838  87.056 -15.351  1.00 36.79           N
ATOM   5248  CA  ALA X  44     -32.495  86.614 -15.069  1.00 33.26           C
ATOM   5249  C   ALA X  44     -31.804  86.190 -16.368  1.00 34.93           C
```

```
ATOM   5250  O   ALA X  44     -32.466  85.879 -17.358  1.00 32.13           O
ATOM   5251  CB  ALA X  44     -32.537  85.449 -14.085  1.00 29.97           C
ATOM   5252  N   PRO X  45     -30.470  86.187 -16.399  1.00 31.73           N
ATOM   5253  CA  PRO X  45     -29.779  85.591 -17.540  1.00 29.03           C
ATOM   5254  C   PRO X  45     -30.152  84.124 -17.700  1.00 32.97           C
ATOM   5255  O   PRO X  45     -30.631  83.455 -16.779  1.00 27.00           O
ATOM   5256  CB  PRO X  45     -28.294  85.750 -17.187  1.00 29.30           C
ATOM   5257  CG  PRO X  45     -28.267  86.928 -16.262  1.00 32.14           C
ATOM   5258  CD  PRO X  45     -29.524  86.784 -15.442  1.00 28.71           C
ATOM   5259  N   LYS X  46     -29.905  83.624 -18.898  1.00 28.36           N
ATOM   5260  CA  LYS X  46     -30.155  82.237 -19.238  1.00 34.68           C
ATOM   5261  C   LYS X  46     -29.009  81.792 -20.131  1.00 35.47           C
ATOM   5262  O   LYS X  46     -28.503  82.593 -20.930  1.00 27.61           O
ATOM   5263  CB  LYS X  46     -31.500  82.135 -19.949  1.00 31.10           C
ATOM   5264  CG  LYS X  46     -31.750  80.915 -20.700  1.00 41.49           C
ATOM   5265  CD  LYS X  46     -32.725  81.196 -21.858  1.00 47.60           C
ATOM   5266  CE  LYS X  46     -33.943  81.979 -21.420  1.00 48.37           C
ATOM   5267  NZ  LYS X  46     -35.081  81.729 -22.345  1.00 49.13           N1+
ATOM   5268  N   LEU X  47     -28.574  80.539 -19.977  1.00 28.77           N
ATOM   5269  CA  LEU X  47     -27.546  80.027 -20.872  1.00 24.97           C
ATOM   5270  C   LEU X  47     -28.138  79.828 -22.264  1.00 32.77           C
ATOM   5271  O   LEU X  47     -29.190  79.200 -22.426  1.00 29.18           O
ATOM   5272  CB  LEU X  47     -26.955  78.730 -20.347  1.00 26.07           C
ATOM   5273  CG  LEU X  47     -25.872  78.105 -21.231  1.00 29.09           C
ATOM   5274  CD1 LEU X  47     -24.689  79.042 -21.402  1.00 29.03           C
ATOM   5275  CD2 LEU X  47     -25.420  76.789 -20.647  1.00 27.90           C
ATOM   5276  N   LEU X  48     -27.482  80.418 -23.260  1.00 30.28           N
ATOM   5277  CA  LEU X  48     -27.901  80.361 -24.651  1.00 33.70           C
ATOM   5278  C   LEU X  48     -27.075  79.352 -25.441  1.00 38.84           C
ATOM   5279  O   LEU X  48     -27.633  78.536 -26.179  1.00 35.80           O
ATOM   5280  CB  LEU X  48     -27.787  81.757 -25.286  1.00 30.10           C
ATOM   5281  CG  LEU X  48     -28.388  81.949 -26.684  1.00 36.25           C
ATOM   5282  CD1 LEU X  48     -29.916  81.905 -26.686  1.00 29.13           C
ATOM   5283  CD2 LEU X  48     -27.887  83.232 -27.342  1.00 32.77           C
ATOM   5284  N   LEU X  49     -25.749  79.397 -25.279  1.00 38.10           N
ATOM   5285  CA  LEU X  49     -24.799  78.535 -25.968  1.00 29.61           C
ATOM   5286  C   LEU X  49     -23.642  78.253 -25.028  1.00 31.16           C
ATOM   5287  O   LEU X  49     -23.153  79.160 -24.352  1.00 32.51           O
ATOM   5288  CB  LEU X  49     -24.241  79.177 -27.235  1.00 29.50           C
ATOM   5289  CG  LEU X  49     -25.158  79.484 -28.410  1.00 35.20           C
ATOM   5290  CD1 LEU X  49     -24.385  80.328 -29.434  1.00 32.31           C
ATOM   5291  CD2 LEU X  49     -25.624  78.172 -29.024  1.00 29.29           C
ATOM   5292  N   TYR X  50     -23.204  77.003 -24.983  1.00 27.72           N
ATOM   5293  CA  TYR X  50     -21.976  76.679 -24.285  1.00 28.60           C
ATOM   5294  C   TYR X  50     -21.037  75.963 -25.242  1.00 30.23           C
ATOM   5295  O   TYR X  50     -21.429  75.569 -26.346  1.00 31.08           O
ATOM   5296  CB  TYR X  50     -22.250  75.864 -23.018  1.00 28.65           C
ATOM   5297  CG  TYR X  50     -22.900  74.531 -23.227  1.00 33.55           C
ATOM   5298  CD1 TYR X  50     -24.246  74.422 -23.613  1.00 37.48           C
ATOM   5299  CD2 TYR X  50     -22.196  73.384 -22.985  1.00 29.14           C
ATOM   5300  CE1 TYR X  50     -24.833  73.183 -23.799  1.00 34.48           C
ATOM   5301  CE2 TYR X  50     -22.768  72.149 -23.152  1.00 39.17           C
ATOM   5302  CZ  TYR X  50     -24.076  72.041 -23.550  1.00 38.17           C
ATOM   5303  OH  TYR X  50     -24.590  70.771 -23.700  1.00 35.08           O
ATOM   5304  N   ASP X  51     -19.768  75.877 -24.840  1.00 31.56           N
ATOM   5305  CA  ASP X  51     -18.698  75.390 -25.713  1.00 29.21           C
ATOM   5306  C   ASP X  51     -18.816  76.000 -27.122  1.00 34.44           C
ATOM   5307  O   ASP X  51     -18.908  75.308 -28.144  1.00 31.23           O
ATOM   5308  CB  ASP X  51     -18.699  73.865 -25.753  1.00 30.93           C
ATOM   5309  CG  ASP X  51     -17.509  73.308 -26.507  1.00 34.52           C
ATOM   5310  OD1 ASP X  51     -16.467  74.009 -26.589  1.00 38.97           O
ATOM   5311  OD2 ASP X  51     -17.633  72.187 -27.047  1.00 37.63           O1-
ATOM   5312  N   SER X  52     -18.882  77.333 -27.151  1.00 29.36           N
ATOM   5313  CA  SER X  52     -18.957  78.121 -28.379  1.00 32.69           C
ATOM   5314  C   SER X  52     -20.258  77.970 -29.163  1.00 32.50           C
ATOM   5315  O   SER X  52     -20.805  78.977 -29.637  1.00 32.67           O
ATOM   5316  CB  SER X  52     -17.781  77.808 -29.305  1.00 32.99           C
ATOM   5317  OG  SER X  52     -16.569  78.277 -28.744  1.00 42.26           O
ATOM   5318  N   ASN X  53     -20.772  76.746 -29.333  1.00 31.33           N
ATOM   5319  CA  ASN X  53     -21.880  76.604 -30.271  1.00 33.53           C
ATOM   5320  C   ASN X  53     -22.896  75.532 -29.886  1.00 36.41           C
```

```
ATOM   5321  O   ASN X  53     -23.725  75.172 -30.735  1.00 34.64           O
ATOM   5322  CB  ASN X  53     -21.326  76.305 -31.671  1.00 29.24           C
ATOM   5323  CG  ASN X  53     -20.625  74.953 -31.730  1.00 38.39           C
ATOM   5324  OD1 ASN X  53     -20.519  74.254 -30.721  1.00 35.56           O
ATOM   5325  ND2 ASN X  53     -20.163  74.573 -32.906  1.00 35.38           N
ATOM   5326  N   LYS X  54     -22.879  75.013 -28.657  1.00 37.93           N
ATOM   5327  CA  LYS X  54     -23.821  73.978 -28.239  1.00 37.84           C
ATOM   5328  C   LYS X  54     -25.063  74.592 -27.605  1.00 33.93           C
ATOM   5329  O   LYS X  54     -24.957  75.380 -26.656  1.00 33.00           O
ATOM   5330  CB  LYS X  54     -23.165  73.014 -27.250  1.00 34.82           C
ATOM   5331  CG  LYS X  54     -24.025  71.814 -26.907  1.00 36.40           C
ATOM   5332  CD  LYS X  54     -24.191  70.937 -28.131  1.00 37.62           C
ATOM   5333  CE  LYS X  54     -25.209  69.832 -27.894  1.00 33.30           C
ATOM   5334  NZ  LYS X  54     -25.145  68.918 -29.053  1.00 47.57           N1+
ATOM   5335  N  AARG X  55     -26.235  74.212 -28.121  0.50 35.72           N
ATOM   5336  CA AARG X  55     -27.511  74.703 -27.600  0.50 37.84           C
ATOM   5337  C  AARG X  55     -27.955  73.849 -26.418  0.50 37.19           C
ATOM   5338  O  AARG X  55     -28.052  72.622 -26.555  0.50 39.62           O
ATOM   5339  CB AARG X  55     -28.585  74.683 -28.683  0.50 35.53           C
ATOM   5340  CG AARG X  55     -28.487  75.808 -29.722  0.50 38.76           C
ATOM   5341  CD AARG X  55     -29.610  75.753 -30.781  0.50 37.60           C
ATOM   5342  NE AARG X  55     -29.427  74.636 -31.705  0.50 42.24           N
ATOM   5343  CZ AARG X  55     -30.198  73.555 -31.759  0.50 40.39           C
ATOM   5344  NH1AARG X  55     -29.919  72.598 -32.628  0.50 43.66           N1+
ATOM   5345  NH2AARG X  55     -31.248  73.434 -30.961  0.50 39.76           N
ATOM   5346  N  BARG X  55     -26.235  74.213 -28.110  0.50 35.73           N
ATOM   5347  CA BARG X  55     -27.499  74.742 -27.594  0.50 37.86           C
ATOM   5348  C  BARG X  55     -27.999  73.875 -26.441  0.50 37.17           C
ATOM   5349  O  BARG X  55     -28.165  72.661 -26.619  0.50 39.65           O
ATOM   5350  CB BARG X  55     -28.548  74.810 -28.701  0.50 35.58           C
ATOM   5351  CG BARG X  55     -28.335  75.971 -29.695  0.50 38.67           C
ATOM   5352  CD BARG X  55     -29.274  75.940 -30.919  0.50 37.26           C
ATOM   5353  NE BARG X  55     -28.921  74.866 -31.845  0.50 42.86           N
ATOM   5354  CZ BARG X  55     -28.062  74.983 -32.859  0.50 43.30           C
ATOM   5355  NH1BARG X  55     -27.465  76.140 -33.108  0.50 28.23           N1+
ATOM   5356  NH2BARG X  55     -27.803  73.928 -33.632  0.50 47.26           N
ATOM   5357  N   PRO X  56     -28.209  74.432 -25.251  1.00 39.61           N
ATOM   5358  CA  PRO X  56     -28.924  73.683 -24.208  1.00 37.27           C
ATOM   5359  C   PRO X  56     -30.328  73.384 -24.708  1.00 37.17           C
ATOM   5360  O   PRO X  56     -30.836  74.048 -25.614  1.00 35.06           O
ATOM   5361  CB  PRO X  56     -28.960  74.643 -23.020  1.00 32.87           C
ATOM   5362  CG  PRO X  56     -28.041  75.768 -23.374  1.00 39.79           C
ATOM   5363  CD  PRO X  56     -27.841  75.794 -24.846  1.00 34.03           C
ATOM   5364  N   SER X  57     -30.973  72.378 -24.127  1.00 35.37           N
ATOM   5365  CA  SER X  57     -32.324  72.095 -24.603  1.00 45.77           C
ATOM   5366  C   SER X  57     -33.240  73.271 -24.286  1.00 39.53           C
ATOM   5367  O   SER X  57     -33.082  73.960 -23.274  1.00 42.51           O
ATOM   5368  CB  SER X  57     -32.860  70.777 -24.033  1.00 44.76           C
ATOM   5369  OG  SER X  57     -32.486  70.611 -22.686  1.00 57.37           O
ATOM   5370  N   GLY X  58     -34.149  73.551 -25.208  1.00 46.11           N
ATOM   5371  CA  GLY X  58     -35.017  74.704 -25.108  1.00 38.41           C
ATOM   5372  C   GLY X  58     -34.575  75.906 -25.915  1.00 46.36           C
ATOM   5373  O   GLY X  58     -35.360  76.846 -26.056  1.00 47.75           O
ATOM   5374  N   ILE X  59     -33.356  75.916 -26.442  1.00 38.47           N
ATOM   5375  CA  ILE X  59     -32.858  77.042 -27.231  1.00 39.45           C
ATOM   5376  C   ILE X  59     -33.096  76.740 -28.706  1.00 38.36           C
ATOM   5377  O   ILE X  59     -32.567  75.743 -29.218  1.00 41.39           O
ATOM   5378  CB  ILE X  59     -31.372  77.301 -26.950  1.00 41.60           C
ATOM   5379  CG1 ILE X  59     -31.165  77.604 -25.460  1.00 39.46           C
ATOM   5380  CG2 ILE X  59     -30.858  78.449 -27.839  1.00 36.16           C
ATOM   5381  CD1 ILE X  59     -31.957  78.855 -24.970  1.00 33.58           C
ATOM   5382  N   PRO X  60     -33.829  77.583 -29.429  1.00 38.04           N
ATOM   5383  CA  PRO X  60     -34.124  77.311 -30.841  1.00 40.67           C
ATOM   5384  C   PRO X  60     -32.877  77.315 -31.712  1.00 41.79           C
ATOM   5385  O   PRO X  60     -31.899  78.020 -31.439  1.00 39.12           O
ATOM   5386  CB  PRO X  60     -35.047  78.468 -31.240  1.00 37.50           C
ATOM   5387  CG  PRO X  60     -35.340  79.184 -30.024  1.00 40.79           C
ATOM   5388  CD  PRO X  60     -34.325  78.891 -29.004  1.00 41.33           C
ATOM   5389  N   ALA X  61     -32.956  76.574 -32.821  1.00 41.88           N
ATOM   5390  CA  ALA X  61     -31.816  76.464 -33.727  1.00 41.28           C
ATOM   5391  C   ALA X  61     -31.500  77.762 -34.449  1.00 37.80           C
```

```
ATOM   5392  O   ALA X  61     -30.440  77.855 -35.066  1.00 37.27           O
ATOM   5393  CB  ALA X  61     -32.043  75.362 -34.759  1.00 34.30           C
ATOM   5394  N   ARG X  62     -32.356  78.779 -34.366  1.00 38.43           N
ATOM   5395  CA  ARG X  62     -31.978  80.019 -35.031  1.00 42.28           C
ATOM   5396  C   ARG X  62     -30.888  80.776 -34.273  1.00 39.16           C
ATOM   5397  O   ARG X  62     -30.360  81.763 -34.795  1.00 42.60           O
ATOM   5398  CB  ARG X  62     -33.215  80.894 -35.260  1.00 40.18           C
ATOM   5399  CG  ARG X  62     -33.956  81.319 -34.029  1.00 45.22           C
ATOM   5400  CD  ARG X  62     -35.169  82.228 -34.403  1.00 57.00           C
ATOM   5401  NE  ARG X  62     -35.710  82.874 -33.214  1.00 45.98           N
ATOM   5402  CZ  ARG X  62     -36.485  82.241 -32.345  1.00 47.84           C
ATOM   5403  NH1 ARG X  62     -36.807  80.976 -32.560  1.00 50.34           N1+
ATOM   5404  NH2 ARG X  62     -36.923  82.855 -31.261  1.00 51.21           N
ATOM   5405  N   PHE X  63     -30.522  80.330 -33.074  1.00 40.25           N
ATOM   5406  CA  PHE X  63     -29.323  80.816 -32.410  1.00 41.09           C
ATOM   5407  C   PHE X  63     -28.171  79.886 -32.756  1.00 41.66           C
ATOM   5408  O   PHE X  63     -28.299  78.666 -32.622  1.00 35.82           O
ATOM   5409  CB  PHE X  63     -29.510  80.887 -30.891  1.00 33.46           C
ATOM   5410  CG  PHE X  63     -30.586  81.832 -30.473  1.00 36.45           C
ATOM   5411  CD1 PHE X  63     -30.310  83.184 -30.280  1.00 39.83           C
ATOM   5412  CD2 PHE X  63     -31.884  81.377 -30.287  1.00 34.93           C
ATOM   5413  CE1 PHE X  63     -31.325  84.085 -29.906  1.00 36.05           C
ATOM   5414  CE2 PHE X  63     -32.889  82.251 -29.923  1.00 38.93           C
ATOM   5415  CZ  PHE X  63     -32.614  83.614 -29.734  1.00 35.26           C
ATOM   5416  N   SER X  64     -27.053  80.455 -33.207  1.00 33.96           N
ATOM   5417  CA  SER X  64     -25.866  79.646 -33.436  1.00 36.60           C
ATOM   5418  C   SER X  64     -24.626  80.455 -33.101  1.00 33.97           C
ATOM   5419  O   SER X  64     -24.663  81.684 -32.984  1.00 37.04           O
ATOM   5420  CB  SER X  64     -25.792  79.134 -34.878  1.00 33.50           C
ATOM   5421  OG  SER X  64     -25.828  80.219 -35.797  1.00 41.55           O
ATOM   5422  N   GLY X  65     -23.514  79.743 -32.965  1.00 33.67           N
ATOM   5423  CA  GLY X  65     -22.271  80.366 -32.569  1.00 32.37           C
ATOM   5424  C   GLY X  65     -21.099  79.800 -33.342  1.00 37.26           C
ATOM   5425  O   GLY X  65     -21.144  78.694 -33.885  1.00 37.56           O
ATOM   5426  N   SER X  66     -20.044  80.596 -33.386  1.00 36.95           N
ATOM   5427  CA  SER X  66     -18.782  80.154 -33.937  1.00 39.89           C
ATOM   5428  C   SER X  66     -17.675  80.805 -33.137  1.00 38.97           C
ATOM   5429  O   SER X  66     -17.884  81.794 -32.427  1.00 42.94           O
ATOM   5430  CB  SER X  66     -18.645  80.521 -35.416  1.00 43.54           C
ATOM   5431  OG  SER X  66     -18.842  81.914 -35.579  1.00 44.16           O
ATOM   5432  N   LYS X  67     -16.493  80.236 -33.268  1.00 37.88           N
ATOM   5433  CA  LYS X  67     -15.318  80.724 -32.578  1.00 38.71           C
ATOM   5434  C   LYS X  67     -14.182  80.683 -33.584  1.00 41.62           C
ATOM   5435  O   LYS X  67     -14.049  79.712 -34.332  1.00 36.78           O
ATOM   5436  CB  LYS X  67     -14.996  79.866 -31.337  1.00 34.63           C
ATOM   5437  CG  LYS X  67     -13.718  80.278 -30.577  1.00 39.36           C
ATOM   5438  CD  LYS X  67     -13.483  79.408 -29.335  1.00 43.58           C
ATOM   5439  CE  LYS X  67     -12.029  79.470 -28.865  1.00 49.06           C
ATOM   5440  NZ  LYS X  67     -11.798  78.829 -27.509  1.00 45.19           N1+
ATOM   5441  N   SER X  68     -13.372  81.733 -33.603  1.00 32.64           N
ATOM   5442  CA  SER X  68     -12.213  81.766 -34.484  1.00 39.05           C
ATOM   5443  C   SER X  68     -11.107  82.533 -33.774  1.00 44.53           C
ATOM   5444  O   SER X  68     -11.196  83.760 -33.617  1.00 37.82           O
ATOM   5445  CB  SER X  68     -12.578  82.412 -35.816  1.00 40.60           C
ATOM   5446  OG  SER X  68     -11.432  82.493 -36.637  1.00 69.58           O
ATOM   5447  N   GLY X  69     -10.073  81.825 -33.344  1.00 41.45           N
ATOM   5448  CA  GLY X  69      -8.973  82.520 -32.683  1.00 38.45           C
ATOM   5449  C   GLY X  69      -9.424  83.162 -31.382  1.00 38.09           C
ATOM   5450  O   GLY X  69      -9.944  82.493 -30.485  1.00 40.05           O
ATOM   5451  N   THR X  70      -9.248  84.479 -31.260  1.00 38.95           N
ATOM   5452  CA  THR X  70      -9.575  85.191 -30.033  1.00 31.37           C
ATOM   5453  C   THR X  70     -10.914  85.919 -30.101  1.00 36.24           C
ATOM   5454  O   THR X  70     -11.192  86.796 -29.271  1.00 37.77           O
ATOM   5455  CB  THR X  70      -8.458  86.171 -29.692  1.00 36.81           C
ATOM   5456  OG1 THR X  70      -8.349  87.134 -30.744  1.00 30.74           O
ATOM   5457  CG2 THR X  70      -7.134  85.414 -29.544  1.00 25.19           C
ATOM   5458  N   SER X  71     -11.765  85.574 -31.048  1.00 37.57           N
ATOM   5459  CA  SER X  71     -13.081  86.175 -31.072  1.00 38.07           C
ATOM   5460  C   SER X  71     -14.125  85.082 -31.262  1.00 38.54           C
ATOM   5461  O   SER X  71     -13.834  83.992 -31.759  1.00 37.91           O
ATOM   5462  CB  SER X  71     -13.185  87.249 -32.162  1.00 40.23           C
```

```
ATOM   5463  OG  SER X  71     -13.241  86.662 -33.448  1.00 48.33           O
ATOM   5464  N   ALA X  72     -15.344  85.387 -30.821  1.00 30.70           N
ATOM   5465  CA  ALA X  72     -16.491  84.505 -30.944  1.00 32.65           C
ATOM   5466  C   ALA X  72     -17.649  85.344 -31.464  1.00 33.91           C
ATOM   5467  O   ALA X  72     -17.724  86.538 -31.199  1.00 35.37           O
ATOM   5468  CB  ALA X  72     -16.847  83.861 -29.596  1.00 28.85           C
ATOM   5469  N  ATHR X  73     -18.543  84.722 -32.219  0.60 34.81           N
ATOM   5470  CA ATHR X  73     -19.686  85.428 -32.781  0.60 36.26           C
ATOM   5471  C  ATHR X  73     -20.968  84.644 -32.530  0.60 38.23           C
ATOM   5472  O  ATHR X  73     -21.021  83.423 -32.730  0.60 36.94           O
ATOM   5473  CB ATHR X  73     -19.528  85.662 -34.285  0.60 37.26           C
ATOM   5474  OG1ATHR X  73     -19.317  84.403 -34.929  0.60 39.56           O
ATOM   5475  CG2ATHR X  73     -18.350  86.575 -34.575  0.60 38.40           C
ATOM   5476  N  BTHR X  73     -18.549  84.710 -32.211  0.40 34.91           N
ATOM   5477  CA BTHR X  73     -19.684  85.400 -32.812  0.40 36.39           C
ATOM   5478  C  BTHR X  73     -20.970  84.636 -32.529  0.40 38.11           C
ATOM   5479  O  BTHR X  73     -21.026  83.413 -32.708  0.40 36.77           O
ATOM   5480  CB BTHR X  73     -19.509  85.557 -34.327  0.40 37.24           C
ATOM   5481  OG1BTHR X  73     -18.230  86.138 -34.608  0.40 37.63           O
ATOM   5482  CG2BTHR X  73     -20.620  86.434 -34.910  0.40 32.90           C
ATOM   5483  N   LEU X  74     -21.997  85.359 -32.097  1.00 35.38           N
ATOM   5484  CA  LEU X  74     -23.326  84.804 -31.943  1.00 34.79           C
ATOM   5485  C   LEU X  74     -24.147  85.205 -33.156  1.00 36.97           C
ATOM   5486  O   LEU X  74     -24.156  86.379 -33.545  1.00 33.92           O
ATOM   5487  CB  LEU X  74     -23.986  85.314 -30.665  1.00 32.61           C
ATOM   5488  CG  LEU X  74     -25.507  85.206 -30.626  1.00 31.72           C
ATOM   5489  CD1 LEU X  74     -25.882  83.725 -30.473  1.00 30.32           C
ATOM   5490  CD2 LEU X  74     -26.036  86.026 -29.454  1.00 27.99           C
ATOM   5491  N   GLY X  75     -24.840  84.247 -33.745  1.00 36.52           N
ATOM   5492  CA  GLY X  75     -25.703  84.512 -34.884  1.00 34.24           C
ATOM   5493  C   GLY X  75     -27.148  84.242 -34.527  1.00 37.87           C
ATOM   5494  O   GLY X  75     -27.451  83.245 -33.871  1.00 37.63           O
ATOM   5495  N   ILE X  76     -28.035  85.141 -34.957  1.00 39.75           N
ATOM   5496  CA  ILE X  76     -29.479  84.985 -34.802  1.00 41.67           C
ATOM   5497  C   ILE X  76     -30.121  85.182 -36.168  1.00 42.37           C
ATOM   5498  O   ILE X  76     -30.094  86.290 -36.715  1.00 44.35           O
ATOM   5499  CB  ILE X  76     -30.078  85.974 -33.790  1.00 40.33           C
ATOM   5500  CG1 ILE X  76     -29.186  86.075 -32.552  1.00 41.66           C
ATOM   5501  CG2 ILE X  76     -31.481  85.526 -33.397  1.00 35.42           C
ATOM   5502  CD1 ILE X  76     -29.726  86.959 -31.465  1.00 37.72           C
ATOM   5503  N   THR X  77     -30.686  84.119 -36.725  1.00 43.91           N
ATOM   5504  CA  THR X  77     -31.472  84.236 -37.948  1.00 48.21           C
ATOM   5505  C   THR X  77     -32.958  84.232 -37.615  1.00 43.41           C
ATOM   5506  O   THR X  77     -33.376  83.754 -36.561  1.00 53.87           O
ATOM   5507  CB  THR X  77     -31.176  83.090 -38.915  1.00 48.60           C
ATOM   5508  OG1 THR X  77     -31.675  81.879 -38.346  1.00 50.81           O
ATOM   5509  CG2 THR X  77     -29.695  82.947 -39.136  1.00 39.95           C
ATOM   5510  N   GLY X  78     -33.757  84.758 -38.536  1.00 46.47           N
ATOM   5511  CA  GLY X  78     -35.202  84.734 -38.389  1.00 39.22           C
ATOM   5512  C   GLY X  78     -35.720  85.391 -37.128  1.00 45.27           C
ATOM   5513  O   GLY X  78     -36.522  84.791 -36.407  1.00 43.17           O
ATOM   5514  N   LEU X  79     -35.270  86.624 -36.870  1.00 46.54           N
ATOM   5515  CA  LEU X  79     -35.555  87.331 -35.624  1.00 38.18           C
ATOM   5516  C   LEU X  79     -37.039  87.325 -35.285  1.00 35.99           C
ATOM   5517  O   LEU X  79     -37.888  87.609 -36.131  1.00 36.59           O
ATOM   5518  CB  LEU X  79     -35.059  88.776 -35.730  1.00 39.04           C
ATOM   5519  CG  LEU X  79     -33.807  89.295 -34.996  1.00 40.52           C
ATOM   5520  CD1 LEU X  79     -33.440  88.520 -33.740  1.00 39.26           C
ATOM   5521  CD2 LEU X  79     -32.618  89.397 -35.910  1.00 54.14           C
ATOM   5522  N   GLN X  80     -37.345  87.044 -34.026  1.00 38.14           N
ATOM   5523  CA  GLN X  80     -38.697  87.144 -33.497  1.00 39.98           C
ATOM   5524  C   GLN X  80     -38.700  88.184 -32.389  1.00 41.62           C
ATOM   5525  O   GLN X  80     -37.668  88.422 -31.753  1.00 36.20           O
ATOM   5526  CB  GLN X  80     -39.186  85.813 -32.942  1.00 33.25           C
ATOM   5527  CG  GLN X  80     -39.044  84.680 -33.904  1.00 43.46           C
ATOM   5528  CD  GLN X  80     -39.580  83.358 -33.355  1.00 50.00           C
ATOM   5529  OE1 GLN X  80     -39.521  82.335 -34.031  1.00 49.67           O
ATOM   5530  NE2 GLN X  80     -40.101  83.378 -32.131  1.00 47.24           N
ATOM   5531  N   THR X  81     -39.865  88.806 -32.161  1.00 42.32           N
ATOM   5532  CA  THR X  81     -39.935  89.865 -31.159  1.00 40.35           C
ATOM   5533  C   THR X  81     -39.450  89.373 -29.794  1.00 36.41           C
```

```
ATOM   5534  O   THR X  81     -38.817  90.132 -29.050  1.00 35.09           O
ATOM   5535  CB  THR X  81     -41.369  90.415 -31.067  1.00 40.85           C
ATOM   5536  OG1 THR X  81     -42.261  89.347 -30.772  1.00 57.82           O
ATOM   5537  CG2 THR X  81     -41.798  90.998 -32.377  1.00 43.15           C
ATOM   5538  N   GLY X  82     -39.684  88.094 -29.474  1.00 36.68           N
ATOM   5539  CA  GLY X  82     -39.232  87.486 -28.236  1.00 28.64           C
ATOM   5540  C   GLY X  82     -37.724  87.287 -28.129  1.00 37.77           C
ATOM   5541  O   GLY X  82     -37.248  86.752 -27.124  1.00 34.17           O
ATOM   5542  N   ASP X  83     -36.959  87.652 -29.150  1.00 30.06           N
ATOM   5543  CA  ASP X  83     -35.509  87.630 -29.043  1.00 32.84           C
ATOM   5544  C   ASP X  83     -34.923  88.941 -28.517  1.00 34.01           C
ATOM   5545  O   ASP X  83     -33.729  88.984 -28.208  1.00 31.84           O
ATOM   5546  CB  ASP X  83     -34.907  87.303 -30.404  1.00 31.73           C
ATOM   5547  CG  ASP X  83     -35.427  85.990 -30.952  1.00 41.54           C
ATOM   5548  OD1 ASP X  83     -35.746  85.088 -30.133  1.00 36.80           O
ATOM   5549  OD2 ASP X  83     -35.522  85.868 -32.194  1.00 42.52           O1-
ATOM   5550  N   GLU X  84     -35.724  90.002 -28.424  1.00 31.24           N
ATOM   5551  CA  GLU X  84     -35.262  91.272 -27.871  1.00 37.59           C
ATOM   5552  C   GLU X  84     -34.719  91.031 -26.459  1.00 32.26           C
ATOM   5553  O   GLU X  84     -35.402  90.452 -25.609  1.00 35.56           O
ATOM   5554  CB  GLU X  84     -36.416  92.283 -27.890  1.00 30.20           C
ATOM   5555  CG  GLU X  84     -36.070  93.629 -27.345  1.00 45.30           C
ATOM   5556  CD  GLU X  84     -36.947  94.775 -27.890  1.00 45.92           C
ATOM   5557  OE1 GLU X  84     -37.343  95.625 -27.064  1.00 55.26           O
ATOM   5558  OE2 GLU X  84     -37.238  94.832 -29.112  1.00 39.84           O1-
ATOM   5559  N   ALA X  85     -33.455  91.385 -26.241  1.00 33.55           N
ATOM   5560  CA  ALA X  85     -32.741  90.944 -25.047  1.00 30.96           C
ATOM   5561  C   ALA X  85     -31.361  91.575 -25.034  1.00 28.54           C
ATOM   5562  O   ALA X  85     -30.916  92.168 -26.021  1.00 32.81           O
ATOM   5563  CB  ALA X  85     -32.594  89.409 -24.997  1.00 30.64           C
ATOM   5564  N   ASP X  86     -30.680  91.413 -23.903  1.00 29.41           N
ATOM   5565  CA  ASP X  86     -29.249  91.647 -23.793  1.00 31.96           C
ATOM   5566  C   ASP X  86     -28.504  90.322 -23.884  1.00 32.23           C
ATOM   5567  O   ASP X  86     -28.925  89.318 -23.303  1.00 33.09           O
ATOM   5568  CB  ASP X  86     -28.907  92.357 -22.482  1.00 33.01           C
ATOM   5569  CG  ASP X  86     -29.599  93.708 -22.367  1.00 39.16           C
ATOM   5570  OD1 ASP X  86     -29.651  94.437 -23.368  1.00 40.13           O
ATOM   5571  OD2 ASP X  86     -30.101  94.037 -21.280  1.00 48.35           O1-
ATOM   5572  N   TYR X  87     -27.386  90.329 -24.599  1.00 31.45           N
ATOM   5573  CA  TYR X  87     -26.601  89.129 -24.842  1.00 28.71           C
ATOM   5574  C   TYR X  87     -25.182  89.374 -24.358  1.00 32.26           C
ATOM   5575  O   TYR X  87     -24.609  90.435 -24.628  1.00 31.02           O
ATOM   5576  CB  TYR X  87     -26.621  88.762 -26.326  1.00 26.11           C
ATOM   5577  CG  TYR X  87     -28.002  88.352 -26.816  1.00 30.12           C
ATOM   5578  CD1 TYR X  87     -28.925  89.305 -27.224  1.00 29.60           C
ATOM   5579  CD2 TYR X  87     -28.378  87.014 -26.863  1.00 28.20           C
ATOM   5580  CE1 TYR X  87     -30.188  88.932 -27.678  1.00 34.26           C
ATOM   5581  CE2 TYR X  87     -29.626  86.630 -27.320  1.00 32.08           C
ATOM   5582  CZ  TYR X  87     -30.527  87.596 -27.726  1.00 34.03           C
ATOM   5583  OH  TYR X  87     -31.777  87.223 -28.150  1.00 31.35           O
ATOM   5584  N   TYR X  88     -24.632  88.394 -23.642  1.00 29.11           N
ATOM   5585  CA  TYR X  88     -23.311  88.458 -23.036  1.00 28.65           C
ATOM   5586  C   TYR X  88     -22.534  87.201 -23.398  1.00 32.64           C
ATOM   5587  O   TYR X  88     -23.054  86.084 -23.241  1.00 32.58           O
ATOM   5588  CB  TYR X  88     -23.408  88.547 -21.508  1.00 27.95           C
ATOM   5589  CG  TYR X  88     -24.118  89.757 -20.959  1.00 30.42           C
ATOM   5590  CD1 TYR X  88     -25.501  89.759 -20.792  1.00 28.19           C
ATOM   5591  CD2 TYR X  88     -23.401  90.890 -20.574  1.00 31.06           C
ATOM   5592  CE1 TYR X  88     -26.162  90.867 -20.275  1.00 27.13           C
ATOM   5593  CE2 TYR X  88     -24.041  92.005 -20.067  1.00 32.77           C
ATOM   5594  CZ  TYR X  88     -25.424  91.989 -19.920  1.00 36.54           C
ATOM   5595  OH  TYR X  88     -26.055  93.090 -19.405  1.00 30.95           O
ATOM   5596  N   CYS X  89     -21.287  87.372 -23.833  1.00 28.04           N
ATOM   5597  CA  CYS X  89     -20.334  86.269 -23.902  1.00 28.74           C
ATOM   5598  C   CYS X  89     -19.528  86.212 -22.607  1.00 32.37           C
ATOM   5599  O   CYS X  89     -19.378  87.212 -21.902  1.00 35.41           O
ATOM   5600  CB  CYS X  89     -19.378  86.436 -25.082  1.00 33.37           C
ATOM   5601  SG  CYS X  89     -18.463  88.060 -25.073  1.00 43.75           S
ATOM   5602  N   GLY X  90     -19.005  85.032 -22.303  1.00 32.61           N
ATOM   5603  CA  GLY X  90     -18.237  84.821 -21.083  1.00 31.53           C
ATOM   5604  C   GLY X  90     -17.235  83.695 -21.244  1.00 33.08           C
```

```
ATOM   5605  O   GLY X  90     -17.445  82.767 -22.030  1.00 35.81           O
ATOM   5606  N   THR X  91     -16.107  83.816 -20.531  1.00 25.99           N
ATOM   5607  CA  THR X  91     -15.089  82.778 -20.428  1.00 29.82           C
ATOM   5608  C   THR X  91     -14.309  82.951 -19.143  1.00 31.29           C
ATOM   5609  O   THR X  91     -14.533  83.878 -18.365  1.00 34.63           O
ATOM   5610  CB  THR X  91     -13.968  82.816 -21.479  1.00 38.46           C
ATOM   5611  OG1 THR X  91     -14.245  83.717 -22.547  1.00 45.88           O
ATOM   5612  CG2 THR X  91     -13.680  81.476 -21.973  1.00 27.98           C
ATOM   5613  N   TRP X  92     -13.306  82.097 -19.016  1.00 27.25           N
ATOM   5614  CA  TRP X  92     -12.219  82.230 -18.077  1.00 29.16           C
ATOM   5615  C   TRP X  92     -11.070  83.003 -18.714  1.00 32.78           C
ATOM   5616  O   TRP X  92     -10.800  82.873 -19.912  1.00 30.90           O
ATOM   5617  CB  TRP X  92     -11.757  80.836 -17.670  1.00 27.36           C
ATOM   5618  CG  TRP X  92     -10.715  80.810 -16.612  1.00 35.33           C
ATOM   5619  CD1 TRP X  92      -9.392  80.455 -16.757  1.00 34.95           C
ATOM   5620  CD2 TRP X  92     -10.900  81.116 -15.227  1.00 34.91           C
ATOM   5621  NE1 TRP X  92      -8.751  80.510 -15.535  1.00 33.88           N
ATOM   5622  CE2 TRP X  92      -9.647  80.927 -14.584  1.00 35.68           C
ATOM   5623  CE3 TRP X  92     -11.998  81.527 -14.465  1.00 29.27           C
ATOM   5624  CZ2 TRP X  92      -9.471  81.141 -13.221  1.00 32.90           C
ATOM   5625  CZ3 TRP X  92     -11.821  81.740 -13.107  1.00 30.95           C
ATOM   5626  CH2 TRP X  92     -10.571  81.542 -12.498  1.00 36.18           C
ATOM   5627  N   ASP X  93     -10.389  83.802 -17.915  1.00 34.71           N
ATOM   5628  CA  ASP X  93      -9.143  84.431 -18.340  1.00 35.49           C
ATOM   5629  C   ASP X  93      -8.004  83.809 -17.537  1.00 35.61           C
ATOM   5630  O   ASP X  93      -7.912  84.013 -16.322  1.00 38.60           O
ATOM   5631  CB  ASP X  93      -9.192  85.940 -18.151  1.00 30.03           C
ATOM   5632  CG  ASP X  93      -8.045  86.639 -18.857  1.00 39.44           C
ATOM   5633  OD1 ASP X  93      -6.878  86.282 -18.573  1.00 37.16           O1-
ATOM   5634  OD2 ASP X  93      -8.317  87.531 -19.701  1.00 32.36           O
ATOM   5635  N   SER X  94      -7.137  83.061 -18.223  1.00 33.93           N
ATOM   5636  CA  SER X  94      -6.072  82.302 -17.571  1.00 37.23           C
ATOM   5637  C   SER X  94      -5.010  83.199 -16.958  1.00 43.27           C
ATOM   5638  O   SER X  94      -4.321  82.779 -16.024  1.00 47.17           O
ATOM   5639  CB  SER X  94      -5.415  81.337 -18.557  1.00 35.59           C
ATOM   5640  OG  SER X  94      -6.349  80.369 -19.056  1.00 47.61           O
ATOM   5641  N   SER X  95      -4.851  84.415 -17.456  1.00 36.82           N
ATOM   5642  CA  SER X  95      -3.842  85.284 -16.877  1.00 40.13           C
ATOM   5643  C   SER X  95      -4.390  86.199 -15.784  1.00 43.12           C
ATOM   5644  O   SER X  95      -3.652  86.546 -14.858  1.00 44.13           O
ATOM   5645  CB  SER X  95      -3.177  86.104 -17.979  1.00 38.64           C
ATOM   5646  OG  SER X  95      -3.953  87.241 -18.283  1.00 52.16           O
ATOM   5647  N   LEU X  96      -5.653  86.623 -15.858  1.00 49.30           N
ATOM   5648  CA  LEU X  96      -6.260  87.359 -14.750  1.00 41.53           C
ATOM   5649  C   LEU X  96      -6.849  86.436 -13.685  1.00 36.33           C
ATOM   5650  O   LEU X  96      -7.332  86.925 -12.663  1.00 40.59           O
ATOM   5651  CB  LEU X  96      -7.345  88.299 -15.263  1.00 31.21           C
ATOM   5652  CG  LEU X  96      -6.975  89.345 -16.315  1.00 35.69           C
ATOM   5653  CD1 LEU X  96      -8.257  89.972 -16.878  1.00 32.73           C
ATOM   5654  CD2 LEU X  96      -6.072  90.443 -15.740  1.00 33.32           C
ATOM   5655  N   ASN X  97      -6.819  85.128 -13.908  1.00 33.69           N
ATOM   5656  CA  ASN X  97      -7.457  84.113 -13.054  1.00 40.52           C
ATOM   5657  C   ASN X  97      -8.862  84.515 -12.585  1.00 37.02           C
ATOM   5658  O   ASN X  97      -9.170  84.528 -11.394  1.00 38.37           O
ATOM   5659  CB  ASN X  97      -6.566  83.762 -11.863  1.00 40.15           C
ATOM   5660  CG  ASN X  97      -5.793  82.485 -12.103  1.00 56.68           C
ATOM   5661  OD1 ASN X  97      -6.057  81.431 -11.474  1.00 58.82           O
ATOM   5662  ND2 ASN X  97      -4.866  82.541 -13.069  1.00 45.20           N
ATOM   5663  N   THR X  98      -9.736  84.807 -13.551  1.00 33.40           N
ATOM   5664  CA  THR X  98     -11.086  85.225 -13.198  1.00 36.45           C
ATOM   5665  C   THR X  98     -12.042  84.934 -14.345  1.00 31.02           C
ATOM   5666  O   THR X  98     -11.637  84.809 -15.497  1.00 29.12           O
ATOM   5667  CB  THR X  98     -11.138  86.713 -12.830  1.00 32.72           C
ATOM   5668  OG1 THR X  98     -12.455  87.038 -12.382  1.00 37.61           O
ATOM   5669  CG2 THR X  98     -10.840  87.569 -14.031  1.00 32.00           C
ATOM   5670  N   VAL X  99     -13.326  84.815 -14.005  1.00 30.06           N
ATOM   5671  CA  VAL X  99     -14.358  84.769 -15.027  1.00 24.45           C
ATOM   5672  C   VAL X  99     -14.563  86.160 -15.611  1.00 29.75           C
ATOM   5673  O   VAL X  99     -14.620  87.174 -14.897  1.00 26.93           O
ATOM   5674  CB  VAL X  99     -15.680  84.233 -14.460  1.00 28.00           C
ATOM   5675  CG1 VAL X  99     -16.739  84.291 -15.532  1.00 26.99           C
```

```
ATOM   5676  CG2 VAL X  99     -15.525  82.801 -13.869  1.00 29.57           C
ATOM   5677  N   VAL X 100     -14.775  86.208 -16.906  1.00 29.21           N
ATOM   5678  CA  VAL X 100     -14.748  87.464 -17.623  1.00 28.67           C
ATOM   5679  C   VAL X 100     -15.948  87.512 -18.574  1.00 32.26           C
ATOM   5680  O   VAL X 100     -16.225  86.546 -19.296  1.00 33.30           O
ATOM   5681  CB  VAL X 100     -13.355  87.559 -18.285  1.00 34.89           C
ATOM   5682  CG1 VAL X 100     -13.294  87.188 -19.773  1.00 28.07           C
ATOM   5683  CG2 VAL X 100     -12.657  88.799 -17.889  1.00 30.67           C
ATOM   5684  N   PHE X 101     -16.709  88.599 -18.512  1.00 29.76           N
ATOM   5685  CA  PHE X 101     -17.876  88.803 -19.365  1.00 37.29           C
ATOM   5686  C   PHE X 101     -17.634  89.939 -20.348  1.00 33.64           C
ATOM   5687  O   PHE X 101     -16.940  90.913 -20.039  1.00 36.04           O
ATOM   5688  CB  PHE X 101     -19.138  89.186 -18.567  1.00 33.79           C
ATOM   5689  CG  PHE X 101     -19.780  88.069 -17.808  1.00 32.73           C
ATOM   5690  CD1 PHE X 101     -20.482  87.064 -18.464  1.00 38.68           C
ATOM   5691  CD2 PHE X 101     -19.729  88.057 -16.407  1.00 31.51           C
ATOM   5692  CE1 PHE X 101     -21.114  86.044 -17.743  1.00 34.99           C
ATOM   5693  CE2 PHE X 101     -20.345  87.044 -15.674  1.00 28.97           C
ATOM   5694  CZ  PHE X 101     -21.040  86.028 -16.349  1.00 30.18           C
ATOM   5695  N   GLY X 102     -18.283  89.846 -21.507  1.00 31.53           N
ATOM   5696  CA  GLY X 102     -18.420  91.004 -22.354  1.00 30.93           C
ATOM   5697  C   GLY X 102     -19.343  92.039 -21.708  1.00 38.01           C
ATOM   5698  O   GLY X 102     -20.047  91.780 -20.724  1.00 32.78           O
ATOM   5699  N   GLY X 103     -19.311  93.246 -22.272  1.00 29.12           N
ATOM   5700  CA  GLY X 103     -20.117  94.353 -21.794  1.00 29.37           C
ATOM   5701  C   GLY X 103     -21.583  94.244 -22.120  1.00 33.08           C
ATOM   5702  O   GLY X 103     -22.376  95.015 -21.576  1.00 35.44           O
ATOM   5703  N   GLY X 104     -21.964  93.300 -22.974  1.00 34.27           N
ATOM   5704  CA  GLY X 104     -23.358  93.149 -23.326  1.00 29.50           C
ATOM   5705  C   GLY X 104     -23.731  93.836 -24.619  1.00 29.53           C
ATOM   5706  O   GLY X 104     -23.197  94.891 -24.951  1.00 32.35           O
ATOM   5707  N   THR X 105     -24.636  93.220 -25.369  1.00 34.88           N
ATOM   5708  CA  THR X 105     -25.182  93.780 -26.591  1.00 32.20           C
ATOM   5709  C   THR X 105     -26.689  93.826 -26.424  1.00 34.52           C
ATOM   5710  O   THR X 105     -27.326  92.787 -26.221  1.00 32.97           O
ATOM   5711  CB  THR X 105     -24.791  92.943 -27.812  1.00 30.26           C
ATOM   5712  OG1 THR X 105     -23.367  92.949 -27.935  1.00 36.62           O
ATOM   5713  CG2 THR X 105     -25.397  93.520 -29.084  1.00 27.38           C
ATOM   5714  N   LYS X 106     -27.246  95.027 -26.490  1.00 33.22           N
ATOM   5715  CA  LYS X 106     -28.686  95.209 -26.472  1.00 35.13           C
ATOM   5716  C   LYS X 106     -29.210  94.955 -27.877  1.00 32.47           C
ATOM   5717  O   LYS X 106     -28.824  95.647 -28.822  1.00 37.14           O
ATOM   5718  CB  LYS X 106     -29.035  96.619 -26.001  1.00 33.00           C
ATOM   5719  CG  LYS X 106     -30.515  96.974 -26.093  1.00 40.50           C
ATOM   5720  CD  LYS X 106     -30.760  98.406 -25.536  1.00 50.00           C
ATOM   5721  CE  LYS X 106     -32.202  98.919 -25.776  1.00 54.95           C
ATOM   5722  NZ  LYS X 106     -33.307  98.040 -25.259  1.00 53.87           N1+
ATOM   5723  N   LEU X 107     -30.039  93.941 -28.022  1.00 31.69           N
ATOM   5724  CA  LEU X 107     -30.702  93.641 -29.282  1.00 35.95           C
ATOM   5725  C   LEU X 107     -32.109  94.195 -29.217  1.00 34.06           C
ATOM   5726  O   LEU X 107     -32.890  93.810 -28.335  1.00 36.06           O
ATOM   5727  CB  LEU X 107     -30.764  92.135 -29.542  1.00 29.30           C
ATOM   5728  CG  LEU X 107     -31.101  91.566 -30.925  1.00 36.45           C
ATOM   5729  CD1 LEU X 107     -31.582  90.117 -30.792  1.00 47.08           C
ATOM   5730  CD2 LEU X 107     -32.108  92.310 -31.732  1.00 35.75           C
ATOM   5731  N  ATHR X 108     -32.447  95.068 -30.150  0.50 29.34           N
ATOM   5732  CA ATHR X 108     -33.819  95.519 -30.281  0.50 34.47           C
ATOM   5733  C  ATHR X 108     -34.372  94.993 -31.598  0.50 34.43           C
ATOM   5734  O  ATHR X 108     -33.730  95.114 -32.645  0.50 33.84           O
ATOM   5735  CB ATHR X 108     -33.929  97.050 -30.167  0.50 35.43           C
ATOM   5736  OG1ATHR X 108     -34.721  97.575 -31.244  0.50 39.77           O
ATOM   5737  CG2ATHR X 108     -32.553  97.713 -30.114  0.50 36.64           C
ATOM   5738  N  BTHR X 108     -32.435  95.083 -30.149  0.50 28.73           N
ATOM   5739  CA BTHR X 108     -33.795  95.559 -30.334  0.50 34.59           C
ATOM   5740  C  BTHR X 108     -34.344  94.934 -31.610  0.50 34.22           C
ATOM   5741  O  BTHR X 108     -33.682  94.959 -32.651  0.50 33.77           O
ATOM   5742  CB BTHR X 108     -33.864  97.095 -30.407  0.50 35.40           C
ATOM   5743  OG1BTHR X 108     -33.311  97.671 -29.217  0.50 29.14           O
ATOM   5744  CG2BTHR X 108     -35.332  97.571 -30.561  0.50 36.81           C
ATOM   5745  N   VAL X 109     -35.533  94.354 -31.521  1.00 34.56           N
ATOM   5746  CA  VAL X 109     -36.242  93.847 -32.687  1.00 37.76           C
```

```
ATOM   5747  C   VAL X 109     -37.211  94.947 -33.124  1.00 37.56           C
ATOM   5748  O   VAL X 109     -38.195  95.233 -32.435  1.00 39.51           O
ATOM   5749  CB  VAL X 109     -36.957  92.526 -32.370  1.00 36.89           C
ATOM   5750  CG1 VAL X 109     -37.657  91.986 -33.592  1.00 37.00           C
ATOM   5751  CG2 VAL X 109     -35.944  91.498 -31.854  1.00 35.12           C
ATOM   5752  N   LEU X 110     -36.903  95.596 -34.249  1.00 40.19           N
ATOM   5753  CA  LEU X 110     -37.598  96.804 -34.693  1.00 37.97           C
ATOM   5754  C   LEU X 110     -39.089  96.596 -34.915  1.00 42.37           C
ATOM   5755  O   LEU X 110     -39.492  95.862 -35.816  1.00 42.06           O
ATOM   5756  CB  LEU X 110     -36.952  97.330 -35.974  1.00 32.89           C
ATOM   5757  CG  LEU X 110     -35.483  97.738 -35.777  1.00 44.78           C
ATOM   5758  CD1 LEU X 110     -34.740  97.954 -37.095  1.00 36.15           C
ATOM   5759  CD2 LEU X 110     -35.451  98.999 -34.936  1.00 37.61           C
ATOM   5760  N   SER X 111     -39.923  97.222 -34.090  1.00 44.41           N
ATOM   5761  CA  SER X 111     -41.366  97.119 -34.268  1.00 50.21           C
ATOM   5762  C   SER X 111     -42.007  98.460 -34.601  1.00 49.69           C
ATOM   5763  O   SER X 111     -43.235  98.560 -34.605  1.00 52.76           O
ATOM   5764  CB  SER X 111     -42.017  96.500 -33.028  1.00 44.40           C
ATOM   5765  OG  SER X 111     -41.726  97.270 -31.878  1.00 60.88           O
ATOM   5766  N   GLN X 112     -41.211  99.487 -34.878  1.00 47.15           N
ATOM   5767  CA  GLN X 112     -41.707 100.757 -35.390  1.00 48.33           C
ATOM   5768  C   GLN X 112     -40.538 101.473 -36.048  1.00 46.20           C
ATOM   5769  O   GLN X 112     -39.389 101.022 -35.937  1.00 50.86           O
ATOM   5770  CB  GLN X 112     -42.328 101.613 -34.268  1.00 45.44           C
ATOM   5771  CG  GLN X 112     -41.332 102.017 -33.210  1.00 54.29           C
ATOM   5772  CD  GLN X 112     -41.921 102.957 -32.174  1.00 55.17           C
ATOM   5773  OE1 GLN X 112     -42.268 102.535 -31.064  1.00 50.12           O
ATOM   5774  NE2 GLN X 112     -42.016 104.247 -32.523  1.00 51.29           N
ATOM   5775  N   PRO X 113     -40.791 102.573 -36.760  1.00 47.86      GZ00 N
ATOM   5776  CA  PRO X 113     -39.684 103.305 -37.392  1.00 44.33      GZ00 C
ATOM   5777  C   PRO X 113     -38.722 103.861 -36.360  1.00 47.98      GZ00 C
ATOM   5778  O   PRO X 113     -39.099 104.165 -35.229  1.00 51.31      GZ00 O
ATOM   5779  CB  PRO X 113     -40.386 104.439 -38.148  1.00 44.96      GZ00 C
ATOM   5780  CG  PRO X 113     -41.754 103.943 -38.377  1.00 46.92      GZ00 C
ATOM   5781  CD  PRO X 113     -42.098 103.123 -37.162  1.00 47.64      GZ00 C
ATOM   5782  N   LYS X 114     -37.464 104.002 -36.764  1.00 48.55      GZ00 N
ATOM   5783  CA  LYS X 114     -36.492 104.609 -35.876  1.00 42.68      GZ00 C
ATOM   5784  C   LYS X 114     -36.864 106.065 -35.628  1.00 49.83      GZ00 C
ATOM   5785  O   LYS X 114     -37.429 106.739 -36.491  1.00 52.51      GZ00 O
ATOM   5786  CB  LYS X 114     -35.082 104.485 -36.457  1.00 45.63      GZ00 C
ATOM   5787  CG  LYS X 114     -34.596 103.034 -36.553  1.00 50.09      GZ00 C
ATOM   5788  CD  LYS X 114     -33.151 102.950 -37.039  1.00 58.16      GZ00 C
ATOM   5789  CE  LYS X 114     -32.468 101.608 -36.704  1.00 40.47      GZ00 C
ATOM   5790  NZ  LYS X 114     -30.975 101.802 -36.780  1.00 37.72      GZ00 N1+
ATOM   5791  N   ALA X 115     -36.559 106.540 -34.424  1.00 48.82      GZ00 N
ATOM   5792  CA  ALA X 115     -36.951 107.875 -33.987  1.00 42.61      GZ00 C
ATOM   5793  C   ALA X 115     -35.771 108.535 -33.298  1.00 43.87      GZ00 C
ATOM   5794  O   ALA X 115     -35.255 108.014 -32.302  1.00 42.55      GZ00 O
ATOM   5795  CB  ALA X 115     -38.151 107.809 -33.040  1.00 37.00      GZ00 C
ATOM   5796  N   ALA X 116     -35.349 109.676 -33.825  1.00 42.05      GZ00 N
ATOM   5797  CA  ALA X 116     -34.281 110.428 -33.189  1.00 51.37      GZ00 C
ATOM   5798  C   ALA X 116     -34.776 111.034 -31.871  1.00 46.85      GZ00 C
ATOM   5799  O   ALA X 116     -35.976 111.217 -31.674  1.00 42.99      GZ00 O
ATOM   5800  CB  ALA X 116     -33.779 111.525 -34.121  1.00 48.36      GZ00 C
ATOM   5801  N   PRO X 117     -33.881 111.279 -30.922  1.00 47.49      GZ00 N
ATOM   5802  CA  PRO X 117     -34.320 111.846 -29.642  1.00 49.41      GZ00 C
ATOM   5803  C   PRO X 117     -34.616 113.337 -29.751  1.00 53.03      GZ00 C
ATOM   5804  O   PRO X 117     -33.903 114.088 -30.426  1.00 49.88      GZ00 O
ATOM   5805  CB  PRO X 117     -33.120 111.582 -28.721  1.00 48.21      GZ00 C
ATOM   5806  CG  PRO X 117     -31.929 111.617 -29.651  1.00 40.15      GZ00 C
ATOM   5807  CD  PRO X 117     -32.431 110.999 -30.939  1.00 47.80      GZ00 C
ATOM   5808  N   SER X 118     -35.660 113.776 -29.048  1.00 43.61      GZ00 N
ATOM   5809  CA  SER X 118     -35.846 115.206 -28.812  1.00 49.92      GZ00 C
ATOM   5810  C   SER X 118     -35.152 115.555 -27.504  1.00 43.16      GZ00 C
ATOM   5811  O   SER X 118     -35.266 114.824 -26.515  1.00 50.92      GZ00 O
ATOM   5812  CB  SER X 118     -37.325 115.608 -28.770  1.00 47.75      GZ00 C
ATOM   5813  OG  SER X 118     -37.961 115.002 -27.671  1.00 58.79      GZ00 O
ATOM   5814  N   VAL X 119     -34.377 116.627 -27.528  1.00 41.52      GZ00 N
ATOM   5815  CA  VAL X 119     -33.512 117.022 -26.426  1.00 44.89      GZ00 C
ATOM   5816  C   VAL X 119     -33.886 118.439 -26.021  1.00 52.97      GZ00 C
ATOM   5817  O   VAL X 119     -33.914 119.338 -26.869  1.00 55.14      GZ00 O
```

```
ATOM   5818  CB  VAL X 119     -32.030 116.957 -26.837  1.00 42.97      GZ00 C
ATOM   5819  CG1 VAL X 119     -31.122 117.319 -25.668  1.00 42.13      GZ00 C
ATOM   5820  CG2 VAL X 119     -31.694 115.590 -27.416  1.00 46.14      GZ00 C
ATOM   5821  N   THR X 120     -34.183 118.644 -24.741  1.00 53.84      GZ00 N
ATOM   5822  CA  THR X 120     -34.297 119.997 -24.223  1.00 52.90      GZ00 C
ATOM   5823  C   THR X 120     -33.396 120.136 -23.000  1.00 49.02      GZ00 C
ATOM   5824  O   THR X 120     -33.365 119.257 -22.135  1.00 44.38      GZ00 O
ATOM   5825  CB  THR X 120     -35.779 120.402 -23.935  1.00 46.21      GZ00 C
ATOM   5826  OG1 THR X 120     -35.982 120.611 -22.536  1.00 53.27      GZ00 O
ATOM   5827  CG2 THR X 120     -36.767 119.365 -24.468  1.00 51.58      GZ00 C
ATOM   5828  N   LEU X 121     -32.652 121.246 -22.960  1.00 49.59      GZ00 N
ATOM   5829  CA  LEU X 121     -31.580 121.506 -22.006  1.00 46.69      GZ00 C
ATOM   5830  C   LEU X 121     -31.926 122.718 -21.147  1.00 49.22      GZ00 C
ATOM   5831  O   LEU X 121     -32.183 123.802 -21.676  1.00 57.48      GZ00 O
ATOM   5832  CB  LEU X 121     -30.282 121.762 -22.756  1.00 42.85      GZ00 C
ATOM   5833  CG  LEU X 121     -28.925 121.456 -22.159  1.00 49.09      GZ00 C
ATOM   5834  CD1 LEU X 121     -27.908 122.373 -22.827  1.00 42.63      GZ00 C
ATOM   5835  CD2 LEU X 121     -28.888 121.557 -20.653  1.00 50.57      GZ00 C
ATOM   5836  N   PHE X 122     -31.952 122.534 -19.834  1.00 51.49      GZ00 N
ATOM   5837  CA  PHE X 122     -32.197 123.630 -18.917  1.00 48.21      GZ00 C
ATOM   5838  C   PHE X 122     -30.914 124.009 -18.215  1.00 52.42      GZ00 C
ATOM   5839  O   PHE X 122     -30.201 123.122 -17.727  1.00 47.78      GZ00 O
ATOM   5840  CB  PHE X 122     -33.245 123.263 -17.872  1.00 44.54      GZ00 C
ATOM   5841  CG  PHE X 122     -34.637 123.136 -18.419  1.00 55.06      GZ00 C
ATOM   5842  CD1 PHE X 122     -35.407 124.269 -18.664  1.00 49.10      GZ00 C
ATOM   5843  CD2 PHE X 122     -35.197 121.885 -18.648  1.00 51.91      GZ00 C
ATOM   5844  CE1 PHE X 122     -36.697 124.155 -19.151  1.00 52.05      GZ00 C
ATOM   5845  CE2 PHE X 122     -36.487 121.766 -19.133  1.00 44.48      GZ00 C
ATOM   5846  CZ  PHE X 122     -37.238 122.899 -19.385  1.00 49.83      GZ00 C
ATOM   5847  N   PRO X 123     -30.613 125.302 -18.116  1.00 55.21      GZ00 N
ATOM   5848  CA  PRO X 123     -29.470 125.760 -17.316  1.00 49.75      GZ00 C
ATOM   5849  C   PRO X 123     -29.834 125.768 -15.844  1.00 49.06      GZ00 C
ATOM   5850  O   PRO X 123     -31.016 125.607 -15.493  1.00 43.82      GZ00 O
ATOM   5851  CB  PRO X 123     -29.233 127.183 -17.842  1.00 55.50      GZ00 C
ATOM   5852  CG  PRO X 123     -30.612 127.648 -18.178  1.00 51.07      GZ00 C
ATOM   5853  CD  PRO X 123     -31.353 126.426 -18.710  1.00 47.80      GZ00 C
ATOM   5854  N   PRO X 124     -28.866 125.964 -14.950  1.00 48.22      GZ00 N
ATOM   5855  CA  PRO X 124     -29.212 126.031 -13.526  1.00 50.20      GZ00 C
ATOM   5856  C   PRO X 124     -30.040 127.272 -13.245  1.00 49.48      GZ00 C
ATOM   5857  O   PRO X 124     -29.819 128.331 -13.832  1.00 60.15      GZ00 O
ATOM   5858  CB  PRO X 124     -27.850 126.075 -12.822  1.00 45.39      GZ00 C
ATOM   5859  CG  PRO X 124     -26.917 126.606 -13.838  1.00 51.55      GZ00 C
ATOM   5860  CD  PRO X 124     -27.423 126.159 -15.178  1.00 47.41      GZ00 C
ATOM   5861  N   SER X 125     -31.021 127.122 -12.367  1.00 47.01      GZ00 N
ATOM   5862  CA  SER X 125     -31.863 128.243 -11.982  1.00 52.47      GZ00 C
ATOM   5863  C   SER X 125     -31.107 129.183 -11.033  1.00 58.92      GZ00 C
ATOM   5864  O   SER X 125     -30.113 128.806 -10.387  1.00 46.42      GZ00 O
ATOM   5865  CB  SER X 125     -33.156 127.749 -11.322  1.00 46.03      GZ00 C
ATOM   5866  OG  SER X 125     -32.890 127.191 -10.049  1.00 47.81      GZ00 O
ATOM   5867  N   SER X 126     -31.591 130.436 -10.966  1.00 57.48      GZ00 N
ATOM   5868  CA  SER X 126     -30.955 131.426 -10.096  1.00 51.60      GZ00 C
ATOM   5869  C   SER X 126     -31.069 131.029  -8.631  1.00 45.30      GZ00 C
ATOM   5870  O   SER X 126     -30.103 131.177  -7.870  1.00 56.73      GZ00 O
ATOM   5871  CB  SER X 126     -31.552 132.818 -10.327  1.00 46.73      GZ00 C
ATOM   5872  OG  SER X 126     -32.956 132.793 -10.192  1.00 64.48      GZ00 O
ATOM   5873  N   GLU X 127     -32.222 130.484  -8.219  1.00 49.07      GZ00 N
ATOM   5874  CA  GLU X 127     -32.347 130.017  -6.839  1.00 53.87      GZ00 C
ATOM   5875  C   GLU X 127     -31.302 128.962  -6.507  1.00 55.39      GZ00 C
ATOM   5876  O   GLU X 127     -30.761 128.948  -5.394  1.00 53.30      GZ00 O
ATOM   5877  CB  GLU X 127     -33.733 129.444  -6.558  1.00 46.74      GZ00 C
ATOM   5878  CG  GLU X 127     -34.909 130.267  -7.005  1.00 50.20      GZ00 C
ATOM   5879  CD  GLU X 127     -36.221 129.697  -6.458  1.00 67.37      GZ00 C
ATOM   5880  OE1 GLU X 127     -36.163 128.878  -5.501  1.00 58.54      GZ00 O
ATOM   5881  OE2 GLU X 127     -37.303 130.059  -6.988  1.00 72.90      GZ00 O1-
ATOM   5882  N   GLU X 128     -30.978 128.088  -7.466  1.00 52.88      GZ00 N
ATOM   5883  CA  GLU X 128     -30.012 127.035  -7.162  1.00 58.48      GZ00 C
ATOM   5884  C   GLU X 128     -28.600 127.593  -7.114  1.00 54.84      GZ00 C
ATOM   5885  O   GLU X 128     -27.778 127.141  -6.305  1.00 50.17      GZ00 O
ATOM   5886  CB  GLU X 128     -30.100 125.882  -8.171  1.00 51.98      GZ00 C
ATOM   5887  CG  GLU X 128     -29.266 124.683  -7.739  1.00 50.39      GZ00 C
ATOM   5888  CD  GLU X 128     -29.022 123.641  -8.841  1.00 56.66      GZ00 C
```

```
ATOM   5889  OE1 GLU X 128     -28.576 122.533  -8.481  1.00 51.79      GZ00 O
ATOM   5890  OE2 GLU X 128     -29.257 123.912 -10.044  1.00 50.04      GZ00 O1-
ATOM   5891  N   LEU X 129     -28.300 128.569  -7.971  1.00 51.67      GZ00 N
ATOM   5892  CA  LEU X 129     -27.020 129.247  -7.835  1.00 57.61      GZ00 C
ATOM   5893  C   LEU X 129     -26.899 129.856  -6.440  1.00 54.69      GZ00 C
ATOM   5894  O   LEU X 129     -25.876 129.685  -5.768  1.00 56.10      GZ00 O
ATOM   5895  CB  LEU X 129     -26.861 130.296  -8.938  1.00 51.14      GZ00 C
ATOM   5896  CG  LEU X 129     -26.749 129.691 -10.350  1.00 59.65      GZ00 C
ATOM   5897  CD1 LEU X 129     -26.772 130.745 -11.454  1.00 51.42      GZ00 C
ATOM   5898  CD2 LEU X 129     -25.537 128.778 -10.502  1.00 48.62      GZ00 C
ATOM   5899  N   GLN X 130     -27.979 130.476  -5.947  1.00 51.64      GZ00 N
ATOM   5900  CA  GLN X 130     -27.987 131.040  -4.600  1.00 54.55      GZ00 C
ATOM   5901  C   GLN X 130     -27.717 130.007  -3.525  1.00 57.65      GZ00 C
ATOM   5902  O   GLN X 130     -27.308 130.384  -2.425  1.00 62.14      GZ00 O
ATOM   5903  CB  GLN X 130     -29.325 131.707  -4.308  1.00 49.30      GZ00 C
ATOM   5904  CG  GLN X 130     -29.494 133.013  -5.001  1.00 55.98      GZ00 C
ATOM   5905  CD  GLN X 130     -29.020 134.140  -4.135  1.00 68.65      GZ00 C
ATOM   5906  OE1 GLN X 130     -27.848 134.527  -4.169  1.00 64.86      GZ00 O
ATOM   5907  NE2 GLN X 130     -29.925 134.657  -3.313  1.00 63.69      GZ00 N
ATOM   5908  N   ALA X 131     -27.980 128.727  -3.788  1.00 58.30      GZ00 N
ATOM   5909  CA  ALA X 131     -27.635 127.669  -2.849  1.00 53.42      GZ00 C
ATOM   5910  C   ALA X 131     -26.223 127.155  -3.057  1.00 55.16      GZ00 C
ATOM   5911  O   ALA X 131     -25.840 126.154  -2.444  1.00 55.67      GZ00 O
ATOM   5912  CB  ALA X 131     -28.629 126.517  -2.951  1.00 53.39      GZ00 C
ATOM   5913  N   ASN X 132     -25.445 127.820  -3.909  1.00 57.80      GZ00 N
ATOM   5914  CA  ASN X 132     -24.062 127.430  -4.188  1.00 65.38      GZ00 C
ATOM   5915  C   ASN X 132     -23.983 126.038  -4.819  1.00 64.86      GZ00 C
ATOM   5916  O   ASN X 132     -23.125 125.221  -4.474  1.00 58.78      GZ00 O
ATOM   5917  CB  ASN X 132     -23.198 127.502  -2.930  1.00 57.21      GZ00 C
ATOM   5918  CG  ASN X 132     -21.742 127.673  -3.259  1.00 66.70      GZ00 C
ATOM   5919  OD1 ASN X 132     -21.389 128.368  -4.221  1.00 68.31      GZ00 O
ATOM   5920  ND2 ASN X 132     -20.880 127.021  -2.485  1.00 71.71      GZ00 N
ATOM   5921  N   LYS X 133     -24.891 125.766  -5.750  1.00 63.21      GZ00 N
ATOM   5922  CA  LYS X 133     -24.866 124.558  -6.558  1.00 55.69      GZ00 C
ATOM   5923  C   LYS X 133     -25.304 124.950  -7.959  1.00 58.70      GZ00 C
ATOM   5924  O   LYS X 133     -25.800 126.057  -8.195  1.00 60.57      GZ00 O
ATOM   5925  CB  LYS X 133     -25.778 123.468  -5.978  1.00 57.74      GZ00 C
ATOM   5926  CG  LYS X 133     -25.404 122.972  -4.574  1.00 60.29      GZ00 C
ATOM   5927  CD  LYS X 133     -26.528 122.090  -3.989  1.00 77.16      GZ00 C
ATOM   5928  CE  LYS X 133     -26.295 121.712  -2.516  1.00 67.68      GZ00 C
ATOM   5929  NZ  LYS X 133     -27.578 121.494  -1.757  1.00 61.53      GZ00 N1+
ATOM   5930  N   ALA X 134     -25.128 124.033  -8.899  1.00 57.91      GZ00 N
ATOM   5931  CA  ALA X 134     -25.550 124.292 -10.273  1.00 57.46      GZ00 C
ATOM   5932  C   ALA X 134     -25.676 122.951 -10.970  1.00 58.56      GZ00 C
ATOM   5933  O   ALA X 134     -24.715 122.173 -10.980  1.00 56.94      GZ00 O
ATOM   5934  CB  ALA X 134     -24.546 125.194 -10.994  1.00 46.64      GZ00 C
ATOM   5935  N   THR X 135     -26.850 122.650 -11.519  1.00 55.26      GZ00 N
ATOM   5936  CA  THR X 135     -26.986 121.434 -12.308  1.00 47.36      GZ00 C
ATOM   5937  C   THR X 135     -27.631 121.778 -13.640  1.00 45.07      GZ00 C
ATOM   5938  O   THR X 135     -28.602 122.540 -13.693  1.00 43.66      GZ00 O
ATOM   5939  CB  THR X 135     -27.779 120.335 -11.579  1.00 46.59      GZ00 C
ATOM   5940  OG1 THR X 135     -29.174 120.523 -11.787  1.00 60.99      GZ00 O
ATOM   5941  CG2 THR X 135     -27.487 120.331 -10.088  1.00 40.51      GZ00 C
ATOM   5942  N   LEU X 136     -27.050 121.251 -14.711  1.00 43.91      GZ00 N
ATOM   5943  CA  LEU X 136     -27.635 121.315 -16.036  1.00 42.15      GZ00 C
ATOM   5944  C   LEU X 136     -28.501 120.080 -16.231  1.00 50.30      GZ00 C
ATOM   5945  O   LEU X 136     -28.140 118.976 -15.812  1.00 46.46      GZ00 O
ATOM   5946  CB  LEU X 136     -26.544 121.383 -17.101  1.00 46.62      GZ00 C
ATOM   5947  CG  LEU X 136     -25.574 122.574 -17.036  1.00 48.02      GZ00 C
ATOM   5948  CD1 LEU X 136     -24.445 122.431 -18.044  1.00 53.43      GZ00 C
ATOM   5949  CD2 LEU X 136     -26.330 123.797 -17.372  1.00 47.48      GZ00 C
ATOM   5950  N   VAL X 137     -29.654 120.270 -16.849  1.00 48.09      GZ00 N
ATOM   5951  CA  VAL X 137     -30.643 119.214 -16.962  1.00 49.70      GZ00 C
ATOM   5952  C   VAL X 137     -30.865 118.972 -18.443  1.00 47.78      GZ00 C
ATOM   5953  O   VAL X 137     -31.364 119.852 -19.156  1.00 46.56      GZ00 O
ATOM   5954  CB  VAL X 137     -31.951 119.574 -16.249  1.00 41.53      GZ00 C
ATOM   5955  CG1 VAL X 137     -32.927 118.433 -16.354  1.00 38.78      GZ00 C
ATOM   5956  CG2 VAL X 137     -31.677 119.926 -14.782  1.00 37.08      GZ00 C
ATOM   5957  N   CYS X 138     -30.480 117.787 -18.905  1.00 41.44      GZ00 N
ATOM   5958  CA  CYS X 138     -30.653 117.371 -20.292  1.00 44.75      GZ00 C
ATOM   5959  C   CYS X 138     -31.717 116.286 -20.316  1.00 42.51      GZ00 C
```

```
ATOM   5960  O   CYS X 138     -31.459 115.150 -19.904  1.00 45.75      GZ00 O
ATOM   5961  CB  CYS X 138     -29.341 116.850 -20.872  1.00 41.85      GZ00 C
ATOM   5962  SG  CYS X 138     -29.335 116.711 -22.686  1.00 48.77      GZ00 S
ATOM   5963  N   LEU X 139     -32.904 116.627 -20.803  1.00 40.25      GZ00 N
ATOM   5964  CA  LEU X 139     -33.998 115.670 -20.918  1.00 44.13      GZ00 C
ATOM   5965  C   LEU X 139     -34.091 115.164 -22.348  1.00 48.33      GZ00 C
ATOM   5966  O   LEU X 139     -34.096 115.956 -23.296  1.00 49.49      GZ00 O
ATOM   5967  CB  LEU X 139     -35.323 116.286 -20.469  1.00 40.97      GZ00 C
ATOM   5968  CG  LEU X 139     -35.163 116.830 -19.046  1.00 45.88      GZ00 C
ATOM   5969  CD1 LEU X 139     -34.991 118.304 -19.121  1.00 55.62      GZ00 C
ATOM   5970  CD2 LEU X 139     -36.336 116.513 -18.183  1.00 56.00      GZ00 C
ATOM   5971  N   ILE X 140     -34.185 113.843 -22.489  1.00 43.98      GZ00 N
ATOM   5972  CA  ILE X 140     -34.065 113.151 -23.763  1.00 39.00      GZ00 C
ATOM   5973  C   ILE X 140     -35.287 112.261 -23.897  1.00 41.08      GZ00 C
ATOM   5974  O   ILE X 140     -35.562 111.453 -23.003  1.00 45.21      GZ00 O
ATOM   5975  CB  ILE X 140     -32.776 112.314 -23.820  1.00 38.23      GZ00 C
ATOM   5976  CG1 ILE X 140     -31.593 113.141 -23.326  1.00 38.68      GZ00 C
ATOM   5977  CG2 ILE X 140     -32.517 111.813 -25.212  1.00 37.81      GZ00 C
ATOM   5978  CD1 ILE X 140     -30.465 112.309 -22.831  1.00 36.60      GZ00 C
ATOM   5979  N   SER X 141     -36.037 112.410 -24.986  1.00 38.32      GZ00 N
ATOM   5980  CA  SER X 141     -37.296 111.688 -25.062  1.00 41.71      GZ00 C
ATOM   5981  C   SER X 141     -37.616 111.305 -26.496  1.00 42.47      GZ00 C
ATOM   5982  O   SER X 141     -37.050 111.841 -27.451  1.00 41.57      GZ00 O
ATOM   5983  CB  SER X 141     -38.442 112.523 -24.495  1.00 41.65      GZ00 C
ATOM   5984  OG  SER X 141     -38.508 113.735 -25.214  1.00 44.00      GZ00 O
ATOM   5985  N   ASP X 142     -38.557 110.367 -26.620  1.00 46.32      GZ00 N
ATOM   5986  CA  ASP X 142     -39.150 109.987 -27.901  1.00 48.85      GZ00 C
ATOM   5987  C   ASP X 142     -38.129 109.382 -28.860  1.00 51.47      GZ00 C
ATOM   5988  O   ASP X 142     -38.175 109.623 -30.072  1.00 44.48      GZ00 O
ATOM   5989  CB  ASP X 142     -39.846 111.179 -28.546  1.00 47.17      GZ00 C
ATOM   5990  CG  ASP X 142     -41.165 111.502 -27.888  1.00 60.06      GZ00 C
ATOM   5991  OD1 ASP X 142     -41.856 110.559 -27.429  1.00 53.08      GZ00 O
ATOM   5992  OD2 ASP X 142     -41.509 112.706 -27.833  1.00 72.08      GZ00 O1-
ATOM   5993  N   PHE X 143     -37.183 108.607 -28.329  1.00 42.34      GZ00 N
ATOM   5994  CA  PHE X 143     -36.209 107.975 -29.202  1.00 50.27      GZ00 C
ATOM   5995  C   PHE X 143     -36.431 106.471 -29.275  1.00 46.86      GZ00 C
ATOM   5996  O   PHE X 143     -36.969 105.852 -28.352  1.00 43.04      GZ00 O
ATOM   5997  CB  PHE X 143     -34.773 108.296 -28.793  1.00 38.71      GZ00 C
ATOM   5998  CG  PHE X 143     -34.426 107.944 -27.388  1.00 40.75      GZ00 C
ATOM   5999  CD1 PHE X 143     -33.898 106.698 -27.084  1.00 36.49      GZ00 C
ATOM   6000  CD2 PHE X 143     -34.537 108.889 -26.377  1.00 38.84      GZ00 C
ATOM   6001  CE1 PHE X 143     -33.510 106.389 -25.788  1.00 41.99      GZ00 C
ATOM   6002  CE2 PHE X 143     -34.161 108.588 -25.078  1.00 39.59      GZ00 C
ATOM   6003  CZ  PHE X 143     -33.645 107.330 -24.777  1.00 38.14      GZ00 C
ATOM   6004  N   TYR X 144     -36.071 105.909 -30.422  1.00 41.60      GZ00 N
ATOM   6005  CA  TYR X 144     -36.247 104.485 -30.675  1.00 40.98      GZ00 C
ATOM   6006  C   TYR X 144     -35.290 104.053 -31.769  1.00 46.46      GZ00 C
ATOM   6007  O   TYR X 144     -35.237 104.680 -32.843  1.00 42.13      GZ00 O
ATOM   6008  CB  TYR X 144     -37.685 104.146 -31.067  1.00 43.87      GZ00 C
ATOM   6009  CG  TYR X 144     -37.912 102.658 -31.265  1.00 41.93      GZ00 C
ATOM   6010  CD1 TYR X 144     -38.183 101.821 -30.184  1.00 44.51      GZ00 C
ATOM   6011  CD2 TYR X 144     -37.838 102.090 -32.527  1.00 35.71      GZ00 C
ATOM   6012  CE1 TYR X 144     -38.379 100.445 -30.358  1.00 40.63      GZ00 C
ATOM   6013  CE2 TYR X 144     -38.050 100.733 -32.717  1.00 40.34      GZ00 C
ATOM   6014  CZ  TYR X 144     -38.309  99.912 -31.631  1.00 41.12      GZ00 C
ATOM   6015  OH  TYR X 144     -38.511  98.567 -31.831  1.00 40.40      GZ00 O
ATOM   6016  N   PRO X 145     -34.530 102.974 -31.511  1.00 40.55      GZ00 N
ATOM   6017  CA  PRO X 145     -34.563 102.164 -30.284  1.00 43.72      GZ00 C
ATOM   6018  C   PRO X 145     -33.998 102.849 -29.028  1.00 43.96      GZ00 C
ATOM   6019  O   PRO X 145     -33.489 103.965 -29.115  1.00 40.33      GZ00 O
ATOM   6020  CB  PRO X 145     -33.699 100.937 -30.644  1.00 43.12      GZ00 C
ATOM   6021  CG  PRO X 145     -32.956 101.292 -31.849  1.00 42.92      GZ00 C
ATOM   6022  CD  PRO X 145     -33.714 102.356 -32.570  1.00 40.02      GZ00 C
ATOM   6023  N   GLY X 146     -34.102 102.165 -27.884  1.00 38.67      GZ00 N
ATOM   6024  CA  GLY X 146     -33.811 102.737 -26.584  1.00 36.90      GZ00 C
ATOM   6025  C   GLY X 146     -32.366 102.660 -26.134  1.00 38.27      GZ00 C
ATOM   6026  O   GLY X 146     -32.068 102.118 -25.070  1.00 42.45      GZ00 O
ATOM   6027  N   ALA X 147     -31.462 103.201 -26.930  1.00 33.88      GZ00 N
ATOM   6028  CA  ALA X 147     -30.063 103.278 -26.560  1.00 36.10      GZ00 C
ATOM   6029  C   ALA X 147     -29.541 104.597 -27.083  1.00 33.68      GZ00 C
ATOM   6030  O   ALA X 147     -29.858 105.007 -28.203  1.00 39.90      GZ00 O
```

```
ATOM   6031  CB  ALA X 147     -29.225 102.121 -27.118  1.00 29.64      GZ00 C
ATOM   6032  N   VAL X 148     -28.712 105.231 -26.263  1.00 33.29      GZ00 N
ATOM   6033  CA  VAL X 148     -28.309 106.608 -26.467  1.00 34.38      GZ00 C
ATOM   6034  C   VAL X 148     -27.005 106.806 -25.702  1.00 44.52      GZ00 C
ATOM   6035  O   VAL X 148     -26.787 106.191 -24.652  1.00 39.89      GZ00 O
ATOM   6036  CB  VAL X 148     -29.464 107.518 -25.970  1.00 40.00      GZ00 C
ATOM   6037  CG1 VAL X 148     -28.993 108.560 -25.020  1.00 41.53      GZ00 C
ATOM   6038  CG2 VAL X 148     -30.271 108.073 -27.138  1.00 35.87      GZ00 C
ATOM   6039  N   THR X 149     -26.133 107.663 -26.213  1.00 36.77      GZ00 N
ATOM   6040  CA  THR X 149     -24.987 108.051 -25.409  1.00 38.57      GZ00 C
ATOM   6041  C   THR X 149     -24.960 109.563 -25.294  1.00 44.30      GZ00 C
ATOM   6042  O   THR X 149     -25.353 110.287 -26.217  1.00 42.08      GZ00 O
ATOM   6043  CB  THR X 149     -23.650 107.565 -25.975  1.00 48.56      GZ00 C
ATOM   6044  OG1 THR X 149     -23.455 108.130 -27.276  1.00 56.60      GZ00 O
ATOM   6045  CG2 THR X 149     -23.624 106.035 -26.054  1.00 37.17      GZ00 C
ATOM   6046  N   VAL X 150     -24.503 110.036 -24.146  1.00 43.54      GZ00 N
ATOM   6047  CA  VAL X 150     -24.564 111.452 -23.836  1.00 47.15      GZ00 C
ATOM   6048  C   VAL X 150     -23.160 111.946 -23.536  1.00 46.29      GZ00 C
ATOM   6049  O   VAL X 150     -22.484 111.422 -22.642  1.00 44.10      GZ00 O
ATOM   6050  CB  VAL X 150     -25.519 111.726 -22.663  1.00 42.61      GZ00 C
ATOM   6051  CG1 VAL X 150     -25.584 113.212 -22.388  1.00 45.14      GZ00 C
ATOM   6052  CG2 VAL X 150     -26.919 111.152 -22.975  1.00 37.35      GZ00 C
ATOM   6053  N   ALA X 151     -22.741 112.977 -24.260  1.00 43.99      GZ00 N
ATOM   6054  CA  ALA X 151     -21.484 113.665 -24.002  1.00 55.42      GZ00 C
ATOM   6055  C   ALA X 151     -21.769 115.133 -23.706  1.00 56.11      GZ00 C
ATOM   6056  O   ALA X 151     -22.614 115.758 -24.361  1.00 51.73      GZ00 O
ATOM   6057  CB  ALA X 151     -20.528 113.545 -25.190  1.00 47.91      GZ00 C
ATOM   6058  N   TRP X 152     -21.091 115.665 -22.693  1.00 48.76      GZ00 N
ATOM   6059  CA  TRP X 152     -21.207 117.064 -22.312  1.00 52.98      GZ00 C
ATOM   6060  C   TRP X 152     -19.957 117.821 -22.742  1.00 62.60      GZ00 C
ATOM   6061  O   TRP X 152     -18.840 117.307 -22.638  1.00 63.13      GZ00 O
ATOM   6062  CB  TRP X 152     -21.402 117.202 -20.798  1.00 54.47      GZ00 C
ATOM   6063  CG  TRP X 152     -22.732 116.706 -20.310  1.00 55.93      GZ00 C
ATOM   6064  CD1 TRP X 152     -23.070 115.415 -20.021  1.00 50.45      GZ00 C
ATOM   6065  CD2 TRP X 152     -23.908 117.493 -20.059  1.00 54.33      GZ00 C
ATOM   6066  NE1 TRP X 152     -24.380 115.350 -19.603  1.00 45.37      GZ00 N
ATOM   6067  CE2 TRP X 152     -24.919 116.608 -19.624  1.00 49.73      GZ00 C
ATOM   6068  CE3 TRP X 152     -24.205 118.856 -20.162  1.00 49.64      GZ00 C
ATOM   6069  CZ2 TRP X 152     -26.201 117.046 -19.286  1.00 49.17      GZ00 C
ATOM   6070  CZ3 TRP X 152     -25.488 119.290 -19.834  1.00 47.92      GZ00 C
ATOM   6071  CH2 TRP X 152     -26.464 118.390 -19.400  1.00 49.61      GZ00 C
ATOM   6072  N   LYS X 153     -20.141 119.053 -23.204  1.00 65.10      GZ00 N
ATOM   6073  CA  LYS X 153     -19.019 119.883 -23.602  1.00 62.17      GZ00 C
ATOM   6074  C   LYS X 153     -19.122 121.266 -22.971  1.00 70.98      GZ00 C
ATOM   6075  O   LYS X 153     -20.213 121.849 -22.883  1.00 60.73      GZ00 O
ATOM   6076  CB  LYS X 153     -18.918 119.968 -25.133  1.00 62.97      GZ00 C
ATOM   6077  CG  LYS X 153     -18.343 118.679 -25.728  1.00 71.97      GZ00 C
ATOM   6078  CD  LYS X 153     -18.093 118.773 -27.212  1.00 76.62      GZ00 C
ATOM   6079  CE  LYS X 153     -17.488 117.483 -27.757  1.00 78.74      GZ00 C
ATOM   6080  NZ  LYS X 153     -17.470 117.510 -29.257  1.00 82.65      GZ00 N1+
ATOM   6081  N   ALA X 154     -17.966 121.767 -22.517  1.00 68.61      GZ00 N
ATOM   6082  CA  ALA X 154     -17.783 123.138 -22.053  1.00 70.61      GZ00 C
ATOM   6083  C   ALA X 154     -16.988 123.883 -23.122  1.00 76.84      GZ00 C
ATOM   6084  O   ALA X 154     -15.785 123.645 -23.282  1.00 70.93      GZ00 O
ATOM   6085  CB  ALA X 154     -17.057 123.158 -20.709  1.00 58.77      GZ00 C
ATOM   6086  N   ASP X 155     -17.672 124.765 -23.853  1.00 75.44      GZ00 N
ATOM   6087  CA  ASP X 155     -17.137 125.491 -25.013  1.00 86.60      GZ00 C
ATOM   6088  C   ASP X 155     -16.167 124.618 -25.821  1.00 88.28      GZ00 C
ATOM   6089  O   ASP X 155     -14.980 124.919 -25.980  1.00 92.56      GZ00 O
ATOM   6090  CB  ASP X 155     -16.529 126.864 -24.643  1.00 93.75      GZ00 C
ATOM   6091  CG  ASP X 155     -15.592 126.838 -23.429  1.00 92.88      GZ00 C
ATOM   6092  OD2 ASP X 155     -15.842 127.652 -22.504  1.00 84.61      GZ00 O1-
ATOM   6093  OD1 ASP X 155     -14.599 126.064 -23.414  1.00 88.83      GZ00 O
ATOM   6094  N   SER X 156     -16.707 123.493 -26.297  1.00 79.32      GZ00 N
ATOM   6095  CA  SER X 156     -16.051 122.520 -27.174  1.00 78.60      GZ00 C
ATOM   6096  C   SER X 156     -14.971 121.688 -26.498  1.00 74.64      GZ00 C
ATOM   6097  O   SER X 156     -14.249 120.963 -27.189  1.00 84.36      GZ00 O
ATOM   6098  CB  SER X 156     -15.436 123.186 -28.416  1.00 73.87      GZ00 C
ATOM   6099  OG  SER X 156     -16.405 123.895 -29.165  1.00 81.66      GZ00 O
ATOM   6100  N   SER X 157     -14.854 121.728 -25.183  1.00 69.01      GZ00 N
ATOM   6101  CA  SER X 157     -13.979 120.769 -24.541  1.00 69.77      GZ00 C
```

```
ATOM   6102  C   SER X 157     -14.813 119.693 -23.873  1.00 80.18      GZ00 C
ATOM   6103  O   SER X 157     -15.795 120.013 -23.189  1.00 78.55      GZ00 O
ATOM   6104  CB  SER X 157     -13.084 121.447 -23.505  1.00 71.70      GZ00 C
ATOM   6105  OG  SER X 157     -12.182 122.329 -24.136  1.00 83.37      GZ00 O
ATOM   6106  N   PRO X 158     -14.476 118.419 -24.062  1.00 82.78      GZ00 N
ATOM   6107  CA  PRO X 158     -15.228 117.349 -23.395  1.00 76.46      GZ00 C
ATOM   6108  C   PRO X 158     -15.217 117.510 -21.881  1.00 71.70      GZ00 C
ATOM   6109  O   PRO X 158     -14.185 117.812 -21.277  1.00 72.61      GZ00 O
ATOM   6110  CB  PRO X 158     -14.501 116.072 -23.839  1.00 73.01      GZ00 C
ATOM   6111  CG  PRO X 158     -13.220 116.534 -24.487  1.00 79.70      GZ00 C
ATOM   6112  CD  PRO X 158     -13.513 117.891 -25.037  1.00 80.30      GZ00 C
ATOM   6113  N   VAL X 159     -16.375 117.266 -21.266  1.00 66.35      GZ00 N
ATOM   6114  CA  VAL X 159     -16.548 117.386 -19.823  1.00 62.00      GZ00 C
ATOM   6115  C   VAL X 159     -16.401 116.006 -19.204  1.00 69.04      GZ00 C
ATOM   6116  O   VAL X 159     -17.189 115.099 -19.491  1.00 77.71      GZ00 O
ATOM   6117  CB  VAL X 159     -17.910 117.997 -19.467  1.00 64.97      GZ00 C
ATOM   6118  CG1 VAL X 159     -18.084 118.013 -17.959  1.00 62.71      GZ00 C
ATOM   6119  CG2 VAL X 159     -18.059 119.400 -20.075  1.00 59.52      GZ00 C
ATOM   6120  N   LYS X 160     -15.413 115.857 -18.328  1.00 74.85      GZ00 N
ATOM   6121  CA  LYS X 160     -14.967 114.550 -17.867  1.00 79.58      GZ00 C
ATOM   6122  C   LYS X 160     -15.580 114.124 -16.535  1.00 75.16      GZ00 C
ATOM   6123  O   LYS X 160     -15.412 112.964 -16.143  1.00 82.11      GZ00 O
ATOM   6124  CB  LYS X 160     -13.429 114.543 -17.758  1.00 85.50      GZ00 C
ATOM   6125  CG  LYS X 160     -12.723 113.330 -18.377  1.00 89.99      GZ00 C
ATOM   6126  CD  LYS X 160     -12.558 113.438 -19.900  1.00 91.72      GZ00 C
ATOM   6127  CE  LYS X 160     -11.807 112.217 -20.463  1.00101.89      GZ00 C
ATOM   6128  NZ  LYS X 160     -11.786 112.147 -21.960  1.00 92.33      GZ00 N1+
ATOM   6129  N   ALA X 161     -16.284 115.011 -15.833  1.00 64.13      GZ00 N
ATOM   6130  CA  ALA X 161     -16.778 114.677 -14.503  1.00 64.11      GZ00 C
ATOM   6131  C   ALA X 161     -18.053 115.454 -14.206  1.00 60.81      GZ00 C
ATOM   6132  O   ALA X 161     -18.346 116.472 -14.836  1.00 59.19      GZ00 O
ATOM   6133  CB  ALA X 161     -15.728 114.953 -13.424  1.00 61.76      GZ00 C
ATOM   6134  N   GLY X 162     -18.809 114.954 -13.231  1.00 53.42      GZ00 N
ATOM   6135  CA  GLY X 162     -20.048 115.575 -12.823  1.00 55.17      GZ00 C
ATOM   6136  C   GLY X 162     -21.273 115.133 -13.595  1.00 59.06      GZ00 C
ATOM   6137  O   GLY X 162     -22.353 115.706 -13.396  1.00 55.42      GZ00 O
ATOM   6138  N   VAL X 163     -21.147 114.128 -14.458  1.00 52.82      GZ00 N
ATOM   6139  CA  VAL X 163     -22.234 113.680 -15.316  1.00 48.37      GZ00 C
ATOM   6140  C   VAL X 163     -22.874 112.455 -14.689  1.00 49.71      GZ00 C
ATOM   6141  O   VAL X 163     -22.179 111.511 -14.296  1.00 50.43      GZ00 O
ATOM   6142  CB  VAL X 163     -21.738 113.364 -16.737  1.00 45.16      GZ00 C
ATOM   6143  CG1 VAL X 163     -22.863 112.761 -17.564  1.00 41.69      GZ00 C
ATOM   6144  CG2 VAL X 163     -21.220 114.622 -17.401  1.00 46.72      GZ00 C
ATOM   6145  N   GLU X 164     -24.197 112.468 -14.599  1.00 47.13      GZ00 N
ATOM   6146  CA  GLU X 164     -24.964 111.300 -14.201  1.00 53.09      GZ00 C
ATOM   6147  C   GLU X 164     -26.115 111.140 -15.178  1.00 46.61      GZ00 C
ATOM   6148  O   GLU X 164     -26.815 112.113 -15.471  1.00 51.75      GZ00 O
ATOM   6149  CB  GLU X 164     -25.447 111.448 -12.757  1.00 51.29      GZ00 C
ATOM   6150  CG  GLU X 164     -24.369 110.989 -11.771  1.00 66.35      GZ00 C
ATOM   6151  CD  GLU X 164     -24.588 111.481 -10.349  1.00 80.34      GZ00 C
ATOM   6152  OE1 GLU X 164     -25.618 112.153 -10.090  1.00 84.11      GZ00 O
ATOM   6153  OE2 GLU X 164     -23.723 111.189  -9.486  1.00 74.82      GZ00 O1-
ATOM   6154  N   THR X 165     -26.291 109.923 -15.699  1.00 44.17      GZ00 N
ATOM   6155  CA  THR X 165     -27.216 109.646 -16.791  1.00 41.22      GZ00 C
ATOM   6156  C   THR X 165     -28.051 108.419 -16.450  1.00 43.11      GZ00 C
ATOM   6157  O   THR X 165     -27.536 107.449 -15.891  1.00 46.87      GZ00 O
ATOM   6158  CB  THR X 165     -26.455 109.433 -18.098  1.00 41.49      GZ00 C
ATOM   6159  OG1 THR X 165     -25.742 110.625 -18.421  1.00 41.60      GZ00 O
ATOM   6160  CG2 THR X 165     -27.397 109.091 -19.242  1.00 40.37      GZ00 C
ATOM   6161  N   THR X 166     -29.352 108.492 -16.715  1.00 45.39      GZ00 N
ATOM   6162  CA  THR X 166     -30.228 107.356 -16.466  1.00 48.92      GZ00 C
ATOM   6163  C   THR X 166     -30.165 106.353 -17.611  1.00 43.82      GZ00 C
ATOM   6164  O   THR X 166     -29.861 106.689 -18.756  1.00 48.48      GZ00 O
ATOM   6165  CB  THR X 166     -31.684 107.786 -16.285  1.00 42.46      GZ00 C
ATOM   6166  OG1 THR X 166     -32.133 108.501 -17.446  1.00 42.85      GZ00 O
ATOM   6167  CG2 THR X 166     -31.833 108.639 -15.075  1.00 49.93      GZ00 C
ATOM   6168  N   VAL X 167     -30.481 105.109 -17.287  1.00 43.83      GZ00 N
ATOM   6169  CA  VAL X 167     -30.761 104.109 -18.306  1.00 47.99      GZ00 C
ATOM   6170  C   VAL X 167     -32.044 104.535 -19.004  1.00 43.14      GZ00 C
ATOM   6171  O   VAL X 167     -32.921 105.146 -18.381  1.00 51.16      GZ00 O
ATOM   6172  CB  VAL X 167     -30.905 102.716 -17.689  1.00 47.80      GZ00 C
```

```
ATOM   6173  CG1 VAL X 167     -29.736 102.444 -16.786  1.00 37.96      GZ00 C
ATOM   6174  CG2 VAL X 167     -32.215 102.646 -16.913  1.00 51.34      GZ00 C
ATOM   6175  N   PRO X 168     -32.201 104.266 -20.280  1.00 44.56      GZ00 N
ATOM   6176  CA  PRO X 168     -33.464 104.616 -20.934  1.00 41.00      GZ00 C
ATOM   6177  C   PRO X 168     -34.607 103.782 -20.385  1.00 47.02      GZ00 C
ATOM   6178  O   PRO X 168     -34.429 102.648 -19.941  1.00 49.69      GZ00 O
ATOM   6179  CB  PRO X 168     -33.202 104.334 -22.419  1.00 43.99      GZ00 C
ATOM   6180  CG  PRO X 168     -31.908 103.574 -22.452  1.00 46.78      GZ00 C
ATOM   6181  CD  PRO X 168     -31.141 103.904 -21.227  1.00 39.42      GZ00 C
ATOM   6182  N   SER X 169     -35.784 104.384 -20.368  1.00 47.67      GZ00 N
ATOM   6183  CA  SER X 169     -36.987 103.723 -19.907  1.00 50.31      GZ00 C
ATOM   6184  C   SER X 169     -38.095 103.966 -20.920  1.00 49.36      GZ00 C
ATOM   6185  O   SER X 169     -38.168 105.022 -21.563  1.00 43.92      GZ00 O
ATOM   6186  CB  SER X 169     -37.417 104.225 -18.517  1.00 43.96      GZ00 C
ATOM   6187  OG  SER X 169     -37.708 105.604 -18.594  1.00 55.02      GZ00 O
ATOM   6188  N   LYS X 170     -38.955 102.967 -21.057  1.00 52.10      GZ00 N
ATOM   6189  CA  LYS X 170     -39.974 102.986 -22.090  1.00 53.24      GZ00 C
ATOM   6190  C   LYS X 170     -41.088 103.939 -21.683  1.00 52.61      GZ00 C
ATOM   6191  O   LYS X 170     -41.529 103.938 -20.531  1.00 55.96      GZ00 O
ATOM   6192  CB  LYS X 170     -40.491 101.563 -22.339  1.00 57.92      GZ00 C
ATOM   6193  CG  LYS X 170     -41.220 101.352 -23.678  1.00 61.39      GZ00 C
ATOM   6194  CD  LYS X 170     -41.730  99.902 -23.841  1.00 60.71      GZ00 C
ATOM   6195  CE  LYS X 170     -40.545  98.928 -24.020  1.00 68.36      GZ00 C
ATOM   6196  NZ  LYS X 170     -40.911  97.510 -24.330  1.00 76.29      GZ00 N1+
ATOM   6197  N   GLN X 171     -41.485 104.794 -22.619  1.00 49.96      GZ00 N
ATOM   6198  CA  GLN X 171     -42.633 105.668 -22.499  1.00 48.46      GZ00 C
ATOM   6199  C   GLN X 171     -43.897 104.888 -22.851  1.00 55.64      GZ00 C
ATOM   6200  O   GLN X 171     -43.843 103.749 -23.324  1.00 58.51      GZ00 O
ATOM   6201  CB  GLN X 171     -42.474 106.880 -23.422  1.00 47.95      GZ00 C
ATOM   6202  CG  GLN X 171     -41.214 107.699 -23.166  1.00 44.29      GZ00 C
ATOM   6203  CD  GLN X 171     -40.919 108.737 -24.253  1.00 49.84      GZ00 C
ATOM   6204  OE1 GLN X 171     -40.035 109.590 -24.090  1.00 47.77      GZ00 O
ATOM   6205  NE2 GLN X 171     -41.651 108.667 -25.365  1.00 49.40      GZ00 N
ATOM   6206  N   SER X 172     -45.052 105.506 -22.605  1.00 61.57      GZ00 N
ATOM   6207  CA  SER X 172     -46.313 104.841 -22.927  1.00 67.22      GZ00 C
ATOM   6208  C   SER X 172     -46.410 104.535 -24.419  1.00 65.89      GZ00 C
ATOM   6209  O   SER X 172     -46.922 103.477 -24.808  1.00 65.81      GZ00 O
ATOM   6210  CB  SER X 172     -47.491 105.696 -22.460  1.00 55.65      GZ00 C
ATOM   6211  OG  SER X 172     -47.391 106.989 -23.016  1.00 65.82      GZ00 O
ATOM   6212  N   ASN X 173     -45.891 105.434 -25.268  1.00 64.43      GZ00 N
ATOM   6213  CA  ASN X 173     -45.898 105.274 -26.722  1.00 55.79      GZ00 C
ATOM   6214  C   ASN X 173     -44.815 104.319 -27.236  1.00 60.52      GZ00 C
ATOM   6215  O   ASN X 173     -44.548 104.300 -28.446  1.00 58.94      GZ00 O
ATOM   6216  CB  ASN X 173     -45.762 106.634 -27.419  1.00 56.26      GZ00 C
ATOM   6217  CG  ASN X 173     -44.404 107.291 -27.198  1.00 62.34      GZ00 C
ATOM   6218  OD1 ASN X 173     -43.536 106.762 -26.496  1.00 55.11      GZ00 O
ATOM   6219  ND2 ASN X 173     -44.207 108.450 -27.834  1.00 61.15      GZ00 N
ATOM   6220  N   ASN X 174     -44.162 103.573 -26.348  1.00 57.78      GZ00 N
ATOM   6221  CA  ASN X 174     -43.139 102.573 -26.649  1.00 62.92      GZ00 C
ATOM   6222  C   ASN X 174     -41.849 103.159 -27.207  1.00 62.49      GZ00 C
ATOM   6223  O   ASN X 174     -40.923 102.390 -27.512  1.00 56.92      GZ00 O
ATOM   6224  CB  ASN X 174     -43.647 101.485 -27.598  1.00 64.96      GZ00 C
ATOM   6225  CG  ASN X 174     -44.491 100.463 -26.877  1.00 72.73      GZ00 C
ATOM   6226  OD1 ASN X 174     -44.329 100.265 -25.673  1.00 66.54      GZ00 O
ATOM   6227  ND2 ASN X 174     -45.394  99.809 -27.599  1.00 78.95      GZ00 N
ATOM   6228  N   LYS X 175     -41.738 104.481 -27.328  1.00 58.39      GZ00 N
ATOM   6229  CA  LYS X 175     -40.429 105.092 -27.468  1.00 52.42      GZ00 C
ATOM   6230  C   LYS X 175     -39.796 105.219 -26.086  1.00 49.60      GZ00 C
ATOM   6231  O   LYS X 175     -40.366 104.789 -25.077  1.00 48.97      GZ00 O
ATOM   6232  CB  LYS X 175     -40.537 106.429 -28.183  1.00 49.13      GZ00 C
ATOM   6233  CG  LYS X 175     -41.199 106.317 -29.545  1.00 48.64      GZ00 C
ATOM   6234  CD  LYS X 175     -41.226 107.678 -30.217  1.00 55.03      GZ00 C
ATOM   6235  CE  LYS X 175     -42.052 107.683 -31.482  1.00 50.14      GZ00 C
ATOM   6236  NZ  LYS X 175     -41.863 108.996 -32.147  1.00 65.58      GZ00 N
ATOM   6237  N   TYR X 176     -38.595 105.789 -26.028  1.00 45.23      GZ00 N
ATOM   6238  CA  TYR X 176     -37.810 105.757 -24.803  1.00 46.64      GZ00 C
ATOM   6239  C   TYR X 176     -37.405 107.159 -24.375  1.00 46.24      GZ00 C
ATOM   6240  O   TYR X 176     -37.332 108.091 -25.185  1.00 42.79      GZ00 O
ATOM   6241  CB  TYR X 176     -36.559 104.893 -24.956  1.00 40.24      GZ00 C
ATOM   6242  CG  TYR X 176     -36.865 103.419 -25.082  1.00 46.22      GZ00 C
ATOM   6243  CD1 TYR X 176     -37.356 102.882 -26.276  1.00 40.78      GZ00 C
```

```
ATOM   6244  CD2 TYR X 176     -36.683 102.567 -24.006  1.00 47.03      GZ00 C
ATOM   6245  CE1 TYR X 176     -37.628 101.537 -26.389  1.00 43.89      GZ00 C
ATOM   6246  CE2 TYR X 176     -36.965 101.215 -24.107  1.00 51.38      GZ00 C
ATOM   6247  CZ  TYR X 176     -37.439 100.706 -25.294  1.00 52.19      GZ00 C
ATOM   6248  OH  TYR X 176     -37.713  99.359 -25.380  1.00 57.66      GZ00 O
ATOM   6249  N   ALA X 177     -37.152 107.290 -23.072  1.00 42.19      GZ00 N
ATOM   6250  CA  ALA X 177     -36.737 108.543 -22.464  1.00 42.58      GZ00 C
ATOM   6251  C   ALA X 177     -35.553 108.309 -21.543  1.00 39.64      GZ00 C
ATOM   6252  O   ALA X 177     -35.393 107.231 -20.966  1.00 43.45      GZ00 O
ATOM   6253  CB  ALA X 177     -37.873 109.197 -21.673  1.00 36.73      GZ00 C
ATOM   6254  N   ALA X 178     -34.735 109.339 -21.397  1.00 35.05      GZ00 N
ATOM   6255  CA  ALA X 178     -33.635 109.306 -20.451  1.00 41.99      GZ00 C
ATOM   6256  C   ALA X 178     -33.310 110.743 -20.087  1.00 37.98      GZ00 C
ATOM   6257  O   ALA X 178     -33.750 111.681 -20.751  1.00 42.02      GZ00 O
ATOM   6258  CB  ALA X 178     -32.406 108.580 -21.021  1.00 32.61      GZ00 C
ATOM   6259  N   SER X 179     -32.574 110.910 -18.999  1.00 43.75      GZ00 N
ATOM   6260  CA  SER X 179     -32.093 112.230 -18.639  1.00 42.28      GZ00 C
ATOM   6261  C   SER X 179     -30.654 112.109 -18.170  1.00 40.65      GZ00 C
ATOM   6262  O   SER X 179     -30.220 111.051 -17.713  1.00 48.12      GZ00 O
ATOM   6263  CB  SER X 179     -32.956 112.897 -17.572  1.00 35.06      GZ00 C
ATOM   6264  OG  SER X 179     -33.250 112.013 -16.525  1.00 37.63      GZ00 O
ATOM   6265  N   SER X 180     -29.921 113.202 -18.326  1.00 41.05      GZ00 N
ATOM   6266  CA  SER X 180     -28.523 113.321 -17.950  1.00 41.22      GZ00 C
ATOM   6267  C   SER X 180     -28.336 114.625 -17.185  1.00 47.40      GZ00 C
ATOM   6268  O   SER X 180     -28.846 115.667 -17.606  1.00 38.98      GZ00 O
ATOM   6269  CB  SER X 180     -27.628 113.305 -19.187  1.00 42.77      GZ00 C
ATOM   6270  OG  SER X 180     -26.270 113.291 -18.824  1.00 40.90      GZ00 O
ATOM   6271  N   TYR X 181     -27.616 114.556 -16.062  1.00 49.96      GZ00 N
ATOM   6272  CA  TYR X 181     -27.366 115.685 -15.179  1.00 43.04      GZ00 C
ATOM   6273  C   TYR X 181     -25.872 115.961 -15.084  1.00 48.60      GZ00 C
ATOM   6274  O   TYR X 181     -25.089 115.054 -14.778  1.00 50.29      GZ00 O
ATOM   6275  CB  TYR X 181     -27.922 115.419 -13.778  1.00 32.89      GZ00 C
ATOM   6276  CG  TYR X 181     -29.417 115.274 -13.722  1.00 40.29      GZ00 C
ATOM   6277  CD2 TYR X 181     -30.224 116.358 -13.413  1.00 36.67      GZ00 C
ATOM   6278  CD1 TYR X 181     -30.030 114.053 -13.999  1.00 41.31      GZ00 C
ATOM   6279  CE2 TYR X 181     -31.614 116.238 -13.366  1.00 40.95      GZ00 C
ATOM   6280  CE1 TYR X 181     -31.402 113.909 -13.951  1.00 38.36      GZ00 C
ATOM   6281  CZ  TYR X 181     -32.195 115.000 -13.636  1.00 46.60      GZ00 C
ATOM   6282  OH  TYR X 181     -33.561 114.845 -13.591  1.00 40.50      GZ00 O
ATOM   6283  N   LEU X 182     -25.488 117.220 -15.298  1.00 46.12      GZ00 N
ATOM   6284  CA  LEU X 182     -24.119 117.692 -15.092  1.00 47.69      GZ00 C
ATOM   6285  C   LEU X 182     -24.094 118.629 -13.889  1.00 50.67      GZ00 C
ATOM   6286  O   LEU X 182     -24.748 119.679 -13.906  1.00 45.67      GZ00 O
ATOM   6287  CB  LEU X 182     -23.582 118.410 -16.332  1.00 50.05      GZ00 C
ATOM   6288  CG  LEU X 182     -22.207 119.070 -16.145  1.00 51.24      GZ00 C
ATOM   6289  CD1 LEU X 182     -21.143 118.063 -15.726  1.00 46.82      GZ00 C
ATOM   6290  CD2 LEU X 182     -21.779 119.815 -17.399  1.00 48.62      GZ00 C
ATOM   6291  N   SER X 183     -23.382 118.231 -12.839  1.00 44.73      GZ00 N
ATOM   6292  CA  SER X 183     -23.218 119.066 -11.658  1.00 53.81      GZ00 C
ATOM   6293  C   SER X 183     -21.967 119.928 -11.797  1.00 58.46      GZ00 C
ATOM   6294  O   SER X 183     -20.896 119.430 -12.152  1.00 65.34      GZ00 O
ATOM   6295  CB  SER X 183     -23.124 118.218 -10.393  1.00 46.16      GZ00 C
ATOM   6296  OG  SER X 183     -24.237 117.370 -10.277  1.00 53.51      GZ00 O
ATOM   6297  N   LEU X 184     -22.104 121.208 -11.480  1.00 52.70      GZ00 N
ATOM   6298  CA  LEU X 184     -21.025 122.174 -11.566  1.00 59.11      GZ00 C
ATOM   6299  C   LEU X 184     -21.049 123.030 -10.308  1.00 62.24      GZ00 C
ATOM   6300  O   LEU X 184     -22.011 123.007  -9.537  1.00 61.48      GZ00 O
ATOM   6301  CB  LEU X 184     -21.178 123.079 -12.796  1.00 57.83      GZ00 C
ATOM   6302  CG  LEU X 184     -21.196 122.468 -14.189  1.00 57.44      GZ00 C
ATOM   6303  CD1 LEU X 184     -21.426 123.563 -15.208  1.00 52.24      GZ00 C
ATOM   6304  CD2 LEU X 184     -19.901 121.740 -14.475  1.00 62.82      GZ00 C
ATOM   6305  N   THR X 185     -19.978 123.805 -10.106  1.00 64.47      GZ00 N
ATOM   6306  CA  THR X 185     -20.070 124.923  -9.176  1.00 60.49      GZ00 C
ATOM   6307  C   THR X 185     -20.580 126.161  -9.899  1.00 61.60      GZ00 C
ATOM   6308  O   THR X 185     -20.455 126.279 -11.129  1.00 56.95      GZ00 O
ATOM   6309  CB  THR X 185     -18.710 125.225  -8.555  1.00 61.74      GZ00 C
ATOM   6310  OG1 THR X 185     -17.813 125.690  -9.577  1.00 64.33      GZ00 O
ATOM   6311  CG2 THR X 185     -18.149 124.005  -7.840  1.00 49.10      GZ00 C
ATOM   6312  N   PRO X 186     -21.194 127.094  -9.165  1.00 63.67      GZ00 N
ATOM   6313  CA  PRO X 186     -21.536 128.392  -9.774  1.00 66.91      GZ00 C
ATOM   6314  C   PRO X 186     -20.364 129.034 -10.512  1.00 66.84      GZ00 C
```

```
ATOM   6315  O   PRO X 186     -20.570 129.710 -11.529  1.00 66.08      GZ00 O
ATOM   6316  CB  PRO X 186     -21.974 129.227  -8.564  1.00 55.91      GZ00 C
ATOM   6317  CG  PRO X 186     -22.496 128.215  -7.584  1.00 54.51      GZ00 C
ATOM   6318  CD  PRO X 186     -21.625 127.004  -7.757  1.00 56.56      GZ00 C
ATOM   6319  N   GLU X 187     -19.133 128.818 -10.030  1.00 69.10      GZ00 N
ATOM   6320  CA  GLU X 187     -17.938 129.365 -10.676  1.00 76.90      GZ00 C
ATOM   6321  C   GLU X 187     -17.718 128.740 -12.049  1.00 75.85      GZ00 C
ATOM   6322  O   GLU X 187     -17.599 129.450 -13.059  1.00 69.16      GZ00 O
ATOM   6323  CB  GLU X 187     -16.708 129.124  -9.791  1.00 78.07      GZ00 C
ATOM   6324  CG  GLU X 187     -17.004 128.966  -8.297  1.00 81.84      GZ00 C
ATOM   6325  CD  GLU X 187     -17.761 130.158  -7.714  1.00100.11      GZ00 C
ATOM   6326  OE1 GLU X 187     -17.435 131.317  -8.086  1.00 95.34      GZ00 O
ATOM   6327  OE2 GLU X 187     -18.692 129.930  -6.901  1.00102.20      GZ00 O1-
ATOM   6328  N   GLN X 188     -17.652 127.402 -12.095  1.00 68.87      GZ00 N
ATOM   6329  CA  GLN X 188     -17.499 126.699 -13.361  1.00 62.65      GZ00 C
ATOM   6330  C   GLN X 188     -18.597 127.093 -14.333  1.00 65.88      GZ00 C
ATOM   6331  O   GLN X 188     -18.350 127.252 -15.533  1.00 66.09      GZ00 O
ATOM   6332  CB  GLN X 188     -17.540 125.195 -13.127  1.00 65.71      GZ00 C
ATOM   6333  CG  GLN X 188     -16.451 124.635 -12.256  1.00 60.72      GZ00 C
ATOM   6334  CD  GLN X 188     -16.821 123.252 -11.764  1.00 66.14      GZ00 C
ATOM   6335  OE1 GLN X 188     -17.996 122.941 -11.617  1.00 70.69      GZ00 O
ATOM   6336  NE2 GLN X 188     -15.827 122.419 -11.504  1.00 73.28      GZ00 N
ATOM   6337  N   TRP X 189     -19.821 127.251 -13.828  1.00 60.70      GZ00 N
ATOM   6338  CA  TRP X 189     -20.941 127.588 -14.695  1.00 61.89      GZ00 C
ATOM   6339  C   TRP X 189     -20.728 128.932 -15.381  1.00 66.39      GZ00 C
ATOM   6340  O   TRP X 189     -20.889 129.048 -16.601  1.00 69.50      GZ00 O
ATOM   6341  CB  TRP X 189     -22.233 127.581 -13.880  1.00 53.09      GZ00 C
ATOM   6342  CG  TRP X 189     -23.388 128.262 -14.520  1.00 48.26      GZ00 C
ATOM   6343  CD1 TRP X 189     -24.099 129.288 -13.998  1.00 54.93      GZ00 C
ATOM   6344  CD2 TRP X 189     -23.972 127.976 -15.799  1.00 53.12      GZ00 C
ATOM   6345  NE1 TRP X 189     -25.102 129.665 -14.859  1.00 60.99      GZ00 N
ATOM   6346  CE2 TRP X 189     -25.047 128.878 -15.976  1.00 52.94      GZ00 C
ATOM   6347  CE3 TRP X 189     -23.704 127.040 -16.803  1.00 54.03      GZ00 C
ATOM   6348  CZ2 TRP X 189     -25.861 128.873 -17.116  1.00 55.81      GZ00 C
ATOM   6349  CZ3 TRP X 189     -24.512 127.036 -17.944  1.00 57.95      GZ00 C
ATOM   6350  CH2 TRP X 189     -25.577 127.953 -18.090  1.00 55.87      GZ00 C
ATOM   6351  N   LYS X 190     -20.337 129.957 -14.619  1.00 75.20      GZ00 N
ATOM   6352  CA  LYS X 190     -20.232 131.302 -15.184  1.00 80.83      GZ00 C
ATOM   6353  C   LYS X 190     -18.940 131.535 -15.962  1.00 78.13      GZ00 C
ATOM   6354  O   LYS X 190     -18.891 132.458 -16.786  1.00 75.06      GZ00 O
ATOM   6355  CB  LYS X 190     -20.398 132.357 -14.081  1.00 73.65      GZ00 C
ATOM   6356  CG  LYS X 190     -21.825 132.394 -13.491  1.00 81.54      GZ00 C
ATOM   6357  CD  LYS X 190     -21.973 133.326 -12.286  1.00 80.94      GZ00 C
ATOM   6358  CE  LYS X 190     -23.413 133.330 -11.769  1.00 79.11      GZ00 C
ATOM   6359  NZ  LYS X 190     -23.602 134.127 -10.516  1.00 82.23      GZ00 N1+
ATOM   6360  N   SER X 191     -17.917 130.698 -15.765  1.00 70.70      GZ00 N
ATOM   6361  CA  SER X 191     -16.625 130.963 -16.388  1.00 77.12      GZ00 C
ATOM   6362  C   SER X 191     -16.645 130.672 -17.891  1.00 80.54      GZ00 C
ATOM   6363  O   SER X 191     -16.183 131.494 -18.691  1.00 90.60      GZ00 O
ATOM   6364  CB  SER X 191     -15.528 130.163 -15.676  1.00 70.51      GZ00 C
ATOM   6365  OG  SER X 191     -15.673 128.776 -15.878  1.00 73.70      GZ00 O
ATOM   6366  N   HIS X 192     -17.193 129.529 -18.303  1.00 79.21      GZ00 N
ATOM   6367  CA  HIS X 192     -17.144 129.148 -19.709  1.00 68.99      GZ00 C
ATOM   6368  C   HIS X 192     -18.216 129.880 -20.503  1.00 68.52      GZ00 C
ATOM   6369  O   HIS X 192     -19.228 130.326 -19.959  1.00 75.08      GZ00 O
ATOM   6370  CB  HIS X 192     -17.328 127.646 -19.858  1.00 67.33      GZ00 C
ATOM   6371  CG  HIS X 192     -16.211 126.849 -19.270  1.00 72.96      GZ00 C
ATOM   6372  ND1 HIS X 192     -16.133 126.565 -17.924  1.00 69.38      GZ00 N
ATOM   6373  CD2 HIS X 192     -15.134 126.260 -19.844  1.00 69.24      GZ00 C
ATOM   6374  CE1 HIS X 192     -15.051 125.843 -17.690  1.00 77.85      GZ00 C
ATOM   6375  NE2 HIS X 192     -14.427 125.644 -18.839  1.00 78.93      GZ00 N
ATOM   6376  N   ARG X 193     -17.980 130.015 -21.811  1.00 67.36      GZ00 N
ATOM   6377  CA  ARG X 193     -18.945 130.743 -22.627  1.00 70.06      GZ00 C
ATOM   6378  C   ARG X 193     -20.261 129.998 -22.711  1.00 73.81      GZ00 C
ATOM   6379  O   ARG X 193     -21.329 130.620 -22.671  1.00 71.37      GZ00 O
ATOM   6380  CB  ARG X 193     -18.411 131.013 -24.033  1.00 83.17      GZ00 C
ATOM   6381  CG  ARG X 193     -17.125 131.815 -24.098  1.00 91.89      GZ00 C
ATOM   6382  CD  ARG X 193     -16.644 131.932 -25.540  1.00 98.59      GZ00 C
ATOM   6383  NE  ARG X 193     -15.566 132.909 -25.682  1.00110.88      GZ00 N
ATOM   6384  CZ  ARG X 193     -14.801 133.031 -26.763  1.00111.56      GZ00 C
ATOM   6385  NH1 ARG X 193     -13.838 133.947 -26.798  1.00100.02      GZ00 N1+
```

```
ATOM   6386  NH2 ARG X 193     -15.019 132.260 -27.824  1.00112.85      GZ00 N
ATOM   6387  N   SER X 194     -20.207 128.670 -22.831  1.00 80.31      GZ00 N
ATOM   6388  CA  SER X 194     -21.414 127.865 -22.991  1.00 74.11      GZ00 C
ATOM   6389  C   SER X 194     -21.137 126.416 -22.618  1.00 71.90      GZ00 C
ATOM   6390  O   SER X 194     -19.991 125.955 -22.604  1.00 68.02      GZ00 O
ATOM   6391  CB  SER X 194     -21.945 127.911 -24.425  1.00 69.53      GZ00 C
ATOM   6392  OG  SER X 194     -21.159 127.065 -25.246  1.00 67.74      GZ00 O
ATOM   6393  N   TYR X 195     -22.224 125.690 -22.382  1.00 67.26      GZ00 N
ATOM   6394  CA  TYR X 195     -22.180 124.258 -22.168  1.00 63.57      GZ00 C
ATOM   6395  C   TYR X 195     -23.120 123.573 -23.142  1.00 64.49      GZ00 C
ATOM   6396  O   TYR X 195     -24.117 124.154 -23.584  1.00 56.47      GZ00 O
ATOM   6397  CB  TYR X 195     -22.572 123.889 -20.766  1.00 57.00      GZ00 C
ATOM   6398  CG  TYR X 195     -21.519 124.195 -19.752  1.00 60.50      GZ00 C
ATOM   6399  CD1 TYR X 195     -21.344 125.486 -19.268  1.00 63.71      GZ00 C
ATOM   6400  CD2 TYR X 195     -20.712 123.184 -19.254  1.00 60.86      GZ00 C
ATOM   6401  CE1 TYR X 195     -20.383 125.757 -18.319  1.00 66.00      GZ00 C
ATOM   6402  CE2 TYR X 195     -19.756 123.440 -18.310  1.00 67.49      GZ00 C
ATOM   6403  CZ  TYR X 195     -19.588 124.727 -17.850  1.00 65.78      GZ00 C
ATOM   6404  OH  TYR X 195     -18.626 124.963 -16.906  1.00 71.05      GZ00 O
ATOM   6405  N   SER X 196     -22.786 122.326 -23.470  1.00 62.79      GZ00 N
ATOM   6406  CA  SER X 196     -23.538 121.568 -24.453  1.00 61.48      GZ00 C
ATOM   6407  C   SER X 196     -23.826 120.160 -23.952  1.00 61.15      GZ00 C
ATOM   6408  O   SER X 196     -23.001 119.525 -23.279  1.00 54.07      GZ00 O
ATOM   6409  CB  SER X 196     -22.791 121.504 -25.783  1.00 63.75      GZ00 C
ATOM   6410  OG  SER X 196     -22.721 122.789 -26.372  1.00 69.20      GZ00 O
ATOM   6411  N   CYS X 197     -25.014 119.690 -24.294  1.00 52.83      GZ00 N
ATOM   6412  CA  CYS X 197     -25.428 118.315 -24.085  1.00 51.91      GZ00 C
ATOM   6413  C   CYS X 197     -25.524 117.683 -25.463  1.00 55.35      GZ00 C
ATOM   6414  O   CYS X 197     -26.303 118.149 -26.305  1.00 55.75      GZ00 O
ATOM   6415  CB  CYS X 197     -26.772 118.256 -23.354  1.00 51.31      GZ00 C
ATOM   6416  SG  CYS X 197     -27.349 116.579 -23.083  1.00 51.29      GZ00 S
ATOM   6417  N   GLN X 198     -24.716 116.655 -25.704  1.00 49.43      GZ00 N
ATOM   6418  CA  GLN X 198     -24.668 115.979 -26.996  1.00 53.99      GZ00 C
ATOM   6419  C   GLN X 198     -25.193 114.555 -26.839  1.00 53.90      GZ00 C
ATOM   6420  O   GLN X 198     -24.579 113.736 -26.139  1.00 49.13      GZ00 O
ATOM   6421  CB  GLN X 198     -23.245 115.967 -27.554  1.00 51.29      GZ00 C
ATOM   6422  CG  GLN X 198     -22.782 117.315 -28.078  1.00 67.46      GZ00 C
ATOM   6423  CD  GLN X 198     -21.293 117.357 -28.388  1.00 69.14      GZ00 C
ATOM   6424  OE1 GLN X 198     -20.565 116.404 -28.128  1.00 72.78      GZ00 O
ATOM   6425  NE2 GLN X 198     -20.838 118.470 -28.943  1.00 73.70      GZ00 N
ATOM   6426  N   VAL X 199     -26.299 114.256 -27.519  1.00 45.97      GZ00 N
ATOM   6427  CA  VAL X 199     -26.970 112.961 -27.422  1.00 47.62      GZ00 C
ATOM   6428  C   VAL X 199     -26.780 112.222 -28.743  1.00 49.39      GZ00 C
ATOM   6429  O   VAL X 199     -27.294 112.648 -29.786  1.00 43.67      GZ00 O
ATOM   6430  CB  VAL X 199     -28.465 113.117 -27.091  1.00 38.03      GZ00 C
ATOM   6431  CG1 VAL X 199     -29.116 111.753 -26.854  1.00 36.64      GZ00 C
ATOM   6432  CG2 VAL X 199     -28.642 114.009 -25.881  1.00 43.16      GZ00 C
ATOM   6433  N   THR X 200     -26.069 111.100 -28.699  1.00 44.37      GZ00 N
ATOM   6434  CA  THR X 200     -25.870 110.288 -29.888  1.00 47.13      GZ00 C
ATOM   6435  C   THR X 200     -26.837 109.107 -29.884  1.00 46.93      GZ00 C
ATOM   6436  O   THR X 200     -26.959 108.389 -28.886  1.00 37.31      GZ00 O
ATOM   6437  CB  THR X 200     -24.426 109.819 -29.990  1.00 47.07      GZ00 C
ATOM   6438  OG1 THR X 200     -23.583 110.975 -30.046  1.00 49.61      GZ00 O
ATOM   6439  CG2 THR X 200     -24.222 108.955 -31.246  1.00 48.16      GZ00 C
ATOM   6440  N   HIS X 201     -27.533 108.936 -31.002  1.00 40.95      GZ00 N
ATOM   6441  CA  HIS X 201     -28.533 107.899 -31.163  1.00 45.21      GZ00 C
ATOM   6442  C   HIS X 201     -28.414 107.309 -32.559  1.00 45.62      GZ00 C
ATOM   6443  O   HIS X 201     -28.609 108.023 -33.549  1.00 41.52      GZ00 O
ATOM   6444  CB  HIS X 201     -29.928 108.468 -30.953  1.00 37.81      GZ00 C
ATOM   6445  CG  HIS X 201     -31.009 107.472 -31.174  1.00 40.25      GZ00 C
ATOM   6446  ND1 HIS X 201     -31.717 107.395 -32.354  1.00 39.48      GZ00 N
ATOM   6447  CD2 HIS X 201     -31.492 106.492 -30.372  1.00 32.60      GZ00 C
ATOM   6448  CE1 HIS X 201     -32.614 106.425 -32.257  1.00 41.48      GZ00 C
ATOM   6449  NE2 HIS X 201     -32.500 105.865 -31.063  1.00 36.04      GZ00 N
ATOM   6450  N   GLU X 202     -28.100 106.014 -32.636  1.00 40.07      GZ00 N
ATOM   6451  CA  GLU X 202     -27.996 105.307 -33.916  1.00 39.77      GZ00 C
ATOM   6452  C   GLU X 202     -27.068 106.042 -34.889  1.00 44.82      GZ00 C
ATOM   6453  O   GLU X 202     -27.387 106.247 -36.062  1.00 40.88      GZ00 O
ATOM   6454  CB  GLU X 202     -29.376 105.095 -34.535  1.00 36.52      GZ00 C
ATOM   6455  CG  GLU X 202     -30.307 104.272 -33.669  1.00 41.95      GZ00 C
ATOM   6456  CD  GLU X 202     -29.852 102.821 -33.573  1.00 51.67      GZ00 C
```

```
ATOM   6457  OE1 GLU X 202     -29.603 102.188 -34.631  1.00 51.18      GZ00 O
ATOM   6458  OE2 GLU X 202     -29.735 102.316 -32.433  1.00 49.62      GZ00 O1-
ATOM   6459  N   GLY X 203     -25.911 106.464 -34.381  1.00 41.22      GZ00 N
ATOM   6460  CA  GLY X 203     -24.926 107.146 -35.193  1.00 42.73      GZ00 C
ATOM   6461  C   GLY X 203     -25.235 108.578 -35.586  1.00 47.72      GZ00 C
ATOM   6462  O   GLY X 203     -24.445 109.169 -36.321  1.00 53.27      GZ00 O
ATOM   6463  N   SER X 206     -26.322 109.176 -35.101  1.00 52.11      GZ00 N
ATOM   6464  CA  SER X 206     -26.642 110.577 -35.375  1.00 50.86      GZ00 C
ATOM   6465  C   SER X 206     -26.773 111.328 -34.056  1.00 52.21      GZ00 C
ATOM   6466  O   SER X 206     -27.448 110.853 -33.136  1.00 52.48      GZ00 O
ATOM   6467  CB  SER X 206     -27.944 110.707 -36.167  1.00 47.57      GZ00 C
ATOM   6468  OG  SER X 206     -27.838 110.125 -37.454  1.00 59.00      GZ00 O
ATOM   6469  N   THR X 207     -26.128 112.488 -33.953  1.00 50.76      GZ00 N
ATOM   6470  CA  THR X 207     -26.108 113.241 -32.704  1.00 55.87      GZ00 C
ATOM   6471  C   THR X 207     -27.025 114.462 -32.764  1.00 57.12      GZ00 C
ATOM   6472  O   THR X 207     -27.074 115.180 -33.767  1.00 57.64      GZ00 O
ATOM   6473  CB  THR X 207     -24.696 113.690 -32.344  1.00 48.26      GZ00 C
ATOM   6474  OG1 THR X 207     -24.359 114.813 -33.157  1.00 73.99      GZ00 O
ATOM   6475  CG2 THR X 207     -23.702 112.580 -32.600  1.00 47.46      GZ00 C
ATOM   6476  N   VAL X 208     -27.777 114.659 -31.690  1.00 49.79      GZ00 N
ATOM   6477  CA  VAL X 208     -28.598 115.842 -31.472  1.00 52.71      GZ00 C
ATOM   6478  C   VAL X 208     -27.951 116.636 -30.343  1.00 55.59      GZ00 C
ATOM   6479  O   VAL X 208     -27.557 116.063 -29.317  1.00 52.08      GZ00 O
ATOM   6480  CB  VAL X 208     -30.047 115.452 -31.131  1.00 51.79      GZ00 C
ATOM   6481  CG1 VAL X 208     -30.880 116.672 -30.802  1.00 49.77      GZ00 C
ATOM   6482  CG2 VAL X 208     -30.666 114.651 -32.276  1.00 48.08      GZ00 C
ATOM   6483  N   GLU X 209     -27.787 117.939 -30.547  1.00 56.25      GZ00 N
ATOM   6484  CA  GLU X 209     -27.107 118.778 -29.571  1.00 56.90      GZ00 C
ATOM   6485  C   GLU X 209     -27.976 119.957 -29.174  1.00 58.39      GZ00 C
ATOM   6486  O   GLU X 209     -28.692 120.525 -30.005  1.00 55.14      GZ00 O
ATOM   6487  CB  GLU X 209     -25.772 119.293 -30.087  1.00 57.63      GZ00 C
ATOM   6488  CG  GLU X 209     -25.088 120.229 -29.113  1.00 64.92      GZ00 C
ATOM   6489  CD  GLU X 209     -23.766 120.754 -29.630  1.00 76.32      GZ00 C
ATOM   6490  OE1 GLU X 209     -22.869 119.942 -29.932  1.00 78.95      GZ00 O
ATOM   6491  OE2 GLU X 209     -23.636 121.986 -29.766  1.00 85.57      GZ00 O1-
ATOM   6492  N   LYS X 210     -27.935 120.282 -27.886  1.00 62.74      GZ00 N
ATOM   6493  CA  LYS X 210     -28.467 121.522 -27.345  1.00 53.79      GZ00 C
ATOM   6494  C   LYS X 210     -27.379 122.171 -26.505  1.00 56.56      GZ00 C
ATOM   6495  O   LYS X 210     -26.616 121.476 -25.823  1.00 56.28      GZ00 O
ATOM   6496  CB  LYS X 210     -29.711 121.279 -26.513  1.00 53.44      GZ00 C
ATOM   6497  CG  LYS X 210     -30.907 120.841 -27.324  1.00 54.02      GZ00 C
ATOM   6498  CD  LYS X 210     -31.098 121.748 -28.509  1.00 54.29      GZ00 C
ATOM   6499  CE  LYS X 210     -32.343 121.367 -29.282  1.00 55.10      GZ00 C
ATOM   6500  NZ  LYS X 210     -33.545 121.832 -28.528  1.00 61.72      GZ00 N1+
ATOM   6501  N   THR X 211     -27.270 123.498 -26.592  1.00 59.32      GZ00 N
ATOM   6502  CA  THR X 211     -26.267 124.229 -25.828  1.00 59.32      GZ00 C
ATOM   6503  C   THR X 211     -26.946 125.341 -25.039  1.00 55.85      GZ00 C
ATOM   6504  O   THR X 211     -27.984 125.869 -25.443  1.00 52.37      GZ00 O
ATOM   6505  CB  THR X 211     -25.177 124.830 -26.725  1.00 59.58      GZ00 C
ATOM   6506  OG1 THR X 211     -25.586 126.134 -27.141  1.00 68.27      GZ00 O
ATOM   6507  CG2 THR X 211     -24.975 123.970 -27.975  1.00 57.88      GZ00 C
ATOM   6508  N   VAL X 212     -26.348 125.706 -23.911  1.00 52.69      GZ00 N
ATOM   6509  CA  VAL X 212     -26.936 126.709 -23.035  1.00 63.41      GZ00 C
ATOM   6510  C   VAL X 212     -25.825 127.640 -22.548  1.00 67.46      GZ00 C
ATOM   6511  O   VAL X 212     -24.665 127.233 -22.408  1.00 65.23      GZ00 O
ATOM   6512  CB  VAL X 212     -27.702 126.029 -21.866  1.00 57.88      GZ00 C
ATOM   6513  CG1 VAL X 212     -26.783 125.712 -20.700  1.00 44.64      GZ00 C
ATOM   6514  CG2 VAL X 212     -28.897 126.846 -21.442  1.00 65.99      GZ00 C
ATOM   6515  N   ALA X 213     -26.174 128.916 -22.332  1.00 65.82      GZ00 N
ATOM   6516  CA  ALA X 213     -25.166 129.919 -21.988  1.00 71.28      GZ00 C
ATOM   6517  C   ALA X 213     -25.503 130.667 -20.702  1.00 73.86      GZ00 C
ATOM   6518  O   ALA X 213     -26.677 130.982 -20.445  1.00 75.77      GZ00 O
ATOM   6519  CB  ALA X 213     -25.003 130.928 -23.133  1.00 69.34      GZ00 C
ATOM   6520  N   PRO X 214     -24.486 130.994 -19.889  1.00 70.92      GZ00 N
ATOM   6521  CA  PRO X 214     -24.746 131.692 -18.614  1.00 72.76      GZ00 C
ATOM   6522  C   PRO X 214     -25.314 133.090 -18.773  1.00 82.62      GZ00 C
ATOM   6523  O   PRO X 214     -25.933 133.596 -17.827  1.00 89.01      GZ00 O
ATOM   6524  CB  PRO X 214     -23.366 131.732 -17.943  1.00 66.71      GZ00 C
ATOM   6525  CG  PRO X 214     -22.637 130.585 -18.525  1.00 65.72      GZ00 C
ATOM   6526  CD  PRO X 214     -23.119 130.445 -19.944  1.00 70.60      GZ00 C
ATOM   6527  N   THR X 215     -25.149 133.725 -19.928  1.00 84.77      GZ00 N
```

```
ATOM   6528  CA  THR X 215     -25.832 134.986 -20.202  1.00 96.30      GZ00 C
ATOM   6529  C   THR X 215     -27.332 134.702 -20.252  1.00 95.28      GZ00 C
ATOM   6530  O   THR X 215     -27.859 134.231 -21.265  1.00 91.48      GZ00 O
ATOM   6531  CB  THR X 215     -25.328 135.593 -21.510  1.00 97.14      GZ00 C
ATOM   6532  OG1 THR X 215     -25.743 134.773 -22.612  1.00 87.67      GZ00 O
ATOM   6533  CG2 THR X 215     -23.793 135.691 -21.507  1.00 90.01      GZ00 C
ATOM   6534  N   GLU X 216     -28.027 134.994 -19.152  1.00 96.06      GZ00 N
ATOM   6535  CA  GLU X 216     -29.446 134.662 -19.010  1.00 98.88      GZ00 C
ATOM   6536  C   GLU X 216     -30.325 135.917 -18.923  1.00 99.86      GZ00 C
ATOM   6537  O   GLU X 216     -31.553 135.830 -18.821  1.00 94.58      GZ00 O
ATOM   6538  CB  GLU X 216     -29.662 133.791 -17.762  1.00104.37      GZ00 C
ATOM   6539  CG  GLU X 216     -29.007 132.394 -17.811  1.00103.51      GZ00 C
ATOM   6540  CD  GLU X 216     -29.281 131.561 -16.556  1.00100.31      GZ00 C
ATOM   6541  OE1 GLU X 216     -30.463 131.201 -16.329  1.00 98.05      GZ00 O
ATOM   6542  OE2 GLU X 216     -28.323 131.288 -15.788  1.00 94.94      GZ00 O1-
TER
ATOM   6543  N   THR E 152      -7.503 113.907   0.585  1.00 78.03      B000 N
ATOM   6544  CA  THR E 152      -7.804 113.632   1.990  1.00 91.98      B000 C
ATOM   6545  C   THR E 152      -6.989 112.446   2.537  1.00 87.18      B000 C
ATOM   6546  O   THR E 152      -5.914 112.642   3.113  1.00 87.17      B000 O
ATOM   6547  CB  THR E 152      -9.331 113.377   2.199  1.00 99.46      B000 C
ATOM   6548  OG1 THR E 152      -9.547 112.614   3.396  1.00103.56      B000 O
ATOM   6549  CG2 THR E 152      -9.959 112.661   0.997  1.00 88.04      B000 C
ATOM   6550  N   CYS E 153      -7.511 111.230   2.378  1.00 83.15      B000 N
ATOM   6551  CA  CYS E 153      -6.804 109.997   2.699  1.00 86.88      B000 C
ATOM   6552  C   CYS E 153      -6.722 109.106   1.463  1.00 80.76      B000 C
ATOM   6553  O   CYS E 153      -7.463 109.278   0.486  1.00 71.27      B000 O
ATOM   6554  CB  CYS E 153      -7.471 109.227   3.860  1.00 86.61      B000 C
ATOM   6555  SG  CYS E 153      -6.738 109.471   5.513  1.00 90.81      B000 S
ATOM   6556  N   CYS E 154      -5.817 108.133   1.525  1.00 72.71      B000 N
ATOM   6557  CA  CYS E 154      -5.632 107.218   0.411  1.00 64.86      B000 C
ATOM   6558  C   CYS E 154      -6.850 106.311   0.243  1.00 66.48      B000 C
ATOM   6559  O   CYS E 154      -7.564 106.023   1.210  1.00 66.73      B000 O
ATOM   6560  CB  CYS E 154      -4.385 106.373   0.626  1.00 57.69      B000 C
ATOM   6561  SG  CYS E 154      -2.833 107.296   0.371  1.00 72.69      B000 S
ATOM   6562  N   PRO E 155      -7.115 105.854  -0.978  1.00 56.60      B000 N
ATOM   6563  CA  PRO E 155      -8.220 104.914  -1.192  1.00 57.19      B000 C
ATOM   6564  C   PRO E 155      -8.052 103.661  -0.345  1.00 62.02      B000 C
ATOM   6565  O   PRO E 155      -7.012 103.404   0.267  1.00 60.28      B000 O
ATOM   6566  CB  PRO E 155      -8.143 104.589  -2.687  1.00 52.85      B000 C
ATOM   6567  CG  PRO E 155      -7.332 105.677  -3.277  1.00 56.95      B000 C
ATOM   6568  CD  PRO E 155      -6.392 106.158  -2.220  1.00 54.57      B000 C
ATOM   6569  N   VAL E 156      -9.123 102.871  -0.306  1.00 64.34      B000 N
ATOM   6570  CA  VAL E 156      -9.121 101.644   0.477  1.00 62.48      B000 C
ATOM   6571  C   VAL E 156      -8.013 100.726  -0.021  1.00 57.31      B000 C
ATOM   6572  O   VAL E 156      -7.843 100.536  -1.235  1.00 55.79      B000 O
ATOM   6573  CB  VAL E 156     -10.498 100.968   0.373  1.00 58.69      B000 C
ATOM   6574  CG1 VAL E 156     -10.628  99.853   1.400  1.00 62.99      B000 C
ATOM   6575  CG2 VAL E 156     -11.612 102.013   0.508  1.00 72.16      B000 C
ATOM   6576  N   ASN E 157      -7.244 100.163   0.915  1.00 49.37      B000 N
ATOM   6577  CA  ASN E 157      -6.142  99.218   0.687  1.00 55.22      B000 C
ATOM   6578  C   ASN E 157      -4.871  99.882   0.162  1.00 52.64      B000 C
ATOM   6579  O   ASN E 157      -3.871  99.180  -0.036  1.00 49.46      B000 O
ATOM   6580  CB  ASN E 157      -6.513  98.075  -0.276  1.00 51.75      B000 C
ATOM   6581  CG  ASN E 157      -7.713  97.282   0.202  1.00 58.73      B000 C
ATOM   6582  OD1 ASN E 157      -7.839  97.001   1.392  1.00 60.67      B000 O
ATOM   6583  ND2 ASN E 157      -8.609  96.935  -0.720  1.00 58.30      B000 N
ATOM   6584  N   TRP E 158      -4.868 101.187  -0.082  1.00 49.22      B000 N
ATOM   6585  CA  TRP E 158      -3.644 101.885  -0.433  1.00 45.78      B000 C
ATOM   6586  C   TRP E 158      -2.983 102.464   0.818  1.00 47.63      B000 C
ATOM   6587  O   TRP E 158      -3.618 102.655   1.855  1.00 53.96      B000 O
ATOM   6588  CB  TRP E 158      -3.933 102.979  -1.453  1.00 48.76      B000 C
ATOM   6589  CG  TRP E 158      -4.381 102.473  -2.793  1.00 40.31      B000 C
ATOM   6590  CD1 TRP E 158      -5.498 101.731  -3.072  1.00 46.46      B000 C
ATOM   6591  CD2 TRP E 158      -3.718 102.683  -4.043  1.00 35.79      B000 C
ATOM   6592  NE1 TRP E 158      -5.573 101.465  -4.432  1.00 39.86      B000 N
ATOM   6593  CE2 TRP E 158      -4.495 102.050  -5.047  1.00 45.74      B000 C
ATOM   6594  CE3 TRP E 158      -2.548 103.355  -4.417  1.00 40.22      B000 C
ATOM   6595  CZ2 TRP E 158      -4.132 102.067  -6.395  1.00 41.97      B000 C
ATOM   6596  CZ3 TRP E 158      -2.193 103.378  -5.764  1.00 41.46      B000 C
ATOM   6597  CH2 TRP E 158      -2.980 102.727  -6.732  1.00 40.39      B000 C
```

```
ATOM   6598  N   VAL E 159      -1.689 102.734   0.702  1.00 44.22      B000 N
ATOM   6599  CA  VAL E 159      -0.837 103.172   1.800  1.00 48.43      B000 C
ATOM   6600  C   VAL E 159      -0.297 104.558   1.461  1.00 58.07      B000 C
ATOM   6601  O   VAL E 159       0.103 104.818   0.318  1.00 55.09      B000 O
ATOM   6602  CB  VAL E 159       0.330 102.189   2.039  1.00 52.63      B000 C
ATOM   6603  CG1 VAL E 159       1.251 102.704   3.126  1.00 54.92      B000 C
ATOM   6604  CG2 VAL E 159      -0.184 100.818   2.407  1.00 53.05      B000 C
ATOM   6605  N   GLU E 160      -0.275 105.443   2.456  1.00 57.15      B000 N
ATOM   6606  CA  GLU E 160       0.120 106.833   2.256  1.00 59.51      B000 C
ATOM   6607  C   GLU E 160       1.577 107.054   2.654  1.00 55.30      B000 C
ATOM   6608  O   GLU E 160       2.043 106.531   3.673  1.00 50.50      B000 O
ATOM   6609  CB  GLU E 160      -0.809 107.756   3.046  1.00 51.43      B000 C
ATOM   6610  CG  GLU E 160      -0.440 109.219   3.035  1.00 65.54      B000 C
ATOM   6611  CD  GLU E 160      -1.336 110.058   3.952  1.00 77.96      B000 C
ATOM   6612  OE1 GLU E 160      -2.418 109.568   4.357  1.00 79.30      B000 O
ATOM   6613  OE2 GLU E 160      -0.951 111.203   4.281  1.00 75.66      B000 O1-
ATOM   6614  N   HIS E 161       2.304 107.801   1.822  1.00 53.62      B000 N
ATOM   6615  CA  HIS E 161       3.658 108.222   2.177  1.00 53.50      B000 C
ATOM   6616  C   HIS E 161       4.013 109.474   1.393  1.00 61.66      B000 C
ATOM   6617  O   HIS E 161       3.896 109.472   0.159  1.00 55.60      B000 O
ATOM   6618  CB  HIS E 161       4.656 107.120   1.884  1.00 50.97      B000 C
ATOM   6619  CG  HIS E 161       6.076 107.514   2.135  1.00 58.56      B000 C
ATOM   6620  ND1 HIS E 161       6.845 108.173   1.196  1.00 62.19      B000 N
ATOM   6621  CD2 HIS E 161       6.877 107.322   3.213  1.00 53.33      B000 C
ATOM   6622  CE1 HIS E 161       8.056 108.376   1.687  1.00 63.04      B000 C
ATOM   6623  NE2 HIS E 161       8.102 107.869   2.909  1.00 61.41      B000 N
ATOM   6624  N   GLU E 162       4.410 110.541   2.112  1.00 61.25      B000 N
ATOM   6625  CA  GLU E 162       4.767 111.850   1.561  1.00 55.02      B000 C
ATOM   6626  C   GLU E 162       3.975 112.247   0.322  1.00 62.64      B000 C
ATOM   6627  O   GLU E 162       4.537 112.301  -0.778  1.00 75.86      B000 O
ATOM   6628  CB  GLU E 162       6.267 111.936   1.225  1.00 60.44      B000 C
ATOM   6629  CG  GLU E 162       7.223 111.633   2.366  1.00 61.24      B000 C
ATOM   6630  CD  GLU E 162       8.697 111.610   1.933  1.00 86.98      B000 C
ATOM   6631  OE1 GLU E 162       9.025 111.099   0.822  1.00 83.67      B000 O
ATOM   6632  OE2 GLU E 162       9.538 112.097   2.725  1.00 95.90      B000 O1-
ATOM   6633  N   ARG E 163       2.679 112.496   0.469  1.00 55.87      B000 N
ATOM   6634  CA  ARG E 163       1.819 113.000  -0.602  1.00 76.66      B000 C
ATOM   6635  C   ARG E 163       1.554 112.012  -1.738  1.00 68.88      B000 C
ATOM   6636  O   ARG E 163       0.922 112.388  -2.739  1.00 65.44      B000 O
ATOM   6637  CB  ARG E 163       2.398 114.288  -1.215  1.00 89.70      B000 C
ATOM   6638  CG  ARG E 163       2.928 115.328  -0.208  1.00 98.04      B000 C
ATOM   6639  CD  ARG E 163       3.983 116.257  -0.835  1.00106.40      B000 C
ATOM   6640  NE  ARG E 163       3.452 117.044  -1.950  1.00124.58      B000 N
ATOM   6641  CZ  ARG E 163       3.588 116.723  -3.236  1.00120.88      B000 C
ATOM   6642  NH1 ARG E 163       4.245 115.622  -3.585  1.00111.66      B000 N1+
ATOM   6643  NH2 ARG E 163       3.063 117.503  -4.176  1.00118.93      B000 N
ATOM   6644  N   SER E 164       1.973 110.758  -1.622  1.00 63.49      B000 N
ATOM   6645  CA  SER E 164       1.606 109.768  -2.620  1.00 57.22      B000 C
ATOM   6646  C   SER E 164       0.888 108.601  -1.952  1.00 52.22      B000 C
ATOM   6647  O   SER E 164       1.071 108.329  -0.761  1.00 49.98      B000 O
ATOM   6648  CB  SER E 164       2.823 109.290  -3.411  1.00 56.71      B000 C
ATOM   6649  OG  SER E 164       3.161 110.233  -4.411  1.00 65.04      B000 O
ATOM   6650  N   CYS E 165       0.066 107.913  -2.740  1.00 50.88      B000 N
ATOM   6651  CA  CYS E 165      -0.614 106.691  -2.322  1.00 53.42      B000 C
ATOM   6652  C   CYS E 165      -0.042 105.497  -3.076  1.00 50.12      B000 C
ATOM   6653  O   CYS E 165       0.124 105.555  -4.300  1.00 46.54      B000 O
ATOM   6654  CB  CYS E 165      -2.118 106.793  -2.576  1.00 56.64      B000 C
ATOM   6655  SG  CYS E 165      -2.945 108.028  -1.541  1.00 67.86      B000 S
ATOM   6656  N   TYR E 166       0.226 104.410  -2.350  1.00 52.80      B000 N
ATOM   6657  CA  TYR E 166       0.904 103.231  -2.882  1.00 48.23      B000 C
ATOM   6658  C   TYR E 166       0.064 101.984  -2.650  1.00 48.96      B000 C
ATOM   6659  O   TYR E 166      -0.538 101.821  -1.584  1.00 46.07      B000 O
ATOM   6660  CB  TYR E 166       2.265 103.033  -2.222  1.00 45.49      B000 C
ATOM   6661  CG  TYR E 166       3.196 104.186  -2.406  1.00 51.14      B000 C
ATOM   6662  CD1 TYR E 166       3.000 105.382  -1.709  1.00 50.78      B000 C
ATOM   6663  CD2 TYR E 166       4.296 104.081  -3.249  1.00 49.21      B000 C
ATOM   6664  CE1 TYR E 166       3.859 106.442  -1.867  1.00 52.01      B000 C
ATOM   6665  CE2 TYR E 166       5.175 105.138  -3.408  1.00 52.82      B000 C
ATOM   6666  CZ  TYR E 166       4.954 106.317  -2.714  1.00 56.72      B000 C
ATOM   6667  OH  TYR E 166       5.829 107.368  -2.874  1.00 55.75      B000 O
ATOM   6668  N   TRP E 167       0.064 101.085  -3.634  1.00 43.75      B000 N
```

```
ATOM   6669  CA  TRP E 167      -0.639  99.813  -3.539  1.00 41.16      B000 C
ATOM   6670  C   TRP E 167       0.346  98.684  -3.794  1.00 42.24      B000 C
ATOM   6671  O   TRP E 167       1.054  98.693  -4.804  1.00 37.42      B000 O
ATOM   6672  CB  TRP E 167      -1.804  99.743  -4.530  1.00 42.53      B000 C
ATOM   6673  CG  TRP E 167      -2.599  98.467  -4.395  1.00 46.44      B000 C
ATOM   6674  CD1 TRP E 167      -3.662  98.242  -3.560  1.00 49.81      B000 C
ATOM   6675  CD2 TRP E 167      -2.395  97.251  -5.116  1.00 43.13      B000 C
ATOM   6676  NE1 TRP E 167      -4.114  96.955  -3.706  1.00 51.07      B000 N
ATOM   6677  CE2 TRP E 167      -3.366  96.330  -4.665  1.00 46.50      B000 C
ATOM   6678  CE3 TRP E 167      -1.491  96.852  -6.103  1.00 40.37      B000 C
ATOM   6679  CZ2 TRP E 167      -3.455  95.041  -5.165  1.00 36.86      B000 C
ATOM   6680  CZ3 TRP E 167      -1.587  95.579  -6.604  1.00 39.69      B000 C
ATOM   6681  CH2 TRP E 167      -2.554  94.682  -6.133  1.00 42.15      B000 C
ATOM   6682  N   PHE E 168       0.377  97.709  -2.891  1.00 42.39      B000 N
ATOM   6683  CA  PHE E 168       1.369  96.645  -2.921  1.00 39.44      B000 C
ATOM   6684  C   PHE E 168       0.718  95.320  -3.300  1.00 41.71      B000 C
ATOM   6685  O   PHE E 168      -0.056  94.762  -2.515  1.00 39.56      B000 O
ATOM   6686  CB  PHE E 168       2.054  96.539  -1.567  1.00 33.24      B000 C
ATOM   6687  CG  PHE E 168       2.834  97.745  -1.209  1.00 45.15      B000 C
ATOM   6688  CD1 PHE E 168       4.165  97.858  -1.603  1.00 43.49      B000 C
ATOM   6689  CD2 PHE E 168       2.251  98.776  -0.472  1.00 43.18      B000 C
ATOM   6690  CE1 PHE E 168       4.917  98.991  -1.279  1.00 48.63      B000 C
ATOM   6691  CE2 PHE E 168       2.986  99.913  -0.135  1.00 49.01      B000 C
ATOM   6692  CZ  PHE E 168       4.326 100.026  -0.541  1.00 48.19      B000 C
ATOM   6693  N   SER E 169       1.081  94.788  -4.469  1.00 34.62      B000 N
ATOM   6694  CA  SER E 169       0.586  93.478  -4.863  1.00 37.57      B000 C
ATOM   6695  C   SER E 169       1.143  92.402  -3.936  1.00 34.54      B000 C
ATOM   6696  O   SER E 169       2.169  92.574  -3.280  1.00 36.05      B000 O
ATOM   6697  CB  SER E 169       0.978  93.141  -6.308  1.00 33.43      B000 C
ATOM   6698  OG  SER E 169       2.306  92.629  -6.362  1.00 34.63      B000 O
ATOM   6699  N   ARG E 170       0.449  91.272  -3.899  1.00 35.37      B000 N
ATOM   6700  CA  ARG E 170       0.918  90.093  -3.184  1.00 37.90      B000 C
ATOM   6701  C   ARG E 170       0.997  88.896  -4.131  1.00 35.62      B000 C
ATOM   6702  O   ARG E 170       0.924  87.742  -3.715  1.00 37.12      B000 O
ATOM   6703  CB  ARG E 170       0.028  89.827  -1.967  1.00 36.19      B000 C
ATOM   6704  CG  ARG E 170       0.216  90.900  -0.870  1.00 40.70      B000 C
ATOM   6705  CD  ARG E 170      -0.749  90.780   0.304  1.00 45.71      B000 C
ATOM   6706  NE  ARG E 170      -2.082  91.308  -0.011  1.00 51.47      B000 N
ATOM   6707  CZ  ARG E 170      -3.156  91.221   0.782  1.00 53.18      B000 C
ATOM   6708  NH1 ARG E 170      -3.089  90.606   1.963  1.00 52.87      B000 N1+
ATOM   6709  NH2 ARG E 170      -4.315  91.737   0.384  1.00 52.00      B000 N
ATOM   6710  N   SER E 171       1.194  89.177  -5.414  1.00 34.01      B000 N
ATOM   6711  CA  SER E 171       1.334  88.153  -6.435  1.00 37.47      B000 C
ATOM   6712  C   SER E 171       2.092  88.761  -7.607  1.00 36.87      B000 C
ATOM   6713  O   SER E 171       2.269  89.978  -7.692  1.00 35.85      B000 O
ATOM   6714  CB  SER E 171      -0.030  87.625  -6.873  1.00 33.20      B000 C
ATOM   6715  OG  SER E 171      -0.796  88.688  -7.418  1.00 38.78      B000 O
ATOM   6716  N   GLY E 172       2.519  87.895  -8.521  1.00 30.60      B000 N
ATOM   6717  CA  GLY E 172       3.411  88.281  -9.590  1.00 32.88      B000 C
ATOM   6718  C   GLY E 172       2.710  88.558 -10.905  1.00 33.42      B000 C
ATOM   6719  O   GLY E 172       1.628  88.050 -11.168  1.00 38.97      B000 O
ATOM   6720  N   LYS E 173       3.360  89.389 -11.723  1.00 34.61      B000 N
ATOM   6721  CA  LYS E 173       2.968  89.700 -13.090  1.00 31.95      B000 C
ATOM   6722  C   LYS E 173       4.217  90.055 -13.875  1.00 32.50      B000 C
ATOM   6723  O   LYS E 173       5.168  90.618 -13.327  1.00 29.30      B000 O
ATOM   6724  CB  LYS E 173       1.999  90.887 -13.185  1.00 35.19      B000 C
ATOM   6725  CG  LYS E 173       0.540  90.586 -12.876  1.00 36.71      B000 C
ATOM   6726  CD  LYS E 173      -0.272  91.847 -13.150  1.00 36.28      B000 C
ATOM   6727  CE  LYS E 173      -1.752  91.726 -12.775  1.00 37.38      B000 C
ATOM   6728  NZ  LYS E 173      -2.515  90.874 -13.720  1.00 40.13      B000 N1+
ATOM   6729  N   ALA E 174       4.199  89.739 -15.165  1.00 34.25      B000 N
ATOM   6730  CA  ALA E 174       5.174  90.319 -16.074  1.00 31.99      B000 C
ATOM   6731  C   ALA E 174       5.058  91.834 -16.026  1.00 33.17      B000 C
ATOM   6732  O   ALA E 174       3.962  92.387 -15.834  1.00 28.18      B000 O
ATOM   6733  CB  ALA E 174       4.938  89.837 -17.503  1.00 26.95      B000 C
ATOM   6734  N   TRP E 175       6.199  92.506 -16.231  1.00 27.62      B000 N
ATOM   6735  CA  TRP E 175       6.257  93.962 -16.080  1.00 28.95      B000 C
ATOM   6736  C   TRP E 175       5.178  94.667 -16.903  1.00 31.61      B000 C
ATOM   6737  O   TRP E 175       4.487  95.560 -16.403  1.00 35.29      B000 O
ATOM   6738  CB  TRP E 175       7.641  94.464 -16.472  1.00 34.77      B000 C
ATOM   6739  CG  TRP E 175       7.893  95.874 -16.085  1.00 35.77      B000 C
```

```
ATOM   6740  CD1 TRP E 175       8.505  96.308 -14.950  1.00 35.08      B000 C
ATOM   6741  CD2 TRP E 175       7.574  97.046 -16.846  1.00 33.62      B000 C
ATOM   6742  NE1 TRP E 175       8.582  97.688 -14.946  1.00 39.22      B000 N
ATOM   6743  CE2 TRP E 175       8.021  98.164 -16.099  1.00 37.24      B000 C
ATOM   6744  CE3 TRP E 175       6.965  97.259 -18.086  1.00 30.92      B000 C
ATOM   6745  CZ2 TRP E 175       7.878  99.471 -16.550  1.00 34.67      B000 C
ATOM   6746  CZ3 TRP E 175       6.812  98.559 -18.531  1.00 41.35      B000 C
ATOM   6747  CH2 TRP E 175       7.273  99.651 -17.769  1.00 41.09      B000 C
ATOM   6748  N   ALA E 176       5.003  94.268 -18.164  1.00 31.68      B000 N
ATOM   6749  CA  ALA E 176       4.017  94.938 -19.011  1.00 34.92      B000 C
ATOM   6750  C   ALA E 176       2.598  94.731 -18.504  1.00 42.84      B000 C
ATOM   6751  O   ALA E 176       1.760  95.625 -18.637  1.00 44.50      B000 O
ATOM   6752  CB  ALA E 176       4.121  94.464 -20.459  1.00 27.15      B000 C
ATOM   6753  N   ASP E 177       2.296  93.569 -17.928  1.00 38.72      B000 N
ATOM   6754  CA  ASP E 177       0.959  93.397 -17.376  1.00 38.20      B000 C
ATOM   6755  C   ASP E 177       0.800  94.189 -16.085  1.00 37.56      B000 C
ATOM   6756  O   ASP E 177      -0.277  94.742 -15.824  1.00 35.06      B000 O
ATOM   6757  CB  ASP E 177       0.658  91.915 -17.144  1.00 38.76      B000 C
ATOM   6758  CG  ASP E 177       0.524  91.144 -18.441  1.00 44.40      B000 C
ATOM   6759  OD1 ASP E 177      -0.060  91.696 -19.397  1.00 46.46      B000 O
ATOM   6760  OD2 ASP E 177       1.027  90.000 -18.513  1.00 46.19      B000 O1-
ATOM   6761  N   ALA E 178       1.851  94.231 -15.255  1.00 34.06      B000 N
ATOM   6762  CA  ALA E 178       1.810  95.046 -14.045  1.00 37.97      B000 C
ATOM   6763  C   ALA E 178       1.710  96.521 -14.403  1.00 38.84      B000 C
ATOM   6764  O   ALA E 178       1.028  97.294 -13.722  1.00 36.52      B000 O
ATOM   6765  CB  ALA E 178       3.040  94.776 -13.174  1.00 36.54      B000 C
ATOM   6766  N   ASP E 179       2.391  96.921 -15.471  1.00 38.85      B000 N
ATOM   6767  CA  ASP E 179       2.284  98.283 -15.969  1.00 39.27      B000 C
ATOM   6768  C   ASP E 179       0.840  98.610 -16.344  1.00 44.49      B000 C
ATOM   6769  O   ASP E 179       0.287  99.630 -15.911  1.00 43.34      B000 O
ATOM   6770  CB  ASP E 179       3.233  98.437 -17.155  1.00 41.76      B000 C
ATOM   6771  CG  ASP E 179       3.180  99.817 -17.795  1.00 53.27      B000 C
ATOM   6772  OD1 ASP E 179       3.353 100.836 -17.081  1.00 46.80      B000 O
ATOM   6773  OD2 ASP E 179       2.980  99.863 -19.031  1.00 46.92      B000 O1-
ATOM   6774  N   ASN E 180       0.193  97.723 -17.106  1.00 42.03      B000 N
ATOM   6775  CA  ASN E 180      -1.199  97.957 -17.482  1.00 44.06      B000 C
ATOM   6776  C   ASN E 180      -2.105  97.976 -16.261  1.00 47.76      B000 C
ATOM   6777  O   ASN E 180      -3.071  98.746 -16.212  1.00 47.34      B000 O
ATOM   6778  CB  ASN E 180      -1.687  96.905 -18.488  1.00 43.06      B000 C
ATOM   6779  CG  ASN E 180      -1.015  97.046 -19.870  1.00 67.38      B000 C
ATOM   6780  OD1 ASN E 180      -0.489  98.113 -20.216  1.00 70.80      B000 O
ATOM   6781  ND2 ASN E 180      -1.053  95.971 -20.670  1.00 65.59      B000 N
ATOM   6782  N   TYR E 181      -1.826  97.126 -15.271  1.00 39.12      B000 N
ATOM   6783  CA  TYR E 181      -2.653  97.125 -14.068  1.00 43.01      B000 C
ATOM   6784  C   TYR E 181      -2.651  98.498 -13.388  1.00 42.74      B000 C
ATOM   6785  O   TYR E 181      -3.710  99.015 -13.016  1.00 42.29      B000 O
ATOM   6786  CB  TYR E 181      -2.191  96.021 -13.109  1.00 37.06      B000 C
ATOM   6787  CG  TYR E 181      -2.917  96.012 -11.794  1.00 38.21      B000 C
ATOM   6788  CD1 TYR E 181      -2.558  96.897 -10.772  1.00 34.22      B000 C
ATOM   6789  CD2 TYR E 181      -3.956  95.118 -11.558  1.00 37.19      B000 C
ATOM   6790  CE1 TYR E 181      -3.234  96.912  -9.562  1.00 38.89      B000 C
ATOM   6791  CE2 TYR E 181      -4.640  95.112 -10.337  1.00 36.01      B000 C
ATOM   6792  CZ  TYR E 181      -4.276  96.010  -9.345  1.00 44.74      B000 C
ATOM   6793  OH  TYR E 181      -4.927  95.998  -8.128  1.00 40.18      B000 O
ATOM   6794  N   CYS E 182      -1.472  99.100 -13.203  1.00 38.84      B000 N
ATOM   6795  CA  CYS E 182      -1.422 100.388 -12.511  1.00 45.63      B000 C
ATOM   6796  C   CYS E 182      -2.149 101.467 -13.312  1.00 47.11      B000 C
ATOM   6797  O   CYS E 182      -2.911 102.262 -12.747  1.00 44.58      B000 O
ATOM   6798  CB  CYS E 182       0.031 100.804 -12.239  1.00 42.50      B000 C
ATOM   6799  SG  CYS E 182       0.953  99.774 -11.010  1.00 49.37      B000 S
ATOM   6800  N   ARG E 183      -1.957 101.483 -14.636  1.00 46.95      B000 N
ATOM   6801  CA  ARG E 183      -2.612 102.478 -15.481  1.00 44.11      B000 C
ATOM   6802  C   ARG E 183      -4.130 102.366 -15.394  1.00 50.00      B000 C
ATOM   6803  O   ARG E 183      -4.833 103.386 -15.359  1.00 44.76      B000 O
ATOM   6804  CB  ARG E 183      -2.113 102.348 -16.926  1.00 40.71      B000 C
ATOM   6805  CG  ARG E 183      -0.821 103.153 -17.173  1.00 63.11      B000 C
ATOM   6806  CD  ARG E 183       0.070 102.668 -18.340  1.00 66.43      B000 C
ATOM   6807  NE  ARG E 183       1.428 103.228 -18.202  1.00 85.06      B000 N
ATOM   6808  CZ  ARG E 183       2.473 102.943 -18.989  1.00 82.14      B000 C
ATOM   6809  NH1 ARG E 183       2.333 102.088 -19.998  1.00 86.34      B000 N1+
ATOM   6810  NH2 ARG E 183       3.667 103.501 -18.759  1.00 56.98      B000 N
```

```
ATOM   6811  N   LEU E 184      -4.656 101.136 -15.327  1.00 45.91      B000 N
ATOM   6812  CA  LEU E 184      -6.094 100.958 -15.156  1.00 43.34      B000 C
ATOM   6813  C   LEU E 184      -6.575 101.442 -13.804  1.00 44.25      B000 C
ATOM   6814  O   LEU E 184      -7.769 101.694 -13.646  1.00 51.06      B000 O
ATOM   6815  CB  LEU E 184      -6.497  99.490 -15.302  1.00 47.73      B000 C
ATOM   6816  CG  LEU E 184      -6.471  98.840 -16.680  1.00 54.62      B000 C
ATOM   6817  CD1 LEU E 184      -6.890  97.380 -16.546  1.00 41.74      B000 C
ATOM   6818  CD2 LEU E 184      -7.353  99.606 -17.678  1.00 43.16      B000 C
ATOM   6819  N   GLU E 185      -5.685 101.579 -12.827  1.00 49.85      B000 N
ATOM   6820  CA  GLU E 185      -6.032 102.169 -11.541  1.00 49.61      B000 C
ATOM   6821  C   GLU E 185      -5.766 103.658 -11.502  1.00 48.64      B000 C
ATOM   6822  O   GLU E 185      -5.704 104.233 -10.412  1.00 53.97      B000 O
ATOM   6823  CB  GLU E 185      -5.258 101.484 -10.416  1.00 52.10      B000 C
ATOM   6824  CG  GLU E 185      -5.516 100.002 -10.355  1.00 58.31      B000 C
ATOM   6825  CD  GLU E 185      -6.899  99.698  -9.827  1.00 64.50      B000 C
ATOM   6826  OE1 GLU E 185      -7.284 100.277  -8.780  1.00 62.30      B000 O
ATOM   6827  OE2 GLU E 185      -7.614  98.911 -10.485  1.00 74.36      B000 O1-
ATOM   6828  N   ASP E 186      -5.571 104.286 -12.662  1.00 44.48      B000 N
ATOM   6829  CA  ASP E 186      -5.173 105.692 -12.731  1.00 54.36      B000 C
ATOM   6830  C   ASP E 186      -3.929 105.951 -11.874  1.00 51.31      B000 C
ATOM   6831  O   ASP E 186      -3.859 106.883 -11.069  1.00 57.99      B000 O
ATOM   6832  CB  ASP E 186      -6.337 106.604 -12.332  1.00 56.91      B000 C
ATOM   6833  CG  ASP E 186      -6.105 108.048 -12.733  1.00 74.54      B000 C
ATOM   6834  OD1 ASP E 186      -5.482 108.279 -13.798  1.00 78.01      B000 O
ATOM   6835  OD2 ASP E 186      -6.541 108.948 -11.982  1.00 75.17      B000 O1-
ATOM   6836  N   ALA E 187      -2.940 105.083 -12.033  1.00 50.91      B000 N
ATOM   6837  CA  ALA E 187      -1.713 105.165 -11.265  1.00 42.37      B000 C
ATOM   6838  C   ALA E 187      -0.593 104.718 -12.183  1.00 37.72      B000 C
ATOM   6839  O   ALA E 187      -0.810 104.469 -13.372  1.00 44.89      B000 O
ATOM   6840  CB  ALA E 187      -1.820 104.332  -9.980  1.00 41.53      B000 C
ATOM   6841  N   HIS E 188       0.612 104.603 -11.641  1.00 40.45      B000 N
ATOM   6842  CA  HIS E 188       1.724 104.095 -12.422  1.00 40.26      B000 C
ATOM   6843  C   HIS E 188       2.622 103.249 -11.526  1.00 42.46      B000 C
ATOM   6844  O   HIS E 188       2.526 103.288 -10.296  1.00 40.81      B000 O
ATOM   6845  CB  HIS E 188       2.499 105.237 -13.079  1.00 40.08      B000 C
ATOM   6846  CG  HIS E 188       2.996 106.266 -12.107  1.00 47.93      B000 C
ATOM   6847  ND1 HIS E 188       4.133 106.085 -11.346  1.00 46.18      B000 N
ATOM   6848  CD2 HIS E 188       2.508 107.486 -11.772  1.00 40.80      B000 C
ATOM   6849  CE1 HIS E 188       4.327 107.151 -10.587  1.00 51.18      B000 C
ATOM   6850  NE2 HIS E 188       3.358 108.017 -10.829  1.00 50.42      B000 N
ATOM   6851  N   LEU E 189       3.518 102.490 -12.157  1.00 37.36      B000 N
ATOM   6852  CA  LEU E 189       4.459 101.686 -11.393  1.00 38.98      B000 C
ATOM   6853  C   LEU E 189       5.384 102.583 -10.588  1.00 38.79      B000 C
ATOM   6854  O   LEU E 189       5.766 103.663 -11.040  1.00 44.62      B000 O
ATOM   6855  CB  LEU E 189       5.264 100.782 -12.324  1.00 42.15      B000 C
ATOM   6856  CG  LEU E 189       4.561  99.535 -12.851  1.00 38.45      B000 C
ATOM   6857  CD1 LEU E 189       5.376  98.948 -13.979  1.00 31.59      B000 C
ATOM   6858  CD2 LEU E 189       4.384  98.533 -11.707  1.00 36.53      B000 C
ATOM   6859  N   VAL E 190       5.742 102.130  -9.386  1.00 33.02      B000 N
ATOM   6860  CA  VAL E 190       6.360 103.022  -8.410  1.00 37.67      B000 C
ATOM   6861  C   VAL E 190       7.627 103.653  -8.977  1.00 41.59      B000 C
ATOM   6862  O   VAL E 190       8.477 102.978  -9.571  1.00 39.37      B000 O
ATOM   6863  CB  VAL E 190       6.626 102.274  -7.093  1.00 40.50      B000 C
ATOM   6864  CG1 VAL E 190       7.570 101.068  -7.292  1.00 36.01      B000 C
ATOM   6865  CG2 VAL E 190       7.216 103.229  -6.056  1.00 39.66      B000 C
ATOM   6866  N   VAL E 191       7.751 104.967  -8.792  1.00 42.38      B000 N
ATOM   6867  CA  VAL E 191       8.934 105.734  -9.169  1.00 38.93      B000 C
ATOM   6868  C   VAL E 191       9.618 106.183  -7.886  1.00 41.89      B000 C
ATOM   6869  O   VAL E 191       8.994 106.850  -7.054  1.00 49.00      B000 O
ATOM   6870  CB  VAL E 191       8.569 106.923 -10.062  1.00 39.27      B000 C
ATOM   6871  CG1 VAL E 191       9.802 107.734 -10.381  1.00 41.98      B000 C
ATOM   6872  CG2 VAL E 191       7.920 106.410 -11.351  1.00 37.38      B000 C
ATOM   6873  N   VAL E 192      10.885 105.796  -7.712  1.00 36.78      B000 N
ATOM   6874  CA  VAL E 192      11.606 106.006  -6.456  1.00 43.13      B000 C
ATOM   6875  C   VAL E 192      12.466 107.255  -6.601  1.00 46.90      B000 C
ATOM   6876  O   VAL E 192      13.429 107.274  -7.375  1.00 45.02      B000 O
ATOM   6877  CB  VAL E 192      12.459 104.793  -6.065  1.00 41.45      B000 C
ATOM   6878  CG1 VAL E 192      13.073 105.013  -4.679  1.00 35.87      B000 C
ATOM   6879  CG2 VAL E 192      11.618 103.512  -6.094  1.00 37.77      B000 C
ATOM   6880  N   THR E 193      12.117 108.311  -5.870  1.00 47.21      B000 N
ATOM   6881  CA  THR E 193      12.800 109.589  -6.012  1.00 54.54      B000 C
```

```
ATOM   6882  C   THR E 193      13.689 109.963  -4.828  1.00 53.96      B000 C
ATOM   6883  O   THR E 193      14.342 111.005  -4.886  1.00 57.35      B000 O
ATOM   6884  CB  THR E 193      11.775 110.701  -6.279  1.00 47.81      B000 C
ATOM   6885  OG1 THR E 193      10.889 110.829  -5.158  1.00 54.26      B000 O
ATOM   6886  CG2 THR E 193      10.954 110.359  -7.522  1.00 49.33      B000 C
ATOM   6887  N   SER E 194      13.765 109.142  -3.779  1.00 50.25      B000 N
ATOM   6888  CA  SER E 194      14.493 109.535  -2.577  1.00 47.10      B000 C
ATOM   6889  C   SER E 194      14.737 108.321  -1.701  1.00 54.45      B000 C
ATOM   6890  O   SER E 194      14.097 107.277  -1.857  1.00 55.35      B000 O
ATOM   6891  CB  SER E 194      13.727 110.596  -1.779  1.00 50.58      B000 C
ATOM   6892  OG  SER E 194      12.588 110.027  -1.152  1.00 52.89      B000 O
ATOM   6893  N   TRP E 195      15.656 108.488  -0.749  1.00 54.05      B000 N
ATOM   6894  CA  TRP E 195      15.954 107.418   0.196  1.00 53.90      B000 C
ATOM   6895  C   TRP E 195      14.742 107.048   1.047  1.00 56.80      B000 C
ATOM   6896  O   TRP E 195      14.512 105.862   1.323  1.00 53.39      B000 O
ATOM   6897  CB  TRP E 195      17.124 107.822   1.086  1.00 52.43      B000 C
ATOM   6898  CG  TRP E 195      18.407 107.331   0.552  1.00 62.39      B000 C
ATOM   6899  CD1 TRP E 195      19.444 108.092   0.068  1.00 63.42      B000 C
ATOM   6900  CD2 TRP E 195      18.804 105.965   0.402  1.00 65.61      B000 C
ATOM   6901  NE1 TRP E 195      20.464 107.278  -0.362  1.00 65.18      B000 N
ATOM   6902  CE2 TRP E 195      20.100 105.969  -0.170  1.00 69.72      B000 C
ATOM   6903  CE3 TRP E 195      18.199 104.739   0.703  1.00 59.71      B000 C
ATOM   6904  CZ2 TRP E 195      20.797 104.792  -0.447  1.00 59.79      B000 C
ATOM   6905  CZ3 TRP E 195      18.890 103.571   0.425  1.00 54.31      B000 C
ATOM   6906  CH2 TRP E 195      20.174 103.605  -0.142  1.00 59.74      B000 C
ATOM   6907  N   GLU E 196      13.961 108.038   1.487  1.00 55.10      B000 N
ATOM   6908  CA  GLU E 196      12.781 107.723   2.292  1.00 58.29      B000 C
ATOM   6909  C   GLU E 196      11.786 106.895   1.505  1.00 53.21      B000 C
ATOM   6910  O   GLU E 196      11.299 105.874   1.999  1.00 56.81      B000 O
ATOM   6911  CB  GLU E 196      12.127 108.987   2.849  1.00 67.43      B000 C
ATOM   6912  CG  GLU E 196      12.825 109.494   4.092  1.00 75.36      B000 C
ATOM   6913  CD  GLU E 196      14.139 110.132   3.758  1.00 90.49      B000 C
ATOM   6914  OE1 GLU E 196      14.259 110.606   2.610  1.00 89.70      B000 O
ATOM   6915  OE2 GLU E 196      15.055 110.128   4.613  1.00 94.74      B000 O1-
ATOM   6916  N   GLU E 197      11.460 107.326   0.281  1.00 51.77      B000 N
ATOM   6917  CA  GLU E 197      10.589 106.525  -0.570  1.00 52.50      B000 C
ATOM   6918  C   GLU E 197      11.155 105.116  -0.740  1.00 51.92      B000 C
ATOM   6919  O   GLU E 197      10.436 104.125  -0.567  1.00 48.95      B000 O
ATOM   6920  CB  GLU E 197      10.376 107.217  -1.920  1.00 44.93      B000 C
ATOM   6921  CG  GLU E 197       9.163 106.692  -2.685  1.00 46.53      B000 C
ATOM   6922  CD  GLU E 197       8.827 107.482  -3.949  1.00 48.66      B000 C
ATOM   6923  OE1 GLU E 197       9.651 108.313  -4.402  1.00 48.86      B000 O
ATOM   6924  OE2 GLU E 197       7.727 107.257  -4.507  1.00 50.40      B000 O1-
ATOM   6925  N   GLN E 198      12.462 105.006  -1.006  1.00 45.93      B000 N
ATOM   6926  CA  GLN E 198      13.088 103.692  -1.102  1.00 44.41      B000 C
ATOM   6927  C   GLN E 198      12.894 102.888   0.183  1.00 52.88      B000 C
ATOM   6928  O   GLN E 198      12.542 101.701   0.145  1.00 50.74      B000 O
ATOM   6929  CB  GLN E 198      14.572 103.831  -1.416  1.00 39.60      B000 C
ATOM   6930  CG  GLN E 198      15.367 102.576  -1.148  1.00 36.79      B000 C
ATOM   6931  CD  GLN E 198      15.210 101.541  -2.254  1.00 42.68      B000 C
ATOM   6932  OE1 GLN E 198      14.942 101.881  -3.399  1.00 38.01      B000 O
ATOM   6933  NE2 GLN E 198      15.359 100.273  -1.906  1.00 40.53      B000 N
ATOM   6934  N   LYS E 199      13.135 103.512   1.337  1.00 51.74      B000 N
ATOM   6935  CA  LYS E 199      13.004 102.770   2.587  1.00 50.49      B000 C
ATOM   6936  C   LYS E 199      11.544 102.452   2.890  1.00 51.58      B000 C
ATOM   6937  O   LYS E 199      11.242 101.379   3.427  1.00 48.97      B000 O
ATOM   6938  CB  LYS E 199      13.670 103.539   3.731  1.00 53.77      B000 C
ATOM   6939  CG  LYS E 199      15.157 103.755   3.500  1.00 55.44      B000 C
ATOM   6940  CD  LYS E 199      15.992 103.547   4.755  1.00 75.31      B000 C
ATOM   6941  CE  LYS E 199      17.390 104.165   4.583  1.00 85.03      B000 C
ATOM   6942  NZ  LYS E 199      18.151 104.301   5.862  1.00 83.45      B000 N1+
ATOM   6943  N   PHE E 200      10.631 103.358   2.531  1.00 48.81      B000 N
ATOM   6944  CA  PHE E 200       9.204 103.098   2.691  1.00 48.98      B000 C
ATOM   6945  C   PHE E 200       8.773 101.845   1.931  1.00 55.28      B000 C
ATOM   6946  O   PHE E 200       8.032 101.010   2.465  1.00 54.84      B000 O
ATOM   6947  CB  PHE E 200       8.406 104.312   2.224  1.00 46.91      B000 C
ATOM   6948  CG  PHE E 200       6.965 104.034   2.006  1.00 50.71      B000 C
ATOM   6949  CD1 PHE E 200       6.112 103.847   3.085  1.00 53.71      B000 C
ATOM   6950  CD2 PHE E 200       6.449 103.965   0.722  1.00 51.62      B000 C
ATOM   6951  CE1 PHE E 200       4.756 103.588   2.891  1.00 52.00      B000 C
ATOM   6952  CE2 PHE E 200       5.097 103.710   0.512  1.00 50.54      B000 C
```

```
ATOM   6953  CZ  PHE E 200       4.248 103.518   1.605  1.00 54.40      B000 C
ATOM   6954  N   VAL E 201       9.229 101.697   0.680  1.00 51.49      B000 N
ATOM   6955  CA  VAL E 201       8.826 100.553  -0.137  1.00 48.07      B000 C
ATOM   6956  C   VAL E 201       9.420  99.254   0.413  1.00 49.06      B000 C
ATOM   6957  O   VAL E 201       8.706  98.253   0.569  1.00 46.98      B000 O
ATOM   6958  CB  VAL E 201       9.208 100.788  -1.611  1.00 46.66      B000 C
ATOM   6959  CG1 VAL E 201       9.067  99.495  -2.434  1.00 41.41      B000 C
ATOM   6960  CG2 VAL E 201       8.349 101.902  -2.212  1.00 37.70      B000 C
ATOM   6961  N   GLN E 202      10.728  99.252   0.723  1.00 49.32      B000 N
ATOM   6962  CA  GLN E 202      11.380  98.063   1.284  1.00 50.74      B000 C
ATOM   6963  C   GLN E 202      10.622  97.528   2.481  1.00 51.55      B000 C
ATOM   6964  O   GLN E 202      10.464  96.310   2.640  1.00 56.45      B000 O
ATOM   6965  CB  GLN E 202      12.803  98.371   1.749  1.00 47.47      B000 C
ATOM   6966  CG  GLN E 202      13.739  98.831   0.710  1.00 55.69      B000 C
ATOM   6967  CD  GLN E 202      15.139  98.987   1.254  1.00 56.47      B000 C
ATOM   6968  OE1 GLN E 202      15.907  99.831   0.790  1.00 57.62      B000 O
ATOM   6969  NE2 GLN E 202      15.490  98.154   2.219  1.00 53.11      B000 N
ATOM   6970  N   HIS E 203      10.189  98.433   3.360  1.00 51.67      B000 N
ATOM   6971  CA  HIS E 203       9.452  98.030   4.546  1.00 53.23      B000 C
ATOM   6972  C   HIS E 203       8.230  97.215   4.173  1.00 58.75      B000 C
ATOM   6973  O   HIS E 203       7.901  96.227   4.840  1.00 59.40      B000 O
ATOM   6974  CB  HIS E 203       9.043  99.256   5.346  1.00 52.17      B000 C
ATOM   6975  CG  HIS E 203       8.280  98.924   6.587  1.00 63.88      B000 C
ATOM   6976  ND1 HIS E 203       6.924  99.142   6.710  1.00 66.92      B000 N
ATOM   6977  CD2 HIS E 203       8.681  98.359   7.750  1.00 59.72      B000 C
ATOM   6978  CE1 HIS E 203       6.525  98.741   7.904  1.00 64.58      B000 C
ATOM   6979  NE2 HIS E 203       7.572  98.265   8.555  1.00 67.38      B000 N
ATOM   6980  N   HIS E 204       7.548  97.609   3.105  1.00 51.87      B000 N
ATOM   6981  CA  HIS E 204       6.320  96.930   2.742  1.00 47.42      B000 C
ATOM   6982  C   HIS E 204       6.528  95.712   1.851  1.00 45.87      B000 C
ATOM   6983  O   HIS E 204       5.734  94.781   1.934  1.00 46.13      B000 O
ATOM   6984  CB  HIS E 204       5.375  97.925   2.086  1.00 43.64      B000 C
ATOM   6985  CG  HIS E 204       4.761  98.864   3.071  1.00 55.52      B000 C
ATOM   6986  ND1 HIS E 204       5.277 100.116   3.331  1.00 62.43      B000 N
ATOM   6987  CD2 HIS E 204       3.719  98.703   3.917  1.00 51.63      B000 C
ATOM   6988  CE1 HIS E 204       4.551 100.702   4.265  1.00 56.76      B000 C
ATOM   6989  NE2 HIS E 204       3.598  99.867   4.634  1.00 58.19      B000 N
ATOM   6990  N   ILE E 205       7.554  95.673   0.998  1.00 45.67      B000 N
ATOM   6991  CA  ILE E 205       7.676  94.532   0.097  1.00 43.17      B000 C
ATOM   6992  C   ILE E 205       8.408  93.363   0.749  1.00 43.69      B000 C
ATOM   6993  O   ILE E 205       8.193  92.215   0.356  1.00 42.25      B000 O
ATOM   6994  CB  ILE E 205       8.346  94.913  -1.235  1.00 39.71      B000 C
ATOM   6995  CG1 ILE E 205       9.791  95.341  -1.023  1.00 34.62      B000 C
ATOM   6996  CG2 ILE E 205       7.572  96.011  -1.954  1.00 32.37      B000 C
ATOM   6997  CD1 ILE E 205      10.470  95.665  -2.317  1.00 33.57      B000 C
ATOM   6998  N   GLY E 206       9.273  93.616   1.728  1.00 45.56      B000 N
ATOM   6999  CA  GLY E 206      10.038  92.555   2.352  1.00 38.77      B000 C
ATOM   7000  C   GLY E 206      11.058  91.943   1.409  1.00 45.53      B000 C
ATOM   7001  O   GLY E 206      11.640  92.616   0.551  1.00 53.68      B000 O
ATOM   7002  N   PRO E 207      11.268  90.646   1.525  1.00 41.49      B000 N
ATOM   7003  CA  PRO E 207      12.312  89.995   0.720  1.00 48.79      B000 C
ATOM   7004  C   PRO E 207      11.816  89.452  -0.616  1.00 39.32      B000 C
ATOM   7005  O   PRO E 207      12.233  88.359  -0.999  1.00 49.37      B000 O
ATOM   7006  CB  PRO E 207      12.736  88.837   1.624  1.00 42.37      B000 C
ATOM   7007  CG  PRO E 207      11.386  88.411   2.205  1.00 39.72      B000 C
ATOM   7008  CD  PRO E 207      10.597  89.687   2.422  1.00 38.72      B000 C
ATOM   7009  N   VAL E 208      10.949  90.169  -1.333  1.00 40.46      B000 N
ATOM   7010  CA  VAL E 208      10.315  89.659  -2.546  1.00 37.68      B000 C
ATOM   7011  C   VAL E 208      10.706  90.542  -3.729  1.00 38.16      B000 C
ATOM   7012  O   VAL E 208      10.561  91.767  -3.665  1.00 39.77      B000 O
ATOM   7013  CB  VAL E 208       8.785  89.601  -2.383  1.00 40.03      B000 C
ATOM   7014  CG1 VAL E 208       8.133  88.976  -3.608  1.00 32.03      B000 C
ATOM   7015  CG2 VAL E 208       8.427  88.819  -1.106  1.00 41.62      B000 C
ATOM   7016  N   ASN E 209      11.186  89.917  -4.812  1.00 35.17      B000 N
ATOM   7017  CA  ASN E 209      11.506  90.657  -6.028  1.00 30.25      B000 C
ATOM   7018  C   ASN E 209      10.268  91.389  -6.522  1.00 39.60      B000 C
ATOM   7019  O   ASN E 209       9.189  90.792  -6.646  1.00 35.43      B000 O
ATOM   7020  CB  ASN E 209      12.020  89.710  -7.105  1.00 33.04      B000 C
ATOM   7021  CG  ASN E 209      13.430  89.196  -6.817  1.00 37.45      B000 C
ATOM   7022  OD1 ASN E 209      14.282  89.914  -6.286  1.00 39.88      B000 O
ATOM   7023  ND2 ASN E 209      13.676  87.948  -7.166  1.00 34.14      B000 N
```

```
ATOM   7024  N   THR E 210      10.417  92.686  -6.801  1.00 32.18      B000 N
ATOM   7025  CA  THR E 210       9.258  93.553  -6.998  1.00 34.27      B000 C
ATOM   7026  C   THR E 210       9.571  94.589  -8.068  1.00 34.48      B000 C
ATOM   7027  O   THR E 210      10.533  95.349  -7.932  1.00 31.68      B000 O
ATOM   7028  CB  THR E 210       8.864  94.225  -5.667  1.00 33.37      B000 C
ATOM   7029  OG1 THR E 210       8.661  93.210  -4.675  1.00 35.38      B000 O
ATOM   7030  CG2 THR E 210       7.604  95.081  -5.789  1.00 26.61      B000 C
ATOM   7031  N   TRP E 211       8.743  94.626  -9.112  1.00 29.97      B000 N
ATOM   7032  CA  TRP E 211       8.933  95.562 -10.208  1.00 27.14      B000 C
ATOM   7033  C   TRP E 211       8.801  97.006  -9.731  1.00 35.31      B000 C
ATOM   7034  O   TRP E 211       7.981  97.316  -8.863  1.00 35.67      B000 O
ATOM   7035  CB  TRP E 211       7.887  95.312 -11.297  1.00 30.90      B000 C
ATOM   7036  CG  TRP E 211       8.066  94.071 -12.124  1.00 34.50      B000 C
ATOM   7037  CD1 TRP E 211       7.104  93.138 -12.433  1.00 29.56      B000 C
ATOM   7038  CD2 TRP E 211       9.267  93.640 -12.788  1.00 34.63      B000 C
ATOM   7039  NE1 TRP E 211       7.630  92.160 -13.254  1.00 28.60      B000 N
ATOM   7040  CE2 TRP E 211       8.955  92.439 -13.482  1.00 35.28      B000 C
ATOM   7041  CE3 TRP E 211      10.575  94.146 -12.860  1.00 35.02      B000 C
ATOM   7042  CZ2 TRP E 211       9.904  91.741 -14.231  1.00 29.26      B000 C
ATOM   7043  CZ3 TRP E 211      11.518  93.452 -13.602  1.00 36.35      B000 C
ATOM   7044  CH2 TRP E 211      11.177  92.251 -14.275  1.00 30.95      B000 C
ATOM   7045  N   MET E 212       9.605  97.895 -10.316  1.00 32.55      B000 N
ATOM   7046  CA  MET E 212       9.380  99.331 -10.239  1.00 29.40      B000 C
ATOM   7047  C   MET E 212       9.191  99.869 -11.652  1.00 37.49      B000 C
ATOM   7048  O   MET E 212       9.421  99.163 -12.641  1.00 33.69      B000 O
ATOM   7049  CB  MET E 212      10.532 100.045  -9.538  1.00 32.77      B000 C
ATOM   7050  CG  MET E 212      11.802 100.197 -10.374  1.00 37.02      B000 C
ATOM   7051  SD  MET E 212      13.201 100.683  -9.319  1.00 36.83      B000 S
ATOM   7052  CE  MET E 212      13.620  99.156  -8.467  1.00 32.94      B000 C
ATOM   7053  N   GLY E 213       8.730 101.124 -11.741  1.00 37.19      B000 N
ATOM   7054  CA  GLY E 213       8.440 101.761 -13.019  1.00 32.81      B000 C
ATOM   7055  C   GLY E 213       9.662 102.269 -13.761  1.00 40.32      B000 C
ATOM   7056  O   GLY E 213       9.719 103.432 -14.187  1.00 38.40      B000 O
ATOM   7057  N   LEU E 214      10.634 101.380 -13.941  1.00 34.17      B000 N
ATOM   7058  CA  LEU E 214      11.934 101.714 -14.503  1.00 39.27      B000 C
ATOM   7059  C   LEU E 214      12.321 100.610 -15.473  1.00 39.76      B000 C
ATOM   7060  O   LEU E 214      12.335  99.431 -15.100  1.00 41.29      B000 O
ATOM   7061  CB  LEU E 214      12.988 101.877 -13.395  1.00 36.55      B000 C
ATOM   7062  CG  LEU E 214      14.450 102.064 -13.797  1.00 42.98      B000 C
ATOM   7063  CD1 LEU E 214      14.624 103.269 -14.744  1.00 38.04      B000 C
ATOM   7064  CD2 LEU E 214      15.305 102.224 -12.529  1.00 37.75      B000 C
ATOM   7065  N   HIS E 215      12.601 100.987 -16.718  1.00 36.19      B000 N
ATOM   7066  CA  HIS E 215      12.875 100.024 -17.774  1.00 39.33      B000 C
ATOM   7067  C   HIS E 215      13.746 100.691 -18.829  1.00 41.39      B000 C
ATOM   7068  O   HIS E 215      13.843 101.921 -18.899  1.00 36.50      B000 O
ATOM   7069  CB  HIS E 215      11.588  99.528 -18.420  1.00 37.31      B000 C
ATOM   7070  CG  HIS E 215      10.877 100.605 -19.156  1.00 43.54      B000 C
ATOM   7071  ND1 HIS E 215      10.975 100.759 -20.521  1.00 59.96      B000 N
ATOM   7072  CD2 HIS E 215      10.149 101.654 -18.708  1.00 43.07      B000 C
ATOM   7073  CE1 HIS E 215      10.292 101.830 -20.888  1.00 55.73      B000 C
ATOM   7074  NE2 HIS E 215       9.780 102.387 -19.807  1.00 46.66      B000 N
ATOM   7075  N   ASP E 216      14.341  99.858 -19.680  1.00 35.15      B000 N
ATOM   7076  CA  ASP E 216      15.301 100.290 -20.686  1.00 39.15      B000 C
ATOM   7077  C   ASP E 216      14.788  99.998 -22.085  1.00 42.63      B000 C
ATOM   7078  O   ASP E 216      15.571  99.773 -23.004  1.00 42.03      B000 O
ATOM   7079  CB  ASP E 216      16.648  99.600 -20.467  1.00 41.75      B000 C
ATOM   7080  CG  ASP E 216      16.632  98.097 -20.849  1.00 44.42      B000 C
ATOM   7081  OD1 ASP E 216      15.551  97.505 -21.130  1.00 37.16      B000 O
ATOM   7082  OD2 ASP E 216      17.732  97.502 -20.848  1.00 43.61      B000 O1-
ATOM   7083  N   GLN E 217      13.476  99.947 -22.253  1.00 46.29      B000 N
ATOM   7084  CA  GLN E 217      12.991  99.214 -23.411  1.00 59.57      B000 C
ATOM   7085  C   GLN E 217      13.208  99.957 -24.721  1.00 65.22      B000 C
ATOM   7086  O   GLN E 217      13.083  99.331 -25.778  1.00 73.01      B000 O
ATOM   7087  CB  GLN E 217      11.516  98.820 -23.200  1.00 62.75      B000 C
ATOM   7088  CG  GLN E 217      11.375  97.683 -22.125  1.00 61.06      B000 C
ATOM   7089  CD  GLN E 217       9.984  97.034 -22.070  1.00 67.45      B000 C
ATOM   7090  OE1 GLN E 217       9.134  97.409 -21.253  1.00 58.29      B000 O
ATOM   7091  NE2 GLN E 217       9.759  96.044 -22.936  1.00 73.72      B000 N
ATOM   7092  N   ASN E 218      13.622 101.226 -24.688  1.00 54.85      B000 N
ATOM   7093  CA  ASN E 218      14.065 101.896 -25.900  1.00 56.88      B000 C
ATOM   7094  C   ASN E 218      15.579 101.999 -25.997  1.00 63.85      B000 C
```

```
ATOM   7095  O   ASN E 218      16.099 102.476 -27.010  1.00 65.96      B000 O
ATOM   7096  CB  ASN E 218      13.440 103.283 -25.982  1.00 68.65      B000 C
ATOM   7097  CG  ASN E 218      11.988 103.230 -26.379  1.00 76.18      B000 C
ATOM   7098  OD1 ASN E 218      11.117 103.732 -25.663  1.00 80.28      B000 O
ATOM   7099  ND2 ASN E 218      11.710 102.603 -27.524  1.00 70.77      B000 N
ATOM   7100  N   GLY E 219      16.294 101.546 -24.980  1.00 55.99      B000 N
ATOM   7101  CA  GLY E 219      17.721 101.702 -24.908  1.00 47.24      B000 C
ATOM   7102  C   GLY E 219      18.086 102.395 -23.615  1.00 46.37      B000 C
ATOM   7103  O   GLY E 219      18.657 101.797 -22.697  1.00 45.37      B000 O
ATOM   7104  N   PRO E 220      17.760 103.679 -23.515  1.00 47.23      B000 N
ATOM   7105  CA  PRO E 220      18.027 104.396 -22.266  1.00 48.53      B000 C
ATOM   7106  C   PRO E 220      17.055 103.993 -21.169  1.00 44.15      B000 C
ATOM   7107  O   PRO E 220      15.875 103.736 -21.413  1.00 47.26      B000 O
ATOM   7108  CB  PRO E 220      17.875 105.872 -22.658  1.00 43.34      B000 C
ATOM   7109  CG  PRO E 220      17.055 105.868 -23.864  1.00 50.66      B000 C
ATOM   7110  CD  PRO E 220      17.359 104.593 -24.598  1.00 46.49      B000 C
ATOM   7111  N   TRP E 221      17.592 103.878 -19.961  1.00 41.42      B000 N
ATOM   7112  CA  TRP E 221      16.767 103.695 -18.783  1.00 38.08      B000 C
ATOM   7113  C   TRP E 221      15.871 104.916 -18.561  1.00 43.21      B000 C
ATOM   7114  O   TRP E 221      16.325 106.062 -18.630  1.00 45.08      B000 O
ATOM   7115  CB  TRP E 221      17.672 103.446 -17.577  1.00 37.90      B000 C
ATOM   7116  CG  TRP E 221      18.256 102.057 -17.559  1.00 35.77      B000 C
ATOM   7117  CD1 TRP E 221      19.520 101.683 -17.939  1.00 39.29      B000 C
ATOM   7118  CD2 TRP E 221      17.586 100.853 -17.157  1.00 36.68      B000 C
ATOM   7119  NE1 TRP E 221      19.676 100.323 -17.789  1.00 39.97      B000 N
ATOM   7120  CE2 TRP E 221      18.501  99.790 -17.318  1.00 39.47      B000 C
ATOM   7121  CE3 TRP E 221      16.296 100.571 -16.676  1.00 37.85      B000 C
ATOM   7122  CZ2 TRP E 221      18.176  98.469 -16.997  1.00 34.61      B000 C
ATOM   7123  CZ3 TRP E 221      15.970  99.246 -16.364  1.00 38.91      B000 C
ATOM   7124  CH2 TRP E 221      16.909  98.220 -16.523  1.00 36.77      B000 C
ATOM   7125  N   LYS E 222      14.591 104.666 -18.298  1.00 42.42      B000 N
ATOM   7126  CA  LYS E 222      13.600 105.715 -18.110  1.00 45.91      B000 C
ATOM   7127  C   LYS E 222      12.648 105.317 -16.994  1.00 49.90      B000 C
ATOM   7128  O   LYS E 222      12.383 104.131 -16.772  1.00 45.80      B000 O
ATOM   7129  CB  LYS E 222      12.766 105.968 -19.368  1.00 48.31      B000 C
ATOM   7130  CG  LYS E 222      13.519 106.492 -20.561  1.00 57.72      B000 C
ATOM   7131  CD  LYS E 222      12.640 106.357 -21.800  1.00 65.32      B000 C
ATOM   7132  CE  LYS E 222      12.661 104.903 -22.305  1.00 75.88      B000 C
ATOM   7133  NZ  LYS E 222      12.007 104.696 -23.635  1.00 76.97      B000 N1+
ATOM   7134  N   TRP E 223      12.133 106.321 -16.298  1.00 47.14      B000 N
ATOM   7135  CA  TRP E 223      11.031 106.134 -15.372  1.00 41.03      B000 C
ATOM   7136  C   TRP E 223       9.714 106.314 -16.124  1.00 47.51      B000 C
ATOM   7137  O   TRP E 223       9.617 107.117 -17.056  1.00 50.81      B000 O
ATOM   7138  CB  TRP E 223      11.115 107.123 -14.218  1.00 39.77      B000 C
ATOM   7139  CG  TRP E 223      12.293 106.912 -13.328  1.00 40.93      B000 C
ATOM   7140  CD1 TRP E 223      13.467 107.621 -13.338  1.00 41.70      B000 C
ATOM   7141  CD2 TRP E 223      12.410 105.957 -12.270  1.00 41.60      B000 C
ATOM   7142  NE1 TRP E 223      14.311 107.148 -12.366  1.00 40.09      B000 N
ATOM   7143  CE2 TRP E 223      13.688 106.129 -11.692  1.00 39.35      B000 C
ATOM   7144  CE3 TRP E 223      11.561 104.962 -11.758  1.00 42.49      B000 C
ATOM   7145  CZ2 TRP E 223      14.141 105.342 -10.627  1.00 38.41      B000 C
ATOM   7146  CZ3 TRP E 223      12.010 104.183 -10.698  1.00 39.66      B000 C
ATOM   7147  CH2 TRP E 223      13.291 104.374 -10.147  1.00 37.68      B000 C
ATOM   7148  N   VAL E 224       8.693 105.555 -15.715  1.00 38.47      B000 N
ATOM   7149  CA  VAL E 224       7.441 105.568 -16.467  1.00 44.59      B000 C
ATOM   7150  C   VAL E 224       6.732 106.924 -16.423  1.00 46.85      B000 C
ATOM   7151  O   VAL E 224       5.908 107.197 -17.298  1.00 50.06      B000 O
ATOM   7152  CB  VAL E 224       6.487 104.458 -15.967  1.00 42.40      B000 C
ATOM   7153  CG1 VAL E 224       7.059 103.070 -16.288  1.00 42.00      B000 C
ATOM   7154  CG2 VAL E 224       6.227 104.600 -14.475  1.00 34.29      B000 C
ATOM   7155  N   ASP E 225       7.017 107.790 -15.444  1.00 48.54      B000 N
ATOM   7156  CA  ASP E 225       6.329 109.079 -15.338  1.00 53.13      B000 C
ATOM   7157  C   ASP E 225       7.149 110.250 -15.865  1.00 51.10      B000 C
ATOM   7158  O   ASP E 225       6.709 111.394 -15.749  1.00 47.62      B000 O
ATOM   7159  CB  ASP E 225       5.898 109.358 -13.886  1.00 39.25      B000 C
ATOM   7160  CG  ASP E 225       7.078 109.617 -12.948  1.00 49.56      B000 C
ATOM   7161  OD1 ASP E 225       8.244 109.417 -13.352  1.00 47.55      B000 O
ATOM   7162  OD2 ASP E 225       6.834 109.961 -11.767  1.00 55.28      B000 O1-
ATOM   7163  N   GLY E 226       8.319 110.001 -16.449  1.00 50.70      B000 N
ATOM   7164  CA  GLY E 226       9.118 111.058 -17.029  1.00 50.75      B000 C
ATOM   7165  C   GLY E 226      10.206 111.608 -16.128  1.00 49.85      B000 C
```

```
ATOM   7166  O   GLY E 226      11.083 112.321 -16.614  1.00 55.13      B000 O
ATOM   7167  N   THR E 227      10.149 111.328 -14.832  1.00 46.51      B000 N
ATOM   7168  CA  THR E 227      11.258 111.622 -13.942  1.00 42.53      B000 C
ATOM   7169  C   THR E 227      12.579 111.301 -14.624  1.00 50.97      B000 C
ATOM   7170  O   THR E 227      12.760 110.213 -15.178  1.00 57.64      B000 O
ATOM   7171  CB  THR E 227      11.117 110.795 -12.667  1.00 48.55      B000 C
ATOM   7172  OG1 THR E 227       9.834 111.037 -12.070  1.00 46.24      B000 O
ATOM   7173  CG2 THR E 227      12.226 111.120 -11.690  1.00 41.66      B000 C
ATOM   7174  N   ASP E 228      13.490 112.268 -14.601  1.00 59.03      B000 N
ATOM   7175  CA  ASP E 228      14.770 112.131 -15.280  1.00 45.94      B000 C
ATOM   7176  C   ASP E 228      15.624 111.088 -14.580  1.00 51.75      B000 C
ATOM   7177  O   ASP E 228      15.872 111.182 -13.374  1.00 56.28      B000 O
ATOM   7178  CB  ASP E 228      15.501 113.474 -15.311  1.00 47.30      B000 C
ATOM   7179  CG  ASP E 228      16.845 113.379 -15.998  1.00 56.00      B000 C
ATOM   7180  OD1 ASP E 228      16.859 113.296 -17.250  1.00 54.17      B000 O
ATOM   7181  OD2 ASP E 228      17.881 113.348 -15.290  1.00 56.42      B000 O1-
ATOM   7182  N   TYR E 229      16.112 110.114 -15.350  1.00 52.14      B000 N
ATOM   7183  CA  TYR E 229      16.829 109.000 -14.743  1.00 46.06      B000 C
ATOM   7184  C   TYR E 229      18.227 109.400 -14.287  1.00 47.79      B000 C
ATOM   7185  O   TYR E 229      18.667 108.998 -13.201  1.00 47.55      B000 O
ATOM   7186  CB  TYR E 229      16.901 107.830 -15.729  1.00 43.66      B000 C
ATOM   7187  CG  TYR E 229      17.852 106.745 -15.304  1.00 42.09      B000 C
ATOM   7188  CD1 TYR E 229      17.523 105.882 -14.269  1.00 38.14      B000 C
ATOM   7189  CD2 TYR E 229      19.090 106.594 -15.917  1.00 42.41      B000 C
ATOM   7190  CE1 TYR E 229      18.387 104.882 -13.864  1.00 40.35      B000 C
ATOM   7191  CE2 TYR E 229      19.968 105.589 -15.517  1.00 46.35      B000 C
ATOM   7192  CZ  TYR E 229      19.599 104.734 -14.486  1.00 46.45      B000 C
ATOM   7193  OH  TYR E 229      20.450 103.738 -14.064  1.00 40.57      B000 O
ATOM   7194  N   GLU E 230      18.954 110.170 -15.103  1.00 49.15      B000 N
ATOM   7195  CA  GLU E 230      20.375 110.365 -14.821  1.00 46.97      B000 C
ATOM   7196  C   GLU E 230      20.591 111.198 -13.556  1.00 51.12      B000 C
ATOM   7197  O   GLU E 230      21.457 110.879 -12.738  1.00 53.36      B000 O
ATOM   7198  CB  GLU E 230      21.082 110.992 -16.017  1.00 50.20      B000 C
ATOM   7199  CG  GLU E 230      22.607 110.803 -15.963  1.00 63.82      B000 C
ATOM   7200  CD  GLU E 230      23.021 109.363 -15.585  1.00 76.02      B000 C
ATOM   7201  OE1 GLU E 230      22.553 108.396 -16.253  1.00 66.88      B000 O
ATOM   7202  OE2 GLU E 230      23.821 109.201 -14.625  1.00 79.76      B000 O1-
ATOM   7203  N   THR E 231      19.809 112.248 -13.359  1.00 48.10      B000 N
ATOM   7204  CA  THR E 231      19.981 113.081 -12.176  1.00 56.05      B000 C
ATOM   7205  C   THR E 231      19.161 112.602 -10.988  1.00 60.28      B000 C
ATOM   7206  O   THR E 231      19.280 113.183  -9.900  1.00 51.86      B000 O
ATOM   7207  CB  THR E 231      19.606 114.531 -12.495  1.00 52.22      B000 C
ATOM   7208  OG1 THR E 231      18.217 114.591 -12.844  1.00 53.83      B000 O
ATOM   7209  CG2 THR E 231      20.445 115.043 -13.668  1.00 46.56      B000 C
ATOM   7210  N   GLY E 232      18.363 111.540 -11.160  1.00 55.84      B000 N
ATOM   7211  CA  GLY E 232      17.470 111.077 -10.123  1.00 48.35      B000 C
ATOM   7212  C   GLY E 232      18.105 110.067  -9.184  1.00 48.84      B000 C
ATOM   7213  O   GLY E 232      19.249 109.642  -9.345  1.00 44.82      B000 O
ATOM   7214  N   PHE E 233      17.313 109.679  -8.185  1.00 47.45      B000 N
ATOM   7215  CA  PHE E 233      17.724 108.672  -7.218  1.00 45.48      B000 C
ATOM   7216  C   PHE E 233      17.998 107.339  -7.920  1.00 45.39      B000 C
ATOM   7217  O   PHE E 233      17.309 106.963  -8.870  1.00 43.33      B000 O
ATOM   7218  CB  PHE E 233      16.627 108.531  -6.141  1.00 43.07      B000 C
ATOM   7219  CG  PHE E 233      16.952 107.537  -5.062  1.00 49.50      B000 C
ATOM   7220  CD1 PHE E 233      17.819 107.865  -4.031  1.00 49.13      B000 C
ATOM   7221  CD2 PHE E 233      16.393 106.267  -5.077  1.00 46.36      B000 C
ATOM   7222  CE1 PHE E 233      18.130 106.941  -3.043  1.00 56.48      B000 C
ATOM   7223  CE2 PHE E 233      16.703 105.332  -4.089  1.00 43.16      B000 C
ATOM   7224  CZ  PHE E 233      17.570 105.668  -3.073  1.00 50.08      B000 C
ATOM   7225  N   LYS E 234      19.027 106.631  -7.461  1.00 43.29      B000 N
ATOM   7226  CA  LYS E 234      19.350 105.304  -7.964  1.00 42.55      B000 C
ATOM   7227  C   LYS E 234      19.835 104.464  -6.800  1.00 48.47      B000 C
ATOM   7228  O   LYS E 234      20.501 104.989  -5.904  1.00 44.87      B000 O
ATOM   7229  CB  LYS E 234      20.433 105.329  -9.047  1.00 43.84      B000 C
ATOM   7230  CG  LYS E 234      20.093 106.096 -10.319  1.00 43.53      B000 C
ATOM   7231  CD  LYS E 234      21.305 106.028 -11.250  1.00 42.53      B000 C
ATOM   7232  CE  LYS E 234      21.235 107.016 -12.398  1.00 46.96      B000 C
ATOM   7233  NZ  LYS E 234      21.273 108.424 -11.907  1.00 55.21      B000 N1+
ATOM   7234  N   ASN E 235      19.486 103.171  -6.793  1.00 46.39      B000 N
ATOM   7235  CA  ASN E 235      19.925 102.276  -5.717  1.00 42.44      B000 C
ATOM   7236  C   ASN E 235      20.263 100.885  -6.277  1.00 41.99      B000 C
```

```
ATOM   7237  O   ASN E 235      19.881  99.849  -5.728  1.00 41.55      B000 O
ATOM   7238  CB  ASN E 235      18.867 102.211  -4.605  1.00 37.90      B000 C
ATOM   7239  CG  ASN E 235      19.353 101.448  -3.380  1.00 40.64      B000 C
ATOM   7240  OD1 ASN E 235      20.538 101.458  -3.079  1.00 45.11      B000 O
ATOM   7241  ND2 ASN E 235      18.449 100.769  -2.685  1.00 41.74      B000 N
ATOM   7242  N   TRP E 236      21.051 100.853  -7.346  1.00 39.52      B000 N
ATOM   7243  CA  TRP E 236      21.407  99.599  -7.994  1.00 37.91      B000 C
ATOM   7244  C   TRP E 236      22.266  98.720  -7.099  1.00 42.70      B000 C
ATOM   7245  O   TRP E 236      23.054  99.199  -6.281  1.00 46.72      B000 O
ATOM   7246  CB  TRP E 236      22.178  99.848  -9.299  1.00 34.60      B000 C
ATOM   7247  CG  TRP E 236      21.377 100.494 -10.396  1.00 43.16      B000 C
ATOM   7248  CD1 TRP E 236      21.452 101.794 -10.810  1.00 36.82      B000 C
ATOM   7249  CD2 TRP E 236      20.363  99.873 -11.207  1.00 38.15      B000 C
ATOM   7250  NE1 TRP E 236      20.565 102.017 -11.839  1.00 41.26      B000 N
ATOM   7251  CE2 TRP E 236      19.884 100.857 -12.103  1.00 39.75      B000 C
ATOM   7252  CE3 TRP E 236      19.831  98.581 -11.273  1.00 36.10      B000 C
ATOM   7253  CZ2 TRP E 236      18.894 100.591 -13.054  1.00 35.54      B000 C
ATOM   7254  CZ3 TRP E 236      18.850  98.311 -12.219  1.00 35.95      B000 C
ATOM   7255  CH2 TRP E 236      18.389  99.317 -13.096  1.00 41.76      B000 C
ATOM   7256  N   ARG E 237      22.102  97.410  -7.274  1.00 45.40      B000 N
ATOM   7257  CA  ARG E 237      23.050  96.440  -6.763  1.00 47.18      B000 C
ATOM   7258  C   ARG E 237      24.449  96.720  -7.314  1.00 51.81      B000 C
ATOM   7259  O   ARG E 237      24.595  97.350  -8.368  1.00 43.69      B000 O
ATOM   7260  CB  ARG E 237      22.634  95.041  -7.185  1.00 46.24      B000 C
ATOM   7261  CG  ARG E 237      21.530  94.422  -6.393  1.00 51.40      B000 C
ATOM   7262  CD  ARG E 237      22.096  93.585  -5.285  1.00 58.45      B000 C
ATOM   7263  NE  ARG E 237      21.038  92.772  -4.710  1.00 70.66      B000 N
ATOM   7264  CZ  ARG E 237      21.262  91.703  -3.961  1.00 72.34      B000 C
ATOM   7265  NH1 ARG E 237      20.232  90.990  -3.494  1.00 63.81      B000 N1+
ATOM   7266  NH2 ARG E 237      22.525  91.368  -3.681  1.00 60.30      B000 N
ATOM   7267  N   PRO E 238      25.489  96.240  -6.628  1.00 52.18      B000 N
ATOM   7268  CA  PRO E 238      26.853  96.359  -7.163  1.00 56.03      B000 C
ATOM   7269  C   PRO E 238      26.950  95.788  -8.569  1.00 52.87      B000 C
ATOM   7270  O   PRO E 238      26.528  94.660  -8.830  1.00 56.32      B000 O
ATOM   7271  CB  PRO E 238      27.694  95.545  -6.171  1.00 52.68      B000 C
ATOM   7272  CG  PRO E 238      26.934  95.614  -4.891  1.00 56.74      B000 C
ATOM   7273  CD  PRO E 238      25.473  95.617  -5.291  1.00 58.40      B000 C
ATOM   7274  N   GLU E 239      27.508  96.588  -9.477  1.00 54.34      B000 N
ATOM   7275  CA  GLU E 239      27.753  96.254 -10.877  1.00 53.49      B000 C
ATOM   7276  C   GLU E 239      26.481  96.144 -11.711  1.00 55.15      B000 C
ATOM   7277  O   GLU E 239      26.545  95.684 -12.862  1.00 57.25      B000 O
ATOM   7278  CB  GLU E 239      28.578  94.974 -11.029  1.00 50.60      B000 C
ATOM   7279  CG  GLU E 239      30.001  95.104 -10.514  1.00 66.65      B000 C
ATOM   7280  CD  GLU E 239      30.663  93.760 -10.297  1.00 83.88      B000 C
ATOM   7281  OE1 GLU E 239      30.038  92.728 -10.639  1.00 75.71      B000 O
ATOM   7282  OE2 GLU E 239      31.816  93.739  -9.808  1.00 96.45      B000 O1-
ATOM   7283  N   GLN E 240      25.336  96.571 -11.187  1.00 42.77      B000 N
ATOM   7284  CA  GLN E 240      24.126  96.666 -11.990  1.00 44.13      B000 C
ATOM   7285  C   GLN E 240      23.886  98.142 -12.320  1.00 39.19      B000 C
ATOM   7286  O   GLN E 240      24.353  99.013 -11.600  1.00 37.74      B000 O
ATOM   7287  CB  GLN E 240      22.931  96.054 -11.253  1.00 41.92      B000 C
ATOM   7288  CG  GLN E 240      23.174  94.638 -10.737  1.00 41.56      B000 C
ATOM   7289  CD  GLN E 240      23.857  93.758 -11.761  1.00 47.34      B000 C
ATOM   7290  OE1 GLN E 240      23.461  93.713 -12.927  1.00 45.90      B000 O
ATOM   7291  NE2 GLN E 240      24.908  93.071 -11.336  1.00 53.15      B000 N
ATOM   7292  N   PRO E 241      23.176  98.433 -13.423  1.00 39.17      B000 N
ATOM   7293  CA  PRO E 241      22.582  97.492 -14.382  1.00 41.50      B000 C
ATOM   7294  C   PRO E 241      23.654  96.945 -15.327  1.00 39.88      B000 C
ATOM   7295  O   PRO E 241      24.800  97.332 -15.130  1.00 47.11      B000 O
ATOM   7296  CB  PRO E 241      21.539  98.350 -15.114  1.00 41.31      B000 C
ATOM   7297  CG  PRO E 241      22.116  99.770 -15.042  1.00 40.16      B000 C
ATOM   7298  CD  PRO E 241      22.851  99.844 -13.732  1.00 35.10      B000 C
ATOM   7299  N   ASP E 242      23.325  96.074 -16.287  1.00 39.07      B000 N
ATOM   7300  CA  ASP E 242      24.337  95.571 -17.221  1.00 42.10      B000 C
ATOM   7301  C   ASP E 242      25.112  96.732 -17.827  1.00 45.64      B000 C
ATOM   7302  O   ASP E 242      24.512  97.697 -18.317  1.00 42.87      B000 O
ATOM   7303  CB  ASP E 242      23.691  94.761 -18.348  1.00 42.84      B000 C
ATOM   7304  CG  ASP E 242      22.886  93.568 -17.852  1.00 43.37      B000 C
ATOM   7305  OD1 ASP E 242      23.330  92.905 -16.895  1.00 46.50      B000 O
ATOM   7306  OD2 ASP E 242      21.800  93.308 -18.430  1.00 43.11      B000 O1-
ATOM   7307  N   ASP E 243      26.448  96.634 -17.808  1.00 39.31      B000 N
```

```
ATOM   7308  CA  ASP E 243      27.300  97.761 -18.190  1.00 47.79      B000 C
ATOM   7309  C   ASP E 243      27.812  97.693 -19.621  1.00 43.78      B000 C
ATOM   7310  O   ASP E 243      28.698  98.475 -19.976  1.00 46.39      B000 O
ATOM   7311  CB  ASP E 243      28.506  97.880 -17.250  1.00 43.08      B000 C
ATOM   7312  CG  ASP E 243      29.395  96.633 -17.252  1.00 54.01      B000 C
ATOM   7313  OD1 ASP E 243      29.151  95.676 -18.025  1.00 56.31      B000 O
ATOM   7314  OD2 ASP E 243      30.350  96.604 -16.453  1.00 60.30      B000 O1-
ATOM   7315  N   TRP E 244      27.332  96.754 -20.435  1.00 42.79      B000 N
ATOM   7316  CA  TRP E 244      27.941  96.563 -21.742  1.00 44.21      B000 C
ATOM   7317  C   TRP E 244      27.283  97.361 -22.860  1.00 43.63      B000 C
ATOM   7318  O   TRP E 244      27.674  97.194 -24.018  1.00 43.92      B000 O
ATOM   7319  CB  TRP E 244      28.043  95.072 -22.108  1.00 43.09      B000 C
ATOM   7320  CG  TRP E 244      26.891  94.182 -21.886  1.00 44.80      B000 C
ATOM   7321  CD1 TRP E 244      25.879  93.900 -22.770  1.00 47.43      B000 C
ATOM   7322  CD2 TRP E 244      26.668  93.355 -20.746  1.00 43.82      B000 C
ATOM   7323  NE1 TRP E 244      25.016  92.980 -22.226  1.00 44.04      B000 N
ATOM   7324  CE2 TRP E 244      25.482  92.621 -20.987  1.00 46.21      B000 C
ATOM   7325  CE3 TRP E 244      27.346  93.171 -19.540  1.00 42.76      B000 C
ATOM   7326  CZ2 TRP E 244      24.957  91.729 -20.060  1.00 44.01      B000 C
ATOM   7327  CZ3 TRP E 244      26.827  92.292 -18.622  1.00 42.24      B000 C
ATOM   7328  CH2 TRP E 244      25.641  91.579 -18.883  1.00 49.08      B000 C
ATOM   7329  N   TYR E 245      26.330  98.242 -22.550  1.00 43.45      B000 N
ATOM   7330  CA  TYR E 245      25.626  99.013 -23.574  1.00 45.01      B000 C
ATOM   7331  C   TYR E 245      26.012 100.481 -23.628  1.00 42.12      B000 C
ATOM   7332  O   TYR E 245      25.598 101.169 -24.560  1.00 45.10      B000 O
ATOM   7333  CB  TYR E 245      24.099  98.947 -23.366  1.00 42.26      B000 C
ATOM   7334  CG  TYR E 245      23.544  97.553 -23.256  1.00 43.72      B000 C
ATOM   7335  CD1 TYR E 245      23.355  96.770 -24.391  1.00 40.29      B000 C
ATOM   7336  CD2 TYR E 245      23.224  97.006 -22.016  1.00 39.35      B000 C
ATOM   7337  CE1 TYR E 245      22.841  95.500 -24.301  1.00 39.08      B000 C
ATOM   7338  CE2 TYR E 245      22.717  95.722 -21.918  1.00 43.84      B000 C
ATOM   7339  CZ  TYR E 245      22.533  94.976 -23.064  1.00 41.96      B000 C
ATOM   7340  OH  TYR E 245      22.036  93.706 -22.975  1.00 45.97      B000 O
ATOM   7341  N   GLY E 246      26.710 101.001 -22.638  1.00 41.64      B000 N
ATOM   7342  CA  GLY E 246      26.989 102.420 -22.592  1.00 43.53      B000 C
ATOM   7343  C   GLY E 246      26.255 103.119 -21.455  1.00 47.49      B000 C
ATOM   7344  O   GLY E 246      25.273 102.626 -20.898  1.00 44.82      B000 O
ATOM   7345  N   HIS E 247      26.714 104.343 -21.189  1.00 50.58      B000 N
ATOM   7346  CA  HIS E 247      26.284 105.118 -20.030  1.00 42.87      B000 C
ATOM   7347  C   HIS E 247      24.783 105.367 -20.033  1.00 44.35      B000 C
ATOM   7348  O   HIS E 247      24.236 105.933 -20.985  1.00 45.35      B000 O
ATOM   7349  CB  HIS E 247      27.044 106.440 -20.003  1.00 53.73      B000 C
ATOM   7350  CG  HIS E 247      26.584 107.373 -18.933  1.00 56.75      B000 C
ATOM   7351  ND1 HIS E 247      26.920 107.206 -17.607  1.00 59.80      B000 N
ATOM   7352  CD2 HIS E 247      25.799 108.476 -18.991  1.00 55.82      B000 C
ATOM   7353  CE1 HIS E 247      26.367 108.172 -16.894  1.00 66.18      B000 C
ATOM   7354  NE2 HIS E 247      25.682 108.956 -17.710  1.00 63.47      B000 N
ATOM   7355  N   GLY E 248      24.117 104.949 -18.954  1.00 45.02      B000 N
ATOM   7356  CA  GLY E 248      22.680 105.131 -18.847  1.00 45.46      B000 C
ATOM   7357  C   GLY E 248      21.849 104.287 -19.791  1.00 46.59      B000 C
ATOM   7358  O   GLY E 248      20.659 104.568 -19.979  1.00 40.42      B000 O
ATOM   7359  N   LEU E 249      22.431 103.242 -20.380  1.00 42.75      B000 N
ATOM   7360  CA  LEU E 249      21.760 102.493 -21.430  1.00 42.93      B000 C
ATOM   7361  C   LEU E 249      21.579 101.026 -21.050  1.00 42.71      B000 C
ATOM   7362  O   LEU E 249      22.327 100.466 -20.239  1.00 35.38      B000 O
ATOM   7363  CB  LEU E 249      22.536 102.595 -22.750  1.00 39.36      B000 C
ATOM   7364  CG  LEU E 249      22.689 104.006 -23.343  1.00 42.86      B000 C
ATOM   7365  CD1 LEU E 249      23.340 103.916 -24.714  1.00 39.37      B000 C
ATOM   7366  CD2 LEU E 249      21.350 104.700 -23.442  1.00 40.64      B000 C
ATOM   7367  N   GLY E 250      20.569 100.410 -21.653  1.00 40.13      B000 N
ATOM   7368  CA  GLY E 250      20.394  98.976 -21.584  1.00 34.39      B000 C
ATOM   7369  C   GLY E 250      20.162  98.460 -22.986  1.00 42.96      B000 C
ATOM   7370  O   GLY E 250      20.251  99.242 -23.936  1.00 39.19      B000 O
ATOM   7371  N   GLY E 251      19.857  97.167 -23.135  1.00 42.21      B000 N
ATOM   7372  CA  GLY E 251      19.622  96.533 -24.418  1.00 38.08      B000 C
ATOM   7373  C   GLY E 251      18.179  96.437 -24.892  1.00 41.51      B000 C
ATOM   7374  O   GLY E 251      17.932  95.813 -25.932  1.00 47.66      B000 O
ATOM   7375  N   GLY E 252      17.209  97.010 -24.169  1.00 45.08      B000 N
ATOM   7376  CA  GLY E 252      15.832  97.049 -24.628  1.00 44.10      B000 C
ATOM   7377  C   GLY E 252      14.893  95.971 -24.115  1.00 40.91      B000 C
ATOM   7378  O   GLY E 252      13.707  96.009 -24.452  1.00 51.51      B000 O
```

```
ATOM   7379  N   GLU E 253      15.380  94.997 -23.351  1.00 49.13      B000 N
ATOM   7380  CA  GLU E 253      14.569  93.886 -22.849  1.00 44.54      B000 C
ATOM   7381  C   GLU E 253      14.410  93.867 -21.335  1.00 40.80      B000 C
ATOM   7382  O   GLU E 253      13.844  92.902 -20.810  1.00 43.41      B000 O
ATOM   7383  CB  GLU E 253      15.180  92.537 -23.273  1.00 49.30      B000 C
ATOM   7384  CG  GLU E 253      15.553  92.443 -24.748  1.00 58.40      B000 C
ATOM   7385  CD  GLU E 253      14.373  92.111 -25.651  1.00 68.11      B000 C
ATOM   7386  OE1 GLU E 253      13.919  90.934 -25.628  1.00 71.69      B000 O
ATOM   7387  OE2 GLU E 253      13.900  93.027 -26.378  1.00 62.49      B000 O1-
ATOM   7388  N   ASP E 254      14.951  94.848 -20.611  1.00 41.14      B000 N
ATOM   7389  CA  ASP E 254      15.056  94.754 -19.159  1.00 36.67      B000 C
ATOM   7390  C   ASP E 254      14.148  95.742 -18.448  1.00 37.02      B000 C
ATOM   7391  O   ASP E 254      13.733  96.776 -18.990  1.00 37.00      B000 O
ATOM   7392  CB  ASP E 254      16.497  94.967 -18.685  1.00 34.36      B000 C
ATOM   7393  CG  ASP E 254      17.333  93.693 -18.779  1.00 37.96      B000 C
ATOM   7394  OD1 ASP E 254      16.776  92.662 -19.226  1.00 36.64      B000 O
ATOM   7395  OD2 ASP E 254      18.547  93.740 -18.453  1.00 41.46      B000 O1-
ATOM   7396  N   CYS E 255      13.822  95.368 -17.219  1.00 35.51      B000 N
ATOM   7397  CA  CYS E 255      13.086  96.210 -16.300  1.00 32.38      B000 C
ATOM   7398  C   CYS E 255      13.781  96.107 -14.955  1.00 37.45      B000 C
ATOM   7399  O   CYS E 255      14.493  95.137 -14.689  1.00 34.78      B000 O
ATOM   7400  CB  CYS E 255      11.612  95.789 -16.219  1.00 34.76      B000 C
ATOM   7401  SG  CYS E 255      10.671  96.035 -17.761  1.00 37.35      B000 S
ATOM   7402  N   ALA E 256      13.609  97.138 -14.123  1.00 31.93      B000 N
ATOM   7403  CA  ALA E 256      14.263  97.192 -12.823  1.00 34.86      B000 C
ATOM   7404  C   ALA E 256      13.329  96.663 -11.744  1.00 35.59      B000 C
ATOM   7405  O   ALA E 256      12.138  96.994 -11.720  1.00 30.92      B000 O
ATOM   7406  CB  ALA E 256      14.688  98.621 -12.480  1.00 33.92      B000 C
ATOM   7407  N   HIS E 257      13.870  95.833 -10.854  1.00 28.95      B000 N
ATOM   7408  CA  HIS E 257      13.097  95.348  -9.721  1.00 35.16      B000 C
ATOM   7409  C   HIS E 257      13.897  95.485  -8.434  1.00 35.13      B000 C
ATOM   7410  O   HIS E 257      15.130  95.402  -8.425  1.00 34.18      B000 O
ATOM   7411  CB  HIS E 257      12.655  93.884  -9.909  1.00 30.40      B000 C
ATOM   7412  CG  HIS E 257      13.789  92.909 -10.005  1.00 36.00      B000 C
ATOM   7413  ND1 HIS E 257      14.213  92.160  -8.930  1.00 36.61      B000 N
ATOM   7414  CD2 HIS E 257      14.576  92.547 -11.050  1.00 29.26      B000 C
ATOM   7415  CE1 HIS E 257      15.205  91.373  -9.306  1.00 36.08      B000 C
ATOM   7416  NE2 HIS E 257      15.444  91.589 -10.588  1.00 41.23      B000 N
ATOM   7417  N   PHE E 258      13.178  95.722  -7.344  1.00 32.98      B000 N
ATOM   7418  CA  PHE E 258      13.783  95.567  -6.036  1.00 35.47      B000 C
ATOM   7419  C   PHE E 258      14.126  94.102  -5.825  1.00 36.56      B000 C
ATOM   7420  O   PHE E 258      13.342  93.217  -6.182  1.00 37.64      B000 O
ATOM   7421  CB  PHE E 258      12.828  96.024  -4.943  1.00 34.07      B000 C
ATOM   7422  CG  PHE E 258      12.279  97.408  -5.140  1.00 36.26      B000 C
ATOM   7423  CD1 PHE E 258      12.991  98.528  -4.707  1.00 31.80      B000 C
ATOM   7424  CD2 PHE E 258      11.025  97.588  -5.714  1.00 31.31      B000 C
ATOM   7425  CE1 PHE E 258      12.469  99.798  -4.865  1.00 33.16      B000 C
ATOM   7426  CE2 PHE E 258      10.492  98.861  -5.882  1.00 39.41      B000 C
ATOM   7427  CZ  PHE E 258      11.208  99.972  -5.462  1.00 34.38      B000 C
ATOM   7428  N   THR E 259      15.302  93.853  -5.249  1.00 37.86      B000 N
ATOM   7429  CA  THR E 259      15.716  92.540  -4.772  1.00 42.13      B000 C
ATOM   7430  C   THR E 259      15.405  92.419  -3.289  1.00 44.25      B000 C
ATOM   7431  O   THR E 259      14.879  93.339  -2.660  1.00 47.92      B000 O
ATOM   7432  CB  THR E 259      17.209  92.303  -4.996  1.00 42.54      B000 C
ATOM   7433  OG1 THR E 259      17.953  93.161  -4.117  1.00 44.35      B000 O
ATOM   7434  CG2 THR E 259      17.579  92.593  -6.433  1.00 39.50      B000 C
ATOM   7435  N   ASP E 260      15.785  91.280  -2.712  1.00 46.15      B000 N
ATOM   7436  CA  ASP E 260      15.408  91.003  -1.334  1.00 48.77      B000 C
ATOM   7437  C   ASP E 260      16.141  91.866  -0.318  1.00 51.79      B000 C
ATOM   7438  O   ASP E 260      15.772  91.841   0.862  1.00 57.39      B000 O
ATOM   7439  CB  ASP E 260      15.627  89.530  -1.002  1.00 48.59      B000 C
ATOM   7440  CG  ASP E 260      17.039  89.064  -1.282  1.00 52.19      B000 C
ATOM   7441  OD1 ASP E 260      17.934  89.890  -1.563  1.00 54.71      B000 O
ATOM   7442  OD2 ASP E 260      17.255  87.847  -1.199  1.00 57.65      B000 O1-
ATOM   7443  N   ASP E 261      17.175  92.602  -0.719  1.00 46.10      B000 N
ATOM   7444  CA  ASP E 261      17.795  93.567   0.177  1.00 47.68      B000 C
ATOM   7445  C   ASP E 261      17.411  95.007  -0.158  1.00 43.64      B000 C
ATOM   7446  O   ASP E 261      17.959  95.938   0.434  1.00 50.15      B000 O
ATOM   7447  CB  ASP E 261      19.322  93.386   0.195  1.00 43.46      B000 C
ATOM   7448  CG  ASP E 261      20.013  93.851  -1.092  1.00 51.38      B000 C
ATOM   7449  OD1 ASP E 261      19.414  94.549  -1.938  1.00 53.10      B000 O
```

```
ATOM   7450  OD2 ASP E 261      21.201  93.523  -1.249  1.00 61.28      B000 O1-
ATOM   7451  N   GLY E 262      16.490  95.208  -1.098  1.00 41.82      B000 N
ATOM   7452  CA  GLY E 262      16.009  96.524  -1.460  1.00 37.30      B000 C
ATOM   7453  C   GLY E 262      16.761  97.180  -2.597  1.00 36.57      B000 C
ATOM   7454  O   GLY E 262      16.212  98.052  -3.272  1.00 41.75      B000 O
ATOM   7455  N   ARG E 263      18.012  96.804  -2.802  1.00 38.36      B000 N
ATOM   7456  CA  ARG E 263      18.764  97.311  -3.928  1.00 41.20      B000 C
ATOM   7457  C   ARG E 263      18.224  96.727  -5.227  1.00 45.69      B000 C
ATOM   7458  O   ARG E 263      17.553  95.687  -5.250  1.00 42.28      B000 O
ATOM   7459  CB  ARG E 263      20.242  96.991  -3.749  1.00 41.55      B000 C
ATOM   7460  CG  ARG E 263      20.841  97.820  -2.615  1.00 42.80      B000 C
ATOM   7461  CD  ARG E 263      22.274  97.464  -2.375  1.00 42.94      B000 C
ATOM   7462  NE  ARG E 263      22.431  96.060  -2.029  1.00 50.20      B000 N
ATOM   7463  CZ  ARG E 263      23.609  95.464  -1.881  1.00 58.64      B000 C
ATOM   7464  NH1 ARG E 263      24.728  96.164  -2.057  1.00 53.73      B000 N1+
ATOM   7465  NH2 ARG E 263      23.670  94.172  -1.573  1.00 56.41      B000 N
ATOM   7466  N   TRP E 264      18.506  97.428  -6.314  1.00 43.23      B000 N
ATOM   7467  CA  TRP E 264      17.854  97.186  -7.588  1.00 42.16      B000 C
ATOM   7468  C   TRP E 264      18.687  96.288  -8.491  1.00 43.43      B000 C
ATOM   7469  O   TRP E 264      19.921  96.322  -8.465  1.00 41.15      B000 O
ATOM   7470  CB  TRP E 264      17.595  98.493  -8.322  1.00 37.69      B000 C
ATOM   7471  CG  TRP E 264      16.910  99.526  -7.547  1.00 42.39      B000 C
ATOM   7472  CD1 TRP E 264      16.342  99.410  -6.306  1.00 42.33      B000 C
ATOM   7473  CD2 TRP E 264      16.714 100.874  -7.958  1.00 41.30      B000 C
ATOM   7474  NE1 TRP E 264      15.797 100.613  -5.924  1.00 37.50      B000 N
ATOM   7475  CE2 TRP E 264      16.011 101.530  -6.921  1.00 43.31      B000 C
ATOM   7476  CE3 TRP E 264      17.068 101.595  -9.104  1.00 38.49      B000 C
ATOM   7477  CZ2 TRP E 264      15.649 102.882  -6.999  1.00 46.31      B000 C
ATOM   7478  CZ3 TRP E 264      16.716 102.938  -9.179  1.00 44.68      B000 C
ATOM   7479  CH2 TRP E 264      16.005 103.564  -8.135  1.00 47.08      B000 C
ATOM   7480  N   ASN E 265      17.986  95.533  -9.339  1.00 40.37      B000 N
ATOM   7481  CA  ASN E 265      18.601  94.718 -10.374  1.00 38.67      B000 C
ATOM   7482  C   ASN E 265      17.770  94.816 -11.652  1.00 35.88      B000 C
ATOM   7483  O   ASN E 265      16.561  95.055 -11.608  1.00 33.72      B000 O
ATOM   7484  CB  ASN E 265      18.731  93.267  -9.899  1.00 40.88      B000 C
ATOM   7485  CG  ASN E 265      19.363  92.369 -10.940  1.00 49.30      B000 C
ATOM   7486  OD1 ASN E 265      20.484  92.622 -11.373  1.00 46.08      B000 O
ATOM   7487  ND2 ASN E 265      18.667  91.288 -11.315  1.00 49.35      B000 N
ATOM   7488  N   ASP E 266      18.431  94.646 -12.795  1.00 37.44      B000 N
ATOM   7489  CA  ASP E 266      17.769  94.648 -14.092  1.00 34.38      B000 C
ATOM   7490  C   ASP E 266      17.585  93.211 -14.559  1.00 35.40      B000 C
ATOM   7491  O   ASP E 266      18.516  92.408 -14.481  1.00 38.07      B000 O
ATOM   7492  CB  ASP E 266      18.549  95.463 -15.137  1.00 34.61      B000 C
ATOM   7493  CG  ASP E 266      20.046  95.092 -15.230  1.00 42.09      B000 C
ATOM   7494  OD1 ASP E 266      20.690  94.762 -14.202  1.00 40.07      B000 O
ATOM   7495  OD2 ASP E 266      20.593  95.167 -16.358  1.00 40.68      B000 O1-
ATOM   7496  N   ASP E 267      16.372  92.880 -15.001  1.00 37.34      B000 N
ATOM   7497  CA  ASP E 267      16.034  91.524 -15.412  1.00 36.69      B000 C
ATOM   7498  C   ASP E 267      15.052  91.576 -16.581  1.00 35.84      B000 C
ATOM   7499  O   ASP E 267      14.431  92.609 -16.843  1.00 37.16      B000 O
ATOM   7500  CB  ASP E 267      15.448  90.748 -14.230  1.00 33.55      B000 C
ATOM   7501  CG  ASP E 267      15.724  89.244 -14.319  1.00 44.66      B000 C
ATOM   7502  OD1 ASP E 267      16.128  88.792 -15.410  1.00 43.90      B000 O
ATOM   7503  OD2 ASP E 267      15.535  88.518 -13.301  1.00 45.36      B000 O1-
ATOM   7504  N   VAL E 268      14.901  90.455 -17.294  1.00 32.21      B000 N
ATOM   7505  CA  VAL E 268      13.973  90.457 -18.423  1.00 34.18      B000 C
ATOM   7506  C   VAL E 268      12.553  90.719 -17.928  1.00 37.30      B000 C
ATOM   7507  O   VAL E 268      12.123  90.211 -16.883  1.00 38.04      B000 O
ATOM   7508  CB  VAL E 268      14.050  89.154 -19.239  1.00 37.36      B000 C
ATOM   7509  CG1 VAL E 268      15.409  89.057 -19.938  1.00 36.15      B000 C
ATOM   7510  CG2 VAL E 268      13.806  87.936 -18.370  1.00 35.18      B000 C
ATOM   7511  N   CYS E 269      11.809  91.513 -18.697  1.00 36.57      B000 N
ATOM   7512  CA  CYS E 269      10.538  92.045 -18.240  1.00 36.70      B000 C
ATOM   7513  C   CYS E 269       9.449  90.995 -18.103  1.00 34.59      B000 C
ATOM   7514  O   CYS E 269       8.418  91.294 -17.500  1.00 35.91      B000 O
ATOM   7515  CB  CYS E 269      10.088  93.163 -19.185  1.00 42.38      B000 C
ATOM   7516  SG  CYS E 269      11.267  94.591 -19.164  1.00 53.92      B000 S
ATOM   7517  N   GLN E 270       9.643  89.777 -18.595  1.00 33.91      B000 N
ATOM   7518  CA  GLN E 270       8.591  88.778 -18.422  1.00 38.11      B000 C
ATOM   7519  C   GLN E 270       8.652  88.057 -17.086  1.00 33.78      B000 C
ATOM   7520  O   GLN E 270       7.760  87.247 -16.828  1.00 33.42      B000 O
```

```
ATOM   7521  CB  GLN E 270       8.578  87.723 -19.549  1.00 38.43      B000 C
ATOM   7522  CG  GLN E 270       9.815  87.602 -20.390  1.00 44.86      B000 C
ATOM   7523  CD  GLN E 270      10.038  88.821 -21.260  1.00 52.91      B000 C
ATOM   7524  OE1 GLN E 270      11.140  89.358 -21.293  1.00 55.48      B000 O
ATOM   7525  NE2 GLN E 270       8.986  89.280 -21.949  1.00 51.33      B000 N
ATOM   7526  N   ARG E 271       9.649  88.338 -16.229  1.00 31.87      B000 N
ATOM   7527  CA  ARG E 271       9.677  87.758 -14.889  1.00 29.54      B000 C
ATOM   7528  C   ARG E 271       8.356  88.049 -14.171  1.00 36.60      B000 C
ATOM   7529  O   ARG E 271       7.873  89.192 -14.210  1.00 35.38      B000 O
ATOM   7530  CB  ARG E 271      10.829  88.325 -14.050  1.00 28.67      B000 C
ATOM   7531  CG  ARG E 271      12.220  87.973 -14.479  1.00 27.89      B000 C
ATOM   7532  CD  ARG E 271      12.418  86.476 -14.518  1.00 31.48      B000 C
ATOM   7533  NE  ARG E 271      13.822  86.098 -14.676  1.00 33.37      B000 N
ATOM   7534  CZ  ARG E 271      14.203  84.864 -14.987  1.00 37.02      B000 C
ATOM   7535  NH1 ARG E 271      13.268  83.937 -15.180  1.00 30.74      B000 N1+
ATOM   7536  NH2 ARG E 271      15.492  84.540 -15.076  1.00 29.23      B000 N
ATOM   7537  N   PRO E 272       7.778  87.122 -13.565  1.00 34.45      B000 N
ATOM   7538  CA  PRO E 272       6.493  87.373 -12.870  1.00 35.22      B000 C
ATOM   7539  C   PRO E 272       6.670  87.925 -11.455  1.00 35.16      B000 C
ATOM   7540  O   PRO E 272       6.234  87.321 -10.470  1.00 31.89      B000 O
ATOM   7541  CB  PRO E 272       5.847  85.979 -12.867  1.00 31.77      B000 C
ATOM   7542  CG  PRO E 272       7.003  85.036 -12.787  1.00 32.91      B000 C
ATOM   7543  CD  PRO E 272       8.114  85.689 -13.621  1.00 30.82      B000 C
ATOM   7544  N   TYR E 273       7.295  89.101 -11.344  1.00 31.62      B000 N
ATOM   7545  CA  TYR E 273       7.555  89.672 -10.028  1.00 32.44      B000 C
ATOM   7546  C   TYR E 273       6.327  90.398  -9.474  1.00 33.52      B000 C
ATOM   7547  O   TYR E 273       5.355  90.667 -10.183  1.00 33.94      B000 O
ATOM   7548  CB  TYR E 273       8.752  90.615 -10.089  1.00 32.72      B000 C
ATOM   7549  CG  TYR E 273      10.050  89.893 -10.371  1.00 34.81      B000 C
ATOM   7550  CD1 TYR E 273      10.215  88.558 -10.004  1.00 30.34      B000 C
ATOM   7551  CD2 TYR E 273      11.125  90.546 -10.996  1.00 34.47      B000 C
ATOM   7552  CE1 TYR E 273      11.428  87.883 -10.249  1.00 31.47      B000 C
ATOM   7553  CE2 TYR E 273      12.329  89.879 -11.245  1.00 31.66      B000 C
ATOM   7554  CZ  TYR E 273      12.468  88.549 -10.867  1.00 32.58      B000 C
ATOM   7555  OH  TYR E 273      13.639  87.883 -11.117  1.00 37.35      B000 O
ATOM   7556  N   ARG E 274       6.356  90.671  -8.170  1.00 34.37      B000 N
ATOM   7557  CA  ARG E 274       5.350  91.549  -7.579  1.00 32.60      B000 C
ATOM   7558  C   ARG E 274       5.542  92.978  -8.089  1.00 35.51      B000 C
ATOM   7559  O   ARG E 274       6.533  93.300  -8.757  1.00 31.65      B000 O
ATOM   7560  CB  ARG E 274       5.426  91.519  -6.048  1.00 31.74      B000 C
ATOM   7561  CG  ARG E 274       5.044  90.177  -5.455  1.00 35.22      B000 C
ATOM   7562  CD  ARG E 274       4.922  90.200  -3.952  1.00 36.81      B000 C
ATOM   7563  NE  ARG E 274       4.320  88.966  -3.474  1.00 36.66      B000 N
ATOM   7564  CZ  ARG E 274       4.010  88.714  -2.206  1.00 38.82      B000 C
ATOM   7565  NH1 ARG E 274       4.266  89.605  -1.260  1.00 40.20      B000 N1+
ATOM   7566  NH2 ARG E 274       3.432  87.563  -1.886  1.00 37.93      B000 N
ATOM   7567  N   TRP E 275       4.591  93.857  -7.757  1.00 34.71      B000 N
ATOM   7568  CA  TRP E 275       4.709  95.242  -8.207  1.00 35.25      B000 C
ATOM   7569  C   TRP E 275       4.038  96.177  -7.209  1.00 33.77      B000 C
ATOM   7570  O   TRP E 275       3.288  95.762  -6.316  1.00 34.64      B000 O
ATOM   7571  CB  TRP E 275       4.133  95.429  -9.622  1.00 29.33      B000 C
ATOM   7572  CG  TRP E 275       2.633  95.433  -9.666  1.00 41.26      B000 C
ATOM   7573  CD1 TRP E 275       1.824  96.531  -9.687  1.00 32.79      B000 C
ATOM   7574  CD2 TRP E 275       1.762  94.290  -9.659  1.00 35.30      B000 C
ATOM   7575  NE1 TRP E 275       0.516  96.147  -9.707  1.00 34.43      B000 N
ATOM   7576  CE2 TRP E 275       0.441  94.779  -9.687  1.00 41.97      B000 C
ATOM   7577  CE3 TRP E 275       1.971  92.908  -9.650  1.00 34.18      B000 C
ATOM   7578  CZ2 TRP E 275      -0.681  93.928  -9.698  1.00 39.53      B000 C
ATOM   7579  CZ3 TRP E 275       0.861  92.059  -9.654  1.00 40.96      B000 C
ATOM   7580  CH2 TRP E 275      -0.445  92.574  -9.680  1.00 40.67      B000 C
ATOM   7581  N   VAL E 276       4.345  97.453  -7.367  1.00 32.75      B000 N
ATOM   7582  CA  VAL E 276       3.827  98.520  -6.528  1.00 36.54      B000 C
ATOM   7583  C   VAL E 276       3.248  99.578  -7.451  1.00 43.35      B000 C
ATOM   7584  O   VAL E 276       3.916  99.998  -8.404  1.00 39.24      B000 O
ATOM   7585  CB  VAL E 276       4.932  99.125  -5.636  1.00 39.71      B000 C
ATOM   7586  CG1 VAL E 276       4.364 100.226  -4.708  1.00 36.15      B000 C
ATOM   7587  CG2 VAL E 276       5.626  98.033  -4.830  1.00 33.07      B000 C
ATOM   7588  N   CYS E 277       2.015 100.004  -7.176  1.00 41.27      B000 N
ATOM   7589  CA  CYS E 277       1.403 101.127  -7.878  1.00 39.77      B000 C
ATOM   7590  C   CYS E 277       1.513 102.387  -7.022  1.00 46.66      B000 C
ATOM   7591  O   CYS E 277       1.519 102.321  -5.786  1.00 41.72      B000 O
```

```
ATOM   7592  CB  CYS E 277      -0.063 100.847  -8.209  1.00 41.42       B000 C
ATOM   7593  SG  CYS E 277      -0.364  99.509  -9.393  1.00 51.15       B000 S
ATOM   7594  N   GLU E 278       1.622 103.536  -7.698  1.00 43.54       B000 N
ATOM   7595  CA  GLU E 278       1.776 104.841  -7.069  1.00 38.79       B000 C
ATOM   7596  C   GLU E 278       0.862 105.858  -7.751  1.00 45.95       B000 C
ATOM   7597  O   GLU E 278       0.782 105.914  -8.988  1.00 39.44       B000 O
ATOM   7598  CB  GLU E 278       3.243 105.302  -7.137  1.00 47.37       B000 C
ATOM   7599  CG  GLU E 278       3.523 106.665  -6.506  1.00 54.07       B000 C
ATOM   7600  CD  GLU E 278       4.983 107.122  -6.640  1.00 55.74       B000 C
ATOM   7601  OE1 GLU E 278       5.813 106.384  -7.214  1.00 49.09       B000 O
ATOM   7602  OE2 GLU E 278       5.299 108.234  -6.158  1.00 63.05       B000 O1-
ATOM   7603  N   THR E 279       0.194 106.677  -6.933  1.00 44.07       B000 N
ATOM   7604  CA  THR E 279      -0.653 107.764  -7.416  1.00 49.75       B000 C
ATOM   7605  C   THR E 279      -0.567 108.944  -6.440  1.00 52.93       B000 C
ATOM   7606  O   THR E 279       0.043 108.854  -5.367  1.00 51.44       B000 O
ATOM   7607  CB  THR E 279      -2.103 107.288  -7.604  1.00 51.62       B000 C
ATOM   7608  OG1 THR E 279      -2.814 108.206  -8.438  1.00 58.36       B000 O
ATOM   7609  CG2 THR E 279      -2.815 107.204  -6.271  1.00 48.77       B000 C
ATOM   7610  N   GLU E 280      -1.195 110.058  -6.818  1.00 57.24       B000 N
ATOM   7611  CA  GLU E 280      -1.083 111.317  -6.090  1.00 59.43       B000 C
ATOM   7612  C   GLU E 280      -2.071 111.410  -4.922  1.00 60.25       B000 C
ATOM   7613  O   GLU E 280      -2.950 110.567  -4.738  1.00 57.16       B000 O
ATOM   7614  CB  GLU E 280      -1.329 112.479  -7.040  1.00 72.93       B000 C
ATOM   7615  CG  GLU E 280      -1.062 112.139  -8.487  1.00 81.08       B000 C
ATOM   7616  CD  GLU E 280      -0.073 113.097  -9.119  1.00105.55       B000 C
ATOM   7617  OE1 GLU E 280      -0.010 114.263  -8.665  1.00104.59       B000 O
ATOM   7618  OE2 GLU E 280       0.648 112.680 -10.055  1.00113.25       B000 O1-
ATOM   7619  N   LEU E 281      -1.917 112.479  -4.135  1.00 77.88       B000 N
ATOM   7620  CA  LEU E 281      -2.807 112.826  -3.011  1.00 70.25       B000 C
ATOM   7621  C   LEU E 281      -2.681 111.825  -1.876  1.00 67.47       B000 C
ATOM   7622  O   LEU E 281      -2.139 112.153  -0.819  1.00 68.88       B000 O
ATOM   7623  CB  LEU E 281      -4.279 112.937  -3.459  1.00 61.71       B000 C
ATOM   7624  CG  LEU E 281      -4.707 114.296  -4.035  1.00 80.45       B000 C
ATOM   7625  CD1 LEU E 281      -5.181 114.179  -5.490  1.00 71.81       B000 C
ATOM   7626  CD2 LEU E 281      -5.774 114.969  -3.143  1.00 70.21       B000 C
TER
ATOM   7627  O   THR F 152     -18.909  43.540  -2.518  1.00 85.67       B000 O
ATOM   7628  N   THR F 152     -17.763  41.399  -0.880  1.00 85.67       B000 N
ATOM   7629  CA  THR F 152     -16.968  42.333  -1.678  1.00 88.53       B000 C
ATOM   7630  C   THR F 152     -17.777  43.608  -2.017  1.00 91.37       B000 C
ATOM   7631  CB  THR F 152     -16.431  41.637  -2.979  1.00 92.20       B000 C
ATOM   7632  OG1 THR F 152     -15.806  42.597  -3.844  1.00 90.90       B000 O
ATOM   7633  CG2 THR F 152     -17.541  40.894  -3.731  1.00 84.33       B000 C
ATOM   7634  N   CYS F 153     -17.202  44.774  -1.715  1.00 87.63       B000 N
ATOM   7635  CA  CYS F 153     -17.870  46.050  -1.926  1.00 82.80       B000 C
ATOM   7636  C   CYS F 153     -17.103  46.899  -2.940  1.00 77.69       B000 C
ATOM   7637  O   CYS F 153     -15.918  46.673  -3.212  1.00 67.09       B000 O
ATOM   7638  CB  CYS F 153     -18.029  46.817  -0.596  1.00 79.27       B000 C
ATOM   7639  SG  CYS F 153     -19.643  46.575   0.239  1.00104.11       B000 S
ATOM   7640  N   CYS F 154     -17.803  47.886  -3.508  1.00 76.91       B000 N
ATOM   7641  CA  CYS F 154     -17.185  48.793  -4.462  1.00 59.34       B000 C
ATOM   7642  C   CYS F 154     -16.202  49.711  -3.745  1.00 54.16       B000 C
ATOM   7643  O   CYS F 154     -16.398  50.041  -2.575  1.00 63.36       B000 O
ATOM   7644  CB  CYS F 154     -18.244  49.634  -5.172  1.00 55.19       B000 C
ATOM   7645  SG  CYS F 154     -19.186  48.756  -6.443  1.00 69.85       B000 S
ATOM   7646  N   PRO F 155     -15.156  50.163  -4.429  1.00 53.28       B000 N
ATOM   7647  CA  PRO F 155     -14.236  51.130  -3.812  1.00 56.60       B000 C
ATOM   7648  C   PRO F 155     -14.973  52.379  -3.346  1.00 57.95       B000 C
ATOM   7649  O   PRO F 155     -16.130  52.640  -3.696  1.00 55.60       B000 O
ATOM   7650  CB  PRO F 155     -13.243  51.459  -4.932  1.00 48.00       B000 C
ATOM   7651  CG  PRO F 155     -13.374  50.336  -5.913  1.00 55.49       B000 C
ATOM   7652  CD  PRO F 155     -14.777  49.826  -5.811  1.00 51.46       B000 C
ATOM   7653  N   VAL F 156     -14.268  53.174  -2.539  1.00 56.46       B000 N
ATOM   7654  CA  VAL F 156     -14.855  54.394  -1.991  1.00 63.80       B000 C
ATOM   7655  C   VAL F 156     -15.250  55.333  -3.126  1.00 59.48       B000 C
ATOM   7656  O   VAL F 156     -14.488  55.538  -4.081  1.00 58.09       B000 O
ATOM   7657  CB  VAL F 156     -13.873  55.058  -1.014  1.00 62.21       B000 C
ATOM   7658  CG1 VAL F 156     -14.577  56.145  -0.211  1.00 55.24       B000 C
ATOM   7659  CG2 VAL F 156     -13.256  54.002  -0.096  1.00 73.19       B000 C
ATOM   7660  N   ASN F 157     -16.460  55.891  -3.031  1.00 53.19       B000 N
ATOM   7661  CA  ASN F 157     -17.093  56.831  -3.964  1.00 54.02       B000 C
```

```
ATOM   7662  C   ASN F 157     -17.605  56.142  -5.227  1.00 54.32      B000 C
ATOM   7663  O   ASN F 157     -18.209  56.814  -6.072  1.00 53.93      B000 O
ATOM   7664  CB  ASN F 157     -16.170  57.985  -4.387  1.00 49.92      B000 C
ATOM   7665  CG  ASN F 157     -15.632  58.759  -3.202  1.00 59.88      B000 C
ATOM   7666  OD1 ASN F 157     -16.357  59.008  -2.236  1.00 56.12      B000 O
ATOM   7667  ND2 ASN F 157     -14.346  59.136  -3.262  1.00 53.76      B000 N
ATOM   7668  N   TRP F 158     -17.394  54.844  -5.396  1.00 49.14      B000 N
ATOM   7669  CA  TRP F 158     -18.015  54.160  -6.516  1.00 47.06      B000 C
ATOM   7670  C   TRP F 158     -19.353  53.577  -6.080  1.00 46.07      B000 C
ATOM   7671  O   TRP F 158     -19.629  53.429  -4.891  1.00 48.01      B000 O
ATOM   7672  CB  TRP F 158     -17.109  53.069  -7.059  1.00 48.92      B000 C
ATOM   7673  CG  TRP F 158     -15.830  53.586  -7.632  1.00 42.48      B000 C
ATOM   7674  CD1 TRP F 158     -14.854  54.269  -6.967  1.00 46.04      B000 C
ATOM   7675  CD2 TRP F 158     -15.364  53.425  -8.975  1.00 40.30      B000 C
ATOM   7676  NE1 TRP F 158     -13.811  54.549  -7.812  1.00 40.04      B000 N
ATOM   7677  CE2 TRP F 158     -14.098  54.047  -9.053  1.00 40.63      B000 C
ATOM   7678  CE3 TRP F 158     -15.900  52.830 -10.124  1.00 38.93      B000 C
ATOM   7679  CZ2 TRP F 158     -13.358  54.092 -10.234  1.00 36.03      B000 C
ATOM   7680  CZ3 TRP F 158     -15.164  52.864 -11.283  1.00 40.94      B000 C
ATOM   7681  CH2 TRP F 158     -13.908  53.499 -11.336  1.00 38.94      B000 C
ATOM   7682  N   VAL F 159     -20.207  53.303  -7.065  1.00 48.15      B000 N
ATOM   7683  CA  VAL F 159     -21.584  52.872  -6.854  1.00 43.77      B000 C
ATOM   7684  C   VAL F 159     -21.777  51.526  -7.536  1.00 53.64      B000 C
ATOM   7685  O   VAL F 159     -21.317  51.328  -8.666  1.00 50.16      B000 O
ATOM   7686  CB  VAL F 159     -22.571  53.918  -7.409  1.00 47.04      B000 C
ATOM   7687  CG1 VAL F 159     -24.008  53.459  -7.275  1.00 49.61      B000 C
ATOM   7688  CG2 VAL F 159     -22.361  55.239  -6.711  1.00 48.78      B000 C
ATOM   7689  N   GLU F 160     -22.478  50.611  -6.864  1.00 57.06      B000 N
ATOM   7690  CA  GLU F 160     -22.632  49.242  -7.343  1.00 56.04      B000 C
ATOM   7691  C   GLU F 160     -23.958  49.061  -8.070  1.00 50.46      B000 C
ATOM   7692  O   GLU F 160     -25.000  49.538  -7.619  1.00 54.39      B000 O
ATOM   7693  CB  GLU F 160     -22.568  48.223  -6.201  1.00 59.56      B000 C
ATOM   7694  CG  GLU F 160     -22.813  46.795  -6.710  1.00 68.99      B000 C
ATOM   7695  CD  GLU F 160     -23.041  45.748  -5.621  1.00 80.25      B000 C
ATOM   7696  OE1 GLU F 160     -22.777  46.016  -4.427  1.00 79.75      B000 O
ATOM   7697  OE2 GLU F 160     -23.491  44.637  -5.985  1.00 78.26      B000 O1-
ATOM   7698  N   HIS F 161     -23.912  48.328  -9.175  1.00 51.49      B000 N
ATOM   7699  CA  HIS F 161     -25.104  47.913  -9.892  1.00 49.49      B000 C
ATOM   7700  C   HIS F 161     -24.786  46.601 -10.587  1.00 53.28      B000 C
ATOM   7701  O   HIS F 161     -23.801  46.508 -11.332  1.00 47.92      B000 O
ATOM   7702  CB  HIS F 161     -25.561  48.959 -10.901  1.00 47.30      B000 C
ATOM   7703  CG  HIS F 161     -26.699  48.503 -11.759  1.00 52.32      B000 C
ATOM   7704  ND1 HIS F 161     -26.511  47.794 -12.930  1.00 49.15      B000 N
ATOM   7705  CD2 HIS F 161     -28.039  48.641 -11.611  1.00 49.74      B000 C
ATOM   7706  CE1 HIS F 161     -27.687  47.540 -13.478  1.00 52.61      B000 C
ATOM   7707  NE2 HIS F 161     -28.630  48.037 -12.696  1.00 54.26      B000 N
ATOM   7708  N   GLU F 162     -25.666  45.618 -10.386  1.00 61.24      B000 N
ATOM   7709  CA  GLU F 162     -25.426  44.226 -10.751  1.00 57.31      B000 C
ATOM   7710  C   GLU F 162     -24.028  43.809 -10.315  1.00 59.22      B000 C
ATOM   7711  O   GLU F 162     -23.715  43.833  -9.118  1.00 59.32      B000 O
ATOM   7712  CB  GLU F 162     -25.596  44.005 -12.253  1.00 54.87      B000 C
ATOM   7713  CG  GLU F 162     -26.901  44.546 -12.835  1.00 59.80      B000 C
ATOM   7714  CD  GLU F 162     -28.197  43.921 -12.303  1.00 84.54      B000 C
ATOM   7715  OE1 GLU F 162     -28.210  43.290 -11.211  1.00 82.94      B000 O
ATOM   7716  OE2 GLU F 162     -29.231  44.078 -13.007  1.00 83.83      B000 O1-
ATOM   7717  N   ARG F 163     -23.163  43.459 -11.263  1.00 55.56      B000 N
ATOM   7718  CA  ARG F 163     -21.811  43.028 -10.919  1.00 70.50      B000 C
ATOM   7719  C   ARG F 163     -20.730  44.041 -11.292  1.00 65.87      B000 C
ATOM   7720  O   ARG F 163     -19.541  43.699 -11.301  1.00 61.99      B000 O
ATOM   7721  CB  ARG F 163     -21.533  41.645 -11.517  1.00 71.43      B000 C
ATOM   7722  CG  ARG F 163     -22.636  40.621 -11.170  1.00 84.91      B000 C
ATOM   7723  CD  ARG F 163     -23.371  40.027 -12.366  1.00 94.82      B000 C
ATOM   7724  NE  ARG F 163     -23.213  38.571 -12.447  1.00110.28      B000 N
ATOM   7725  CZ  ARG F 163     -22.337  37.951 -13.238  1.00109.36      B000 C
ATOM   7726  NH1 ARG F 163     -21.538  38.656 -14.031  1.00107.55      B000 N1+
ATOM   7727  NH2 ARG F 163     -22.266  36.625 -13.245  1.00108.51      B000 N
ATOM   7728  N   SER F 164     -21.104  45.289 -11.551  1.00 62.99      B000 N
ATOM   7729  CA  SER F 164     -20.137  46.326 -11.872  1.00 54.70      B000 C
ATOM   7730  C   SER F 164     -20.163  47.454 -10.845  1.00 52.59      B000 C
ATOM   7731  O   SER F 164     -21.153  47.666 -10.136  1.00 53.73      B000 O
ATOM   7732  CB  SER F 164     -20.405  46.896 -13.272  1.00 56.24      B000 C
```

```
ATOM   7733  OG  SER F 164     -19.909  46.041 -14.287  1.00 65.36      B000 O
ATOM   7734  N   CYS F 165     -19.036  48.161 -10.771  1.00 51.69      B000 N
ATOM   7735  CA  CYS F 165     -18.866  49.373  -9.981  1.00 51.61      B000 C
ATOM   7736  C   CYS F 165     -18.723  50.574 -10.909  1.00 50.55      B000 C
ATOM   7737  O   CYS F 165     -18.004  50.511 -11.912  1.00 48.71      B000 O
ATOM   7738  CB  CYS F 165     -17.633  49.280  -9.076  1.00 55.01      B000 C
ATOM   7739  SG  CYS F 165     -17.771  48.053  -7.751  1.00 71.45      B000 S
ATOM   7740  N   TYR F 166     -19.410  51.670 -10.577  1.00 48.64      B000 N
ATOM   7741  CA  TYR F 166     -19.481  52.838 -11.449  1.00 45.58      B000 C
ATOM   7742  C   TYR F 166     -19.040  54.104 -10.722  1.00 51.09      B000 C
ATOM   7743  O   TYR F 166     -19.325  54.283  -9.533  1.00 49.78      B000 O
ATOM   7744  CB  TYR F 166     -20.886  53.045 -11.982  1.00 39.51      B000 C
ATOM   7745  CG  TYR F 166     -21.427  51.889 -12.777  1.00 45.13      B000 C
ATOM   7746  CD1 TYR F 166     -21.884  50.732 -12.151  1.00 50.08      B000 C
ATOM   7747  CD2 TYR F 166     -21.471  51.945 -14.159  1.00 46.42      B000 C
ATOM   7748  CE1 TYR F 166     -22.393  49.667 -12.887  1.00 48.67      B000 C
ATOM   7749  CE2 TYR F 166     -21.968  50.892 -14.902  1.00 52.75      B000 C
ATOM   7750  CZ  TYR F 166     -22.429  49.752 -14.264  1.00 51.87      B000 C
ATOM   7751  OH  TYR F 166     -22.922  48.712 -15.024  1.00 47.43      B000 O
ATOM   7752  N   TRP F 167     -18.358  54.989 -11.446  1.00 41.54      B000 N
ATOM   7753  CA  TRP F 167     -17.941  56.279 -10.914  1.00 39.17      B000 C
ATOM   7754  C   TRP F 167     -18.472  57.396 -11.821  1.00 40.61      B000 C
ATOM   7755  O   TRP F 167     -18.300  57.352 -13.048  1.00 39.85      B000 O
ATOM   7756  CB  TRP F 167     -16.408  56.328 -10.776  1.00 39.26      B000 C
ATOM   7757  CG  TRP F 167     -15.921  57.583 -10.131  1.00 47.81      B000 C
ATOM   7758  CD1 TRP F 167     -15.728  57.812  -8.787  1.00 43.33      B000 C
ATOM   7759  CD2 TRP F 167     -15.599  58.806 -10.799  1.00 36.88      B000 C
ATOM   7760  NE1 TRP F 167     -15.292  59.110  -8.588  1.00 37.39      B000 N
ATOM   7761  CE2 TRP F 167     -15.191  59.735  -9.807  1.00 42.60      B000 C
ATOM   7762  CE3 TRP F 167     -15.593  59.202 -12.140  1.00 35.30      B000 C
ATOM   7763  CZ2 TRP F 167     -14.796  61.049 -10.122  1.00 32.52      B000 C
ATOM   7764  CZ3 TRP F 167     -15.177  60.506 -12.455  1.00 41.65      B000 C
ATOM   7765  CH2 TRP F 167     -14.805  61.415 -11.442  1.00 34.25      B000 C
ATOM   7766  N   PHE F 168     -19.128  58.386 -11.215  1.00 32.85      B000 N
ATOM   7767  CA  PHE F 168     -19.816  59.459 -11.933  1.00 36.14      B000 C
ATOM   7768  C   PHE F 168     -19.062  60.768 -11.757  1.00 33.17      B000 C
ATOM   7769  O   PHE F 168     -18.933  61.266 -10.640  1.00 32.62      B000 O
ATOM   7770  CB  PHE F 168     -21.257  59.611 -11.439  1.00 31.85      B000 C
ATOM   7771  CG  PHE F 168     -22.092  58.410 -11.718  1.00 43.90      B000 C
ATOM   7772  CD1 PHE F 168     -22.788  58.303 -12.918  1.00 37.94      B000 C
ATOM   7773  CD2 PHE F 168     -22.121  57.349 -10.824  1.00 37.92      B000 C
ATOM   7774  CE1 PHE F 168     -23.534  57.188 -13.204  1.00 33.97      B000 C
ATOM   7775  CE2 PHE F 168     -22.863  56.231 -11.102  1.00 43.27      B000 C
ATOM   7776  CZ  PHE F 168     -23.576  56.147 -12.299  1.00 39.89      B000 C
ATOM   7777  N   SER F 169     -18.544  61.311 -12.851  1.00 34.64      B000 N
ATOM   7778  CA  SER F 169     -17.896  62.613 -12.753  1.00 37.47      B000 C
ATOM   7779  C   SER F 169     -18.933  63.691 -12.453  1.00 35.48      B000 C
ATOM   7780  O   SER F 169     -20.132  63.531 -12.708  1.00 35.12      B000 O
ATOM   7781  CB  SER F 169     -17.154  62.974 -14.046  1.00 31.74      B000 C
ATOM   7782  OG  SER F 169     -18.061  63.533 -14.999  1.00 33.74      B000 O
ATOM   7783  N   ARG F 170     -18.454  64.810 -11.921  1.00 32.66      B000 N
ATOM   7784  CA  ARG F 170     -19.292  65.983 -11.718  1.00 35.64      B000 C
ATOM   7785  C   ARG F 170     -18.692  67.198 -12.423  1.00 37.46      B000 C
ATOM   7786  O   ARG F 170     -18.918  68.347 -12.037  1.00 32.51      B000 O
ATOM   7787  CB  ARG F 170     -19.527  66.211 -10.228  1.00 30.96      B000 C
ATOM   7788  CG  ARG F 170     -20.457  65.128  -9.645  1.00 33.93      B000 C
ATOM   7789  CD  ARG F 170     -20.628  65.237  -8.142  1.00 36.53      B000 C
ATOM   7790  NE  ARG F 170     -19.466  64.712  -7.440  1.00 46.87      B000 N
ATOM   7791  CZ  ARG F 170     -19.272  64.766  -6.121  1.00 50.98      B000 C
ATOM   7792  NH1 ARG F 170     -18.153  64.253  -5.600  1.00 44.20      B000 N1+
ATOM   7793  NH2 ARG F 170     -20.184  65.325  -5.321  1.00 43.86      B000 N
ATOM   7794  N   SER F 171     -17.935  66.933 -13.484  1.00 32.24      B000 N
ATOM   7795  CA  SER F 171     -17.355  67.964 -14.328  1.00 32.82      B000 C
ATOM   7796  C   SER F 171     -17.068  67.317 -15.673  1.00 33.70      B000 C
ATOM   7797  O   SER F 171     -17.093  66.090 -15.807  1.00 32.42      B000 O
ATOM   7798  CB  SER F 171     -16.078  68.565 -13.724  1.00 32.95      B000 C
ATOM   7799  OG  SER F 171     -15.041  67.584 -13.595  1.00 37.93      B000 O
ATOM   7800  N   GLY F 172     -16.766  68.160 -16.662  1.00 27.87      B000 N
ATOM   7801  CA  GLY F 172     -16.607  67.725 -18.032  1.00 30.72      B000 C
ATOM   7802  C   GLY F 172     -15.165  67.477 -18.471  1.00 37.04      B000 C
ATOM   7803  O   GLY F 172     -14.203  68.006 -17.891  1.00 31.19      B000 O
```

```
ATOM   7804  N   LYS F 173     -15.039  66.642 -19.510  1.00 31.65      B000 N
ATOM   7805  CA  LYS F 173     -13.782  66.382 -20.205  1.00 34.23      B000 C
ATOM   7806  C   LYS F 173     -14.091  66.048 -21.659  1.00 34.10      B000 C
ATOM   7807  O   LYS F 173     -15.137  65.468 -21.967  1.00 27.67      B000 O
ATOM   7808  CB  LYS F 173     -12.986  65.212 -19.599  1.00 36.67      B000 C
ATOM   7809  CG  LYS F 173     -12.212  65.491 -18.319  1.00 36.30      B000 C
ATOM   7810  CD  LYS F 173     -11.406  64.251 -17.943  1.00 31.78      B000 C
ATOM   7811  CE  LYS F 173     -10.707  64.369 -16.569  1.00 33.56      B000 C
ATOM   7812  NZ  LYS F 173      -9.556  65.313 -16.523  1.00 45.73      B000 N1+
ATOM   7813  N   ALA F 174     -13.167  66.400 -22.557  1.00 31.22      B000 N
ATOM   7814  CA  ALA F 174     -13.226  65.821 -23.890  1.00 31.29      B000 C
ATOM   7815  C   ALA F 174     -13.149  64.297 -23.774  1.00 30.96      B000 C
ATOM   7816  O   ALA F 174     -12.525  63.758 -22.851  1.00 33.23      B000 O
ATOM   7817  CB  ALA F 174     -12.099  66.364 -24.763  1.00 29.41      B000 C
ATOM   7818  N   TRP F 175     -13.823  63.602 -24.698  1.00 28.04      B000 N
ATOM   7819  CA  TRP F 175     -13.972  62.145 -24.586  1.00 34.38      B000 C
ATOM   7820  C   TRP F 175     -12.623  61.449 -24.421  1.00 37.26      B000 C
ATOM   7821  O   TRP F 175     -12.450  60.587 -23.549  1.00 35.08      B000 O
ATOM   7822  CB  TRP F 175     -14.700  61.599 -25.815  1.00 28.70      B000 C
ATOM   7823  CG  TRP F 175     -15.152  60.160 -25.730  1.00 37.75      B000 C
ATOM   7824  CD1 TRP F 175     -16.401  59.702 -25.374  1.00 32.61      B000 C
ATOM   7825  CD2 TRP F 175     -14.381  58.992 -26.056  1.00 35.80      B000 C
ATOM   7826  NE1 TRP F 175     -16.440  58.337 -25.446  1.00 36.32      B000 N
ATOM   7827  CE2 TRP F 175     -15.219  57.874 -25.866  1.00 39.10      B000 C
ATOM   7828  CE3 TRP F 175     -13.067  58.786 -26.488  1.00 34.63      B000 C
ATOM   7829  CZ2 TRP F 175     -14.788  56.573 -26.097  1.00 34.59      B000 C
ATOM   7830  CZ3 TRP F 175     -12.637  57.494 -26.720  1.00 37.06      B000 C
ATOM   7831  CH2 TRP F 175     -13.493  56.402 -26.517  1.00 41.92      B000 C
ATOM   7832  N   ALA F 176     -11.637  61.842 -25.230  1.00 31.21      B000 N
ATOM   7833  CA  ALA F 176     -10.356  61.158 -25.149  1.00 35.56      B000 C
ATOM   7834  C   ALA F 176      -9.749  61.306 -23.765  1.00 38.45      B000 C
ATOM   7835  O   ALA F 176      -9.108  60.373 -23.270  1.00 39.51      B000 O
ATOM   7836  CB  ALA F 176      -9.403  61.684 -26.229  1.00 24.62      B000 C
ATOM   7837  N   ASP F 177      -9.964  62.449 -23.107  1.00 34.61      B000 N
ATOM   7838  CA  ASP F 177      -9.426  62.601 -21.759  1.00 35.23      B000 C
ATOM   7839  C   ASP F 177     -10.233  61.808 -20.751  1.00 37.46      B000 C
ATOM   7840  O   ASP F 177      -9.663  61.241 -19.812  1.00 34.54      B000 O
ATOM   7841  CB  ASP F 177      -9.379  64.072 -21.351  1.00 34.09      B000 C
ATOM   7842  CG  ASP F 177      -8.386  64.859 -22.167  1.00 41.05      B000 C
ATOM   7843  OD1 ASP F 177      -7.313  64.292 -22.458  1.00 42.78      B000 O
ATOM   7844  OD2 ASP F 177      -8.681  66.028 -22.531  1.00 43.34      B000 O1-
ATOM   7845  N   ALA F 178     -11.561  61.775 -20.907  1.00 34.72      B000 N
ATOM   7846  CA  ALA F 178     -12.357  60.941 -20.010  1.00 40.52      B000 C
ATOM   7847  C   ALA F 178     -11.978  59.471 -20.186  1.00 36.67      B000 C
ATOM   7848  O   ALA F 178     -11.853  58.724 -19.208  1.00 36.37      B000 O
ATOM   7849  CB  ALA F 178     -13.850  61.165 -20.268  1.00 32.74      B000 C
ATOM   7850  N   ASP F 179     -11.714  59.070 -21.424  1.00 34.82      B000 N
ATOM   7851  CA  ASP F 179     -11.257  57.715 -21.706  1.00 36.26      B000 C
ATOM   7852  C   ASP F 179      -9.957  57.397 -20.955  1.00 42.39      B000 C
ATOM   7853  O   ASP F 179      -9.861  56.368 -20.275  1.00 44.65      B000 O
ATOM   7854  CB  ASP F 179     -11.107  57.584 -23.221  1.00 41.84      B000 C
ATOM   7855  CG  ASP F 179     -10.618  56.220 -23.670  1.00 52.24      B000 C
ATOM   7856  OD1 ASP F 179     -11.237  55.192 -23.304  1.00 48.91      B000 O
ATOM   7857  OD2 ASP F 179      -9.620  56.195 -24.430  1.00 51.25      B000 O1-
ATOM   7858  N   ASN F 180      -8.959  58.292 -21.019  1.00 36.75      B000 N
ATOM   7859  CA  ASN F 180      -7.704  58.044 -20.302  1.00 37.14      B000 C
ATOM   7860  C   ASN F 180      -7.923  58.008 -18.796  1.00 39.01      B000 C
ATOM   7861  O   ASN F 180      -7.306  57.205 -18.089  1.00 45.89      B000 O
ATOM   7862  CB  ASN F 180      -6.654  59.118 -20.615  1.00 46.92      B000 C
ATOM   7863  CG  ASN F 180      -6.153  59.087 -22.053  1.00 58.49      B000 C
ATOM   7864  OD1 ASN F 180      -6.232  58.070 -22.751  1.00 61.49      B000 O
ATOM   7865  ND2 ASN F 180      -5.630  60.232 -22.507  1.00 67.59      B000 N
ATOM   7866  N   TYR F 181      -8.782  58.887 -18.283  1.00 43.70      B000 N
ATOM   7867  CA  TYR F 181      -9.073  58.899 -16.852  1.00 39.91      B000 C
ATOM   7868  C   TYR F 181      -9.597  57.540 -16.394  1.00 37.95      B000 C
ATOM   7869  O   TYR F 181      -9.186  57.026 -15.351  1.00 39.77      B000 O
ATOM   7870  CB  TYR F 181     -10.089  60.009 -16.524  1.00 38.63      B000 C
ATOM   7871  CG  TYR F 181     -10.493  60.066 -15.056  1.00 41.58      B000 C
ATOM   7872  CD1 TYR F 181     -11.438  59.167 -14.527  1.00 31.11      B000 C
ATOM   7873  CD2 TYR F 181      -9.928  61.018 -14.193  1.00 31.82      B000 C
ATOM   7874  CE1 TYR F 181     -11.782  59.205 -13.193  1.00 31.20      B000 C
```

```
ATOM   7875  CE2 TYR F 181     -10.285  61.067 -12.856  1.00 32.07      B000 C
ATOM   7876  CZ  TYR F 181     -11.206  60.153 -12.364  1.00 37.73      B000 C
ATOM   7877  OH  TYR F 181     -11.565  60.192 -11.049  1.00 44.00      B000 O
ATOM   7878  N   CYS F 182     -10.545  56.962 -17.133  1.00 38.33      B000 N
ATOM   7879  CA  CYS F 182     -11.080  55.671 -16.702  1.00 46.48      B000 C
ATOM   7880  C   CYS F 182     -10.008  54.591 -16.772  1.00 43.13      B000 C
ATOM   7881  O   CYS F 182      -9.877  53.782 -15.848  1.00 43.36      B000 O
ATOM   7882  CB  CYS F 182     -12.309  55.282 -17.529  1.00 39.09      B000 C
ATOM   7883  SG  CYS F 182     -13.808  56.319 -17.269  1.00 47.89      B000 S
ATOM   7884  N   ARG F 183      -9.196  54.599 -17.834  1.00 45.20      B000 N
ATOM   7885  CA  ARG F 183      -8.147  53.596 -17.968  1.00 43.53      B000 C
ATOM   7886  C   ARG F 183      -7.166  53.667 -16.806  1.00 46.41      B000 C
ATOM   7887  O   ARG F 183      -6.782  52.629 -16.254  1.00 47.85      B000 O
ATOM   7888  CB  ARG F 183      -7.439  53.764 -19.316  1.00 41.85      B000 C
ATOM   7889  CG  ARG F 183      -8.193  53.051 -20.444  1.00 61.73      B000 C
ATOM   7890  CD  ARG F 183      -7.918  53.573 -21.866  1.00 68.72      B000 C
ATOM   7891  NE  ARG F 183      -8.968  53.099 -22.784  1.00 81.47      B000 N
ATOM   7892  CZ  ARG F 183      -9.062  53.405 -24.082  1.00 84.12      B000 C
ATOM   7893  NH1 ARG F 183      -8.149  54.199 -24.652  1.00 78.81      B000 N1+
ATOM   7894  NH2 ARG F 183     -10.082  52.925 -24.811  1.00 60.08      B000 N
ATOM   7895  N   LEU F 184      -6.805  54.884 -16.367  1.00 42.66      B000 N
ATOM   7896  CA  LEU F 184      -5.910  55.030 -15.220  1.00 41.52      B000 C
ATOM   7897  C   LEU F 184      -6.542  54.558 -13.921  1.00 45.58      B000 C
ATOM   7898  O   LEU F 184      -5.822  54.349 -12.944  1.00 51.35      B000 O
ATOM   7899  CB  LEU F 184      -5.441  56.481 -15.057  1.00 36.16      B000 C
ATOM   7900  CG  LEU F 184      -4.410  57.032 -16.056  1.00 52.39      B000 C
ATOM   7901  CD1 LEU F 184      -4.128  58.507 -15.803  1.00 41.04      B000 C
ATOM   7902  CD2 LEU F 184      -3.105  56.258 -15.999  1.00 43.74      B000 C
ATOM   7903  N   GLU F 185      -7.862  54.403 -13.875  1.00 49.78      B000 N
ATOM   7904  CA  GLU F 185      -8.548  53.829 -12.724  1.00 54.22      B000 C
ATOM   7905  C   GLU F 185      -8.765  52.324 -12.849  1.00 48.30      B000 C
ATOM   7906  O   GLU F 185      -9.579  51.769 -12.104  1.00 50.24      B000 O
ATOM   7907  CB  GLU F 185      -9.905  54.506 -12.523  1.00 53.96      B000 C
ATOM   7908  CG  GLU F 185      -9.835  55.994 -12.368  1.00 48.05      B000 C
ATOM   7909  CD  GLU F 185      -9.246  56.395 -11.042  1.00 60.24      B000 C
ATOM   7910  OE1 GLU F 185      -9.666  55.804 -10.016  1.00 64.06      B000 O
ATOM   7911  OE2 GLU F 185      -8.376  57.300 -11.033  1.00 63.60      B000 O1-
ATOM   7912  N   ASP F 186      -8.062  51.659 -13.765  1.00 48.69      B000 N
ATOM   7913  CA  ASP F 186      -8.311  50.254 -14.090  1.00 49.60      B000 C
ATOM   7914  C   ASP F 186      -9.782  50.054 -14.431  1.00 52.34      B000 C
ATOM   7915  O   ASP F 186     -10.445  49.131 -13.950  1.00 49.55      B000 O
ATOM   7916  CB  ASP F 186      -7.889  49.319 -12.951  1.00 53.42      B000 C
ATOM   7917  CG  ASP F 186      -6.443  49.508 -12.545  1.00 79.16      B000 C
ATOM   7918  OD1 ASP F 186      -5.652  50.034 -13.366  1.00 85.17      B000 O
ATOM   7919  OD2 ASP F 186      -6.093  49.125 -11.403  1.00 86.75      B000 O1-
ATOM   7920  N   ALA F 187     -10.303  50.958 -15.252  1.00 50.66      B000 N
ATOM   7921  CA  ALA F 187     -11.705  50.915 -15.627  1.00 43.40      B000 C
ATOM   7922  C   ALA F 187     -11.822  51.404 -17.061  1.00 39.32      B000 C
ATOM   7923  O   ALA F 187     -10.822  51.623 -17.752  1.00 42.43      B000 O
ATOM   7924  CB  ALA F 187     -12.559  51.716 -14.636  1.00 37.47      B000 C
ATOM   7925  N   HIS F 188     -13.048  51.547 -17.523  1.00 38.43      B000 N
ATOM   7926  CA  HIS F 188     -13.273  52.036 -18.864  1.00 42.96      B000 C
ATOM   7927  C   HIS F 188     -14.539  52.878 -18.839  1.00 39.88      B000 C
ATOM   7928  O   HIS F 188     -15.291  52.871 -17.865  1.00 47.38      B000 O
ATOM   7929  CB  HIS F 188     -13.377  50.872 -19.852  1.00 40.78      B000 C
ATOM   7930  CG  HIS F 188     -14.461  49.901 -19.512  1.00 40.48      B000 C
ATOM   7931  ND1 HIS F 188     -15.783  50.124 -19.830  1.00 46.61      B000 N
ATOM   7932  CD2 HIS F 188     -14.427  48.716 -18.858  1.00 45.33      B000 C
ATOM   7933  CE1 HIS F 188     -16.515  49.109 -19.403  1.00 45.57      B000 C
ATOM   7934  NE2 HIS F 188     -15.716  48.241 -18.811  1.00 46.51      B000 N
ATOM   7935  N   LEU F 189     -14.764  53.613 -19.918  1.00 37.01      B000 N
ATOM   7936  CA  LEU F 189     -15.978  54.400 -20.036  1.00 37.46      B000 C
ATOM   7937  C   LEU F 189     -17.191  53.475 -20.121  1.00 43.07      B000 C
ATOM   7938  O   LEU F 189     -17.135  52.415 -20.754  1.00 37.38      B000 O
ATOM   7939  CB  LEU F 189     -15.891  55.299 -21.263  1.00 31.01      B000 C
ATOM   7940  CG  LEU F 189     -14.995  56.532 -21.160  1.00 35.76      B000 C
ATOM   7941  CD1 LEU F 189     -14.766  57.097 -22.537  1.00 33.40      B000 C
ATOM   7942  CD2 LEU F 189     -15.624  57.607 -20.257  1.00 34.63      B000 C
ATOM   7943  N   VAL F 190     -18.301  53.904 -19.502  1.00 37.96      B000 N
ATOM   7944  CA  VAL F 190     -19.417  53.006 -19.237  1.00 34.67      B000 C
ATOM   7945  C   VAL F 190     -19.928  52.393 -20.536  1.00 42.14      B000 C
```

```
ATOM   7946  O   VAL F 190     -20.044  53.064 -21.573  1.00 40.38      B000 O
ATOM   7947  CB  VAL F 190     -20.551  53.722 -18.477  1.00 36.38      B000 C
ATOM   7948  CG1 VAL F 190     -21.205  54.857 -19.319  1.00 31.50      B000 C
ATOM   7949  CG2 VAL F 190     -21.573  52.718 -18.006  1.00 38.12      B000 C
ATOM   7950  N   VAL F 191     -20.178  51.085 -20.485  1.00 40.92      B000 N
ATOM   7951  CA  VAL F 191     -20.787  50.325 -21.567  1.00 40.00      B000 C
ATOM   7952  C   VAL F 191     -22.162  49.884 -21.082  1.00 41.46      B000 C
ATOM   7953  O   VAL F 191     -22.265  49.187 -20.063  1.00 51.69      B000 O
ATOM   7954  CB  VAL F 191     -19.928  49.113 -21.966  1.00 43.90      B000 C
ATOM   7955  CG1 VAL F 191     -20.596  48.350 -23.106  1.00 38.60      B000 C
ATOM   7956  CG2 VAL F 191     -18.503  49.546 -22.338  1.00 38.08      B000 C
ATOM   7957  N   VAL F 192     -23.209  50.284 -21.805  1.00 39.60      B000 N
ATOM   7958  CA  VAL F 192     -24.603  50.091 -21.402  1.00 40.55      B000 C
ATOM   7959  C   VAL F 192     -25.139  48.872 -22.134  1.00 42.33      B000 C
ATOM   7960  O   VAL F 192     -25.454  48.955 -23.326  1.00 43.63      B000 O
ATOM   7961  CB  VAL F 192     -25.464  51.319 -21.747  1.00 43.28      B000 C
ATOM   7962  CG1 VAL F 192     -26.869  51.182 -21.155  1.00 32.94      B000 C
ATOM   7963  CG2 VAL F 192     -24.772  52.629 -21.333  1.00 35.84      B000 C
ATOM   7964  N   THR F 193     -25.341  47.762 -21.429  1.00 48.94      B000 N
ATOM   7965  CA  THR F 193     -25.745  46.531 -22.105  1.00 47.71      B000 C
ATOM   7966  C   THR F 193     -27.211  46.169 -21.896  1.00 49.57      B000 C
ATOM   7967  O   THR F 193     -27.654  45.172 -22.465  1.00 51.89      B000 O
ATOM   7968  CB  THR F 193     -24.866  45.344 -21.673  1.00 37.74      B000 C
ATOM   7969  OG1 THR F 193     -25.053  45.097 -20.280  1.00 43.14      B000 O
ATOM   7970  CG2 THR F 193     -23.361  45.624 -21.935  1.00 34.77      B000 C
ATOM   7971  N   SER F 194     -27.986  46.957 -21.143  1.00 45.16      B000 N
ATOM   7972  CA  SER F 194     -29.364  46.570 -20.845  1.00 43.88      B000 C
ATOM   7973  C   SER F 194     -30.163  47.775 -20.395  1.00 47.69      B000 C
ATOM   7974  O   SER F 194     -29.609  48.782 -19.938  1.00 48.48      B000 O
ATOM   7975  CB  SER F 194     -29.443  45.506 -19.738  1.00 52.95      B000 C
ATOM   7976  OG  SER F 194     -29.162  46.065 -18.455  1.00 47.85      B000 O
ATOM   7977  N   TRP F 195     -31.488  47.622 -20.464  1.00 48.46      B000 N
ATOM   7978  CA  TRP F 195     -32.386  48.680 -20.012  1.00 44.88      B000 C
ATOM   7979  C   TRP F 195     -32.160  49.001 -18.546  1.00 47.13      B000 C
ATOM   7980  O   TRP F 195     -32.238  50.165 -18.133  1.00 45.99      B000 O
ATOM   7981  CB  TRP F 195     -33.843  48.288 -20.250  1.00 41.25      B000 C
ATOM   7982  CG  TRP F 195     -34.410  48.910 -21.469  1.00 54.27      B000 C
ATOM   7983  CD1 TRP F 195     -34.863  48.275 -22.601  1.00 50.60      B000 C
ATOM   7984  CD2 TRP F 195     -34.541  50.319 -21.716  1.00 55.13      B000 C
ATOM   7985  NE1 TRP F 195     -35.307  49.212 -23.521  1.00 52.12      B000 N
ATOM   7986  CE2 TRP F 195     -35.114  50.470 -23.005  1.00 54.46      B000 C
ATOM   7987  CE3 TRP F 195     -34.246  51.467 -20.964  1.00 50.27      B000 C
ATOM   7988  CZ2 TRP F 195     -35.391  51.727 -23.561  1.00 62.09      B000 C
ATOM   7989  CZ3 TRP F 195     -34.530  52.721 -21.513  1.00 54.11      B000 C
ATOM   7990  CH2 TRP F 195     -35.091  52.837 -22.804  1.00 59.63      B000 C
ATOM   7991  N   GLU F 196     -31.875  47.980 -17.747  1.00 43.73      B000 N
ATOM   7992  CA  GLU F 196     -31.638  48.202 -16.330  1.00 46.25      B000 C
ATOM   7993  C   GLU F 196     -30.421  49.094 -16.133  1.00 48.83      B000 C
ATOM   7994  O   GLU F 196     -30.505  50.141 -15.480  1.00 50.61      B000 O
ATOM   7995  CB  GLU F 196     -31.445  46.853 -15.623  1.00 52.52      B000 C
ATOM   7996  CG  GLU F 196     -32.744  46.023 -15.500  1.00 56.68      B000 C
ATOM   7997  CD  GLU F 196     -33.141  45.323 -16.823  1.00 67.73      B000 C
ATOM   7998  OE1 GLU F 196     -32.250  45.039 -17.660  1.00 66.56      B000 O
ATOM   7999  OE2 GLU F 196     -34.348  45.063 -17.030  1.00 76.24      B000 O1-
ATOM   8000  N   GLU F 197     -29.293  48.717 -16.744  1.00 40.21      B000 N
ATOM   8001  CA  GLU F 197     -28.089  49.533 -16.666  1.00 46.56      B000 C
ATOM   8002  C   GLU F 197     -28.364  50.956 -17.149  1.00 46.02      B000 C
ATOM   8003  O   GLU F 197     -27.964  51.927 -16.494  1.00 39.09      B000 O
ATOM   8004  CB  GLU F 197     -26.965  48.881 -17.475  1.00 41.68      B000 C
ATOM   8005  CG  GLU F 197     -25.566  49.351 -17.097  1.00 46.61      B000 C
ATOM   8006  CD  GLU F 197     -24.465  48.581 -17.830  1.00 49.56      B000 C
ATOM   8007  OE1 GLU F 197     -24.781  47.861 -18.816  1.00 45.94      B000 O
ATOM   8008  OE2 GLU F 197     -23.283  48.692 -17.413  1.00 45.17      B000 O1-
ATOM   8009  N   GLN F 198     -29.087  51.091 -18.271  1.00 37.03      B000 N
ATOM   8010  CA  GLN F 198     -29.451  52.403 -18.794  1.00 36.33      B000 C
ATOM   8011  C   GLN F 198     -30.217  53.231 -17.769  1.00 44.55      B000 C
ATOM   8012  O   GLN F 198     -29.896  54.400 -17.546  1.00 40.80      B000 O
ATOM   8013  CB  GLN F 198     -30.275  52.248 -20.065  1.00 35.40      B000 C
ATOM   8014  CG  GLN F 198     -31.035  53.513 -20.445  1.00 35.73      B000 C
ATOM   8015  CD  GLN F 198     -30.137  54.563 -21.106  1.00 43.38      B000 C
ATOM   8016  OE1 GLN F 198     -29.107  54.240 -21.704  1.00 38.10      B000 O
```

```
ATOM   8017  NE2 GLN F 198     -30.535  55.821 -21.007  1.00 38.22      B000 N
ATOM   8018  N   LYS F 199     -31.229  52.641 -17.123  1.00 47.51      B000 N
ATOM   8019  CA  LYS F 199     -32.018  53.399 -16.154  1.00 44.51      B000 C
ATOM   8020  C   LYS F 199     -31.196  53.714 -14.918  1.00 39.60      B000 C
ATOM   8021  O   LYS F 199     -31.308  54.805 -14.351  1.00 43.02      B000 O
ATOM   8022  CB  LYS F 199     -33.276  52.619 -15.760  1.00 48.82      B000 C
ATOM   8023  CG  LYS F 199     -34.257  52.311 -16.891  1.00 50.78      B000 C
ATOM   8024  CD  LYS F 199     -35.683  52.463 -16.392  1.00 65.99      B000 C
ATOM   8025  CE  LYS F 199     -36.698  51.763 -17.281  1.00 72.04      B000 C
ATOM   8026  NZ  LYS F 199     -38.023  51.636 -16.575  1.00 76.98      B000 N1+
ATOM   8027  N   PHE F 200     -30.351  52.773 -14.502  1.00 38.71      B000 N
ATOM   8028  CA  PHE F 200     -29.447  53.007 -13.388  1.00 38.04      B000 C
ATOM   8029  C   PHE F 200     -28.557  54.224 -13.641  1.00 47.55      B000 C
ATOM   8030  O   PHE F 200     -28.381  55.073 -12.761  1.00 42.70      B000 O
ATOM   8031  CB  PHE F 200     -28.604  51.759 -13.163  1.00 40.51      B000 C
ATOM   8032  CG  PHE F 200     -27.381  51.999 -12.347  1.00 41.69      B000 C
ATOM   8033  CD1 PHE F 200     -27.473  52.215 -10.980  1.00 38.29      B000 C
ATOM   8034  CD2 PHE F 200     -26.130  52.027 -12.953  1.00 37.96      B000 C
ATOM   8035  CE1 PHE F 200     -26.330  52.448 -10.216  1.00 42.63      B000 C
ATOM   8036  CE2 PHE F 200     -24.978  52.252 -12.205  1.00 39.67      B000 C
ATOM   8037  CZ  PHE F 200     -25.076  52.466 -10.830  1.00 44.08      B000 C
ATOM   8038  N   VAL F 201     -27.984  54.328 -14.842  1.00 43.83      B000 N
ATOM   8039  CA  VAL F 201     -27.087  55.445 -15.131  1.00 40.81      B000 C
ATOM   8040  C   VAL F 201     -27.865  56.756 -15.182  1.00 44.68      B000 C
ATOM   8041  O   VAL F 201     -27.442  57.758 -14.596  1.00 42.14      B000 O
ATOM   8042  CB  VAL F 201     -26.313  55.196 -16.438  1.00 40.73      B000 C
ATOM   8043  CG1 VAL F 201     -25.631  56.475 -16.900  1.00 38.56      B000 C
ATOM   8044  CG2 VAL F 201     -25.297  54.053 -16.260  1.00 34.68      B000 C
ATOM   8045  N   GLN F 202     -29.005  56.768 -15.894  1.00 37.85      B000 N
ATOM   8046  CA  GLN F 202     -29.859  57.956 -15.959  1.00 43.72      B000 C
ATOM   8047  C   GLN F 202     -30.185  58.499 -14.582  1.00 46.87      B000 C
ATOM   8048  O   GLN F 202     -30.211  59.720 -14.367  1.00 46.96      B000 O
ATOM   8049  CB  GLN F 202     -31.184  57.645 -16.634  1.00 43.62      B000 C
ATOM   8050  CG  GLN F 202     -31.156  57.250 -18.044  1.00 46.33      B000 C
ATOM   8051  CD  GLN F 202     -32.572  57.120 -18.537  1.00 50.37      B000 C
ATOM   8052  OE1 GLN F 202     -32.871  56.353 -19.451  1.00 47.40      B000 O
ATOM   8053  NE2 GLN F 202     -33.469  57.864 -17.901  1.00 48.25      B000 N
ATOM   8054  N   HIS F 203     -30.503  57.603 -13.654  1.00 41.20      B000 N
ATOM   8055  CA  HIS F 203     -30.825  58.034 -12.307  1.00 44.02      B000 C
ATOM   8056  C   HIS F 203     -29.701  58.866 -11.707  1.00 47.89      B000 C
ATOM   8057  O   HIS F 203     -29.958  59.896 -11.078  1.00 47.99      B000 O
ATOM   8058  CB  HIS F 203     -31.106  56.827 -11.421  1.00 40.71      B000 C
ATOM   8059  CG  HIS F 203     -31.413  57.206 -10.013  1.00 53.47      B000 C
ATOM   8060  ND1 HIS F 203     -30.514  57.028  -8.982  1.00 56.30      B000 N
ATOM   8061  CD2 HIS F 203     -32.499  57.805  -9.470  1.00 46.30      B000 C
ATOM   8062  CE1 HIS F 203     -31.044  57.478  -7.858  1.00 55.89      B000 C
ATOM   8063  NE2 HIS F 203     -32.248  57.953  -8.127  1.00 56.08      B000 N
ATOM   8064  N   HIS F 204     -28.444  58.458 -11.918  1.00 41.43      B000 N
ATOM   8065  CA  HIS F 204     -27.328  59.148 -11.283  1.00 39.37      B000 C
ATOM   8066  C   HIS F 204     -26.814  60.355 -12.055  1.00 40.69      B000 C
ATOM   8067  O   HIS F 204     -26.317  61.291 -11.426  1.00 42.64      B000 O
ATOM   8068  CB  HIS F 204     -26.174  58.188 -11.035  1.00 43.78      B000 C
ATOM   8069  CG  HIS F 204     -26.401  57.295  -9.864  1.00 48.22      B000 C
ATOM   8070  ND1 HIS F 204     -26.903  56.017  -9.983  1.00 46.54      B000 N
ATOM   8071  CD2 HIS F 204     -26.255  57.524  -8.538  1.00 40.29      B000 C
ATOM   8072  CE1 HIS F 204     -27.021  55.484  -8.781  1.00 48.73      B000 C
ATOM   8073  NE2 HIS F 204     -26.638  56.378  -7.887  1.00 42.03      B000 N
ATOM   8074  N   ILE F 205     -26.916  60.374 -13.387  1.00 37.14      B000 N
ATOM   8075  CA  ILE F 205     -26.350  61.499 -14.131  1.00 36.61      B000 C
ATOM   8076  C   ILE F 205     -27.319  62.674 -14.148  1.00 42.45      B000 C
ATOM   8077  O   ILE F 205     -26.895  63.820 -14.292  1.00 40.59      B000 O
ATOM   8078  CB  ILE F 205     -25.950  61.116 -15.576  1.00 34.16      B000 C
ATOM   8079  CG1 ILE F 205     -27.167  60.709 -16.402  1.00 34.84      B000 C
ATOM   8080  CG2 ILE F 205     -24.871  60.040 -15.609  1.00 29.47      B000 C
ATOM   8081  CD1 ILE F 205     -26.829  60.403 -17.814  1.00 37.88      B000 C
ATOM   8082  N   GLY F 206     -28.620  62.416 -14.017  1.00 43.01      B000 N
ATOM   8083  CA  GLY F 206     -29.611  63.456 -14.094  1.00 36.11      B000 C
ATOM   8084  C   GLY F 206     -29.691  64.031 -15.491  1.00 41.59      B000 C
ATOM   8085  O   GLY F 206     -29.511  63.335 -16.493  1.00 41.37      B000 O
ATOM   8086  N   PRO F 207     -29.950  65.320 -15.574  1.00 36.32      B000 N
ATOM   8087  CA  PRO F 207     -30.143  65.969 -16.875  1.00 39.41      B000 C
```

```
ATOM   8088  C   PRO F 207     -28.881  66.583 -17.484  1.00 35.53      B000 C
ATOM   8089  O   PRO F 207     -28.943  67.699 -18.000  1.00 50.85      B000 O
ATOM   8090  CB  PRO F 207     -31.148  67.068 -16.531  1.00 38.74      B000 C
ATOM   8091  CG  PRO F 207     -30.663  67.508 -15.160  1.00 35.34      B000 C
ATOM   8092  CD  PRO F 207     -30.199  66.246 -14.457  1.00 39.53      B000 C
ATOM   8093  N   VAL F 208     -27.741  65.910 -17.422  1.00 33.23      B000 N
ATOM   8094  CA  VAL F 208     -26.468  66.469 -17.858  1.00 39.13      B000 C
ATOM   8095  C   VAL F 208     -25.919  65.604 -18.985  1.00 35.96      B000 C
ATOM   8096  O   VAL F 208     -25.881  64.378 -18.856  1.00 36.23      B000 O
ATOM   8097  CB  VAL F 208     -25.470  66.542 -16.690  1.00 35.73      B000 C
ATOM   8098  CG1 VAL F 208     -24.205  67.239 -17.130  1.00 31.91      B000 C
ATOM   8099  CG2 VAL F 208     -26.108  67.258 -15.495  1.00 37.34      B000 C
ATOM   8100  N   ASN F 209     -25.509  66.232 -20.088  1.00 32.26      B000 N
ATOM   8101  CA  ASN F 209     -24.855  65.476 -21.157  1.00 32.97      B000 C
ATOM   8102  C   ASN F 209     -23.617  64.755 -20.626  1.00 34.25      B000 C
ATOM   8103  O   ASN F 209     -22.796  65.346 -19.917  1.00 33.13      B000 O
ATOM   8104  CB  ASN F 209     -24.481  66.389 -22.315  1.00 30.89      B000 C
ATOM   8105  CG  ASN F 209     -25.679  66.764 -23.167  1.00 37.35      B000 C
ATOM   8106  OD1 ASN F 209     -26.585  65.948 -23.377  1.00 36.11      B000 O
ATOM   8107  ND2 ASN F 209     -25.682  67.989 -23.685  1.00 31.49      B000 N
ATOM   8108  N   THR F 210     -23.508  63.458 -20.934  1.00 30.22      B000 N
ATOM   8109  CA  THR F 210     -22.544  62.592 -20.266  1.00 31.09      B000 C
ATOM   8110  C   THR F 210     -21.985  61.559 -21.244  1.00 34.46      B000 C
ATOM   8111  O   THR F 210     -22.756  60.821 -21.873  1.00 32.16      B000 O
ATOM   8112  CB  THR F 210     -23.210  61.900 -19.071  1.00 32.23      B000 C
ATOM   8113  OG1 THR F 210     -23.838  62.882 -18.229  1.00 31.01      B000 O
ATOM   8114  CG2 THR F 210     -22.187  61.116 -18.256  1.00 27.20      B000 C
ATOM   8115  N   TRP F 211     -20.650  61.510 -21.371  1.00 29.01      B000 N
ATOM   8116  CA  TRP F 211     -19.987  60.567 -22.278  1.00 30.78      B000 C
ATOM   8117  C   TRP F 211     -20.208  59.116 -21.857  1.00 33.57      B000 C
ATOM   8118  O   TRP F 211     -20.215  58.792 -20.667  1.00 33.68      B000 O
ATOM   8119  CB  TRP F 211     -18.473  60.834 -22.329  1.00 28.32      B000 C
ATOM   8120  CG  TRP F 211     -18.041  62.091 -23.074  1.00 29.99      B000 C
ATOM   8121  CD1 TRP F 211     -17.177  63.044 -22.623  1.00 28.61      B000 C
ATOM   8122  CD2 TRP F 211     -18.423  62.498 -24.404  1.00 30.26      B000 C
ATOM   8123  NE1 TRP F 211     -16.989  64.012 -23.580  1.00 32.26      B000 N
ATOM   8124  CE2 TRP F 211     -17.742  63.709 -24.681  1.00 29.27      B000 C
ATOM   8125  CE3 TRP F 211     -19.273  61.958 -25.381  1.00 26.34      B000 C
ATOM   8126  CZ2 TRP F 211     -17.891  64.402 -25.888  1.00 28.81      B000 C
ATOM   8127  CZ3 TRP F 211     -19.431  62.640 -26.575  1.00 28.36      B000 C
ATOM   8128  CH2 TRP F 211     -18.739  63.866 -26.818  1.00 34.89      B000 C
ATOM   8129  N   MET F 212     -20.359  58.232 -22.845  1.00 36.13      B000 N
ATOM   8130  CA  MET F 212     -20.261  56.789 -22.634  1.00 36.28      B000 C
ATOM   8131  C   MET F 212     -19.149  56.198 -23.506  1.00 41.20      B000 C
ATOM   8132  O   MET F 212     -18.610  56.848 -24.412  1.00 38.23      B000 O
ATOM   8133  CB  MET F 212     -21.598  56.096 -22.919  1.00 36.01      B000 C
ATOM   8134  CG  MET F 212     -21.950  55.930 -24.386  1.00 32.65      B000 C
ATOM   8135  SD  MET F 212     -23.698  55.486 -24.615  1.00 40.40      B000 S
ATOM   8136  CE  MET F 212     -24.541  57.090 -24.376  1.00 32.88      B000 C
ATOM   8137  N   GLY F 213     -18.810  54.942 -23.233  1.00 41.45      B000 N
ATOM   8138  CA  GLY F 213     -17.729  54.287 -23.952  1.00 36.96      B000 C
ATOM   8139  C   GLY F 213     -18.090  53.824 -25.345  1.00 39.99      B000 C
ATOM   8140  O   GLY F 213     -17.905  52.645 -25.677  1.00 38.24      B000 O
ATOM   8141  N   LEU F 214     -18.614  54.732 -26.173  1.00 34.09      B000 N
ATOM   8142  CA  LEU F 214     -19.135  54.371 -27.489  1.00 37.28      B000 C
ATOM   8143  C   LEU F 214     -18.700  55.449 -28.470  1.00 36.04      B000 C
ATOM   8144  O   LEU F 214     -18.965  56.632 -28.244  1.00 38.95      B000 O
ATOM   8145  CB  LEU F 214     -20.673  54.216 -27.453  1.00 36.90      B000 C
ATOM   8146  CG  LEU F 214     -21.474  53.990 -28.753  1.00 39.75      B000 C
ATOM   8147  CD1 LEU F 214     -20.997  52.758 -29.501  1.00 40.07      B000 C
ATOM   8148  CD2 LEU F 214     -22.967  53.871 -28.493  1.00 34.46      B000 C
ATOM   8149  N   HIS F 215     -18.023  55.054 -29.545  1.00 41.21      B000 N
ATOM   8150  CA  HIS F 215     -17.454  56.028 -30.471  1.00 43.32      B000 C
ATOM   8151  C   HIS F 215     -17.360  55.421 -31.860  1.00 44.63      B000 C
ATOM   8152  O   HIS F 215     -17.496  54.209 -32.041  1.00 41.89      B000 O
ATOM   8153  CB  HIS F 215     -16.081  56.493 -30.014  1.00 37.84      B000 C
ATOM   8154  CG  HIS F 215     -15.059  55.406 -30.023  1.00 48.13      B000 C
ATOM   8155  ND1 HIS F 215     -14.161  55.238 -31.054  1.00 51.31      B000 N
ATOM   8156  CD2 HIS F 215     -14.806  54.416 -29.137  1.00 50.71      B000 C
ATOM   8157  CE1 HIS F 215     -13.391  54.198 -30.797  1.00 52.71      B000 C
ATOM   8158  NE2 HIS F 215     -13.760  53.683 -29.639  1.00 46.57      B000 N
```

```
ATOM   8159  N   ASP F 216     -17.144  56.288 -32.853  1.00 40.97      B000 N
ATOM   8160  CA  ASP F 216     -17.135  55.874 -34.252  1.00 42.50      B000 C
ATOM   8161  C   ASP F 216     -15.783  56.113 -34.912  1.00 43.44      B000 C
ATOM   8162  O   ASP F 216     -15.701  56.251 -36.131  1.00 42.45      B000 O
ATOM   8163  CB  ASP F 216     -18.241  56.589 -35.029  1.00 40.42      B000 C
ATOM   8164  CG  ASP F 216     -17.950  58.067 -35.268  1.00 43.85      B000 C
ATOM   8165  OD1 ASP F 216     -16.970  58.617 -34.703  1.00 43.41      B000 O
ATOM   8166  OD2 ASP F 216     -18.733  58.690 -36.024  1.00 45.80      B000 O1-
ATOM   8167  N   GLN F 217     -14.710  56.137 -34.128  1.00 51.10      B000 N
ATOM   8168  CA  GLN F 217     -13.512  56.817 -34.600  1.00 58.50      B000 C
ATOM   8169  C   GLN F 217     -12.746  56.030 -35.663  1.00 59.01      B000 C
ATOM   8170  O   GLN F 217     -11.858  56.600 -36.302  1.00 64.06      B000 O
ATOM   8171  CB  GLN F 217     -12.653  57.214 -33.385  1.00 60.37      B000 C
ATOM   8172  CG  GLN F 217     -13.415  58.358 -32.581  1.00 65.68      B000 C
ATOM   8173  CD  GLN F 217     -12.601  59.087 -31.493  1.00 70.67      B000 C
ATOM   8174  OE1 GLN F 217     -12.640  58.714 -30.307  1.00 52.11      B000 O
ATOM   8175  NE2 GLN F 217     -11.925  60.175 -31.884  1.00 67.51      B000 N
ATOM   8176  N   ASN F 218     -13.108  54.777 -35.930  1.00 52.55      B000 N
ATOM   8177  CA  ASN F 218     -12.597  54.084 -37.103  1.00 58.15      B000 C
ATOM   8178  C   ASN F 218     -13.615  53.968 -38.223  1.00 65.45      B000 C
ATOM   8179  O   ASN F 218     -13.292  53.430 -39.289  1.00 62.69      B000 O
ATOM   8180  CB  ASN F 218     -12.114  52.698 -36.724  1.00 71.05      B000 C
ATOM   8181  CG  ASN F 218     -10.817  52.743 -35.976  1.00 81.96      B000 C
ATOM   8182  OD1 ASN F 218     -10.715  52.221 -34.854  1.00 76.60      B000 O
ATOM   8183  ND2 ASN F 218      -9.816  53.410 -36.568  1.00 58.18      B000 N
ATOM   8184  N   GLY F 219     -14.834  54.440 -38.007  1.00 51.95      B000 N
ATOM   8185  CA  GLY F 219     -15.897  54.245 -38.957  1.00 50.90      B000 C
ATOM   8186  C   GLY F 219     -17.074  53.561 -38.292  1.00 41.92      B000 C
ATOM   8187  O   GLY F 219     -18.131  54.156 -38.073  1.00 49.46      B000 O
ATOM   8188  N   PRO F 220     -16.902  52.297 -37.938  1.00 48.10      B000 N
ATOM   8189  CA  PRO F 220     -17.984  51.582 -37.251  1.00 50.76      B000 C
ATOM   8190  C   PRO F 220     -18.125  52.032 -35.803  1.00 45.49      B000 C
ATOM   8191  O   PRO F 220     -17.137  52.233 -35.095  1.00 50.03      B000 O
ATOM   8192  CB  PRO F 220     -17.550  50.113 -37.340  1.00 44.33      B000 C
ATOM   8193  CG  PRO F 220     -16.058  50.172 -37.501  1.00 53.78      B000 C
ATOM   8194  CD  PRO F 220     -15.762  51.421 -38.268  1.00 48.76      B000 C
ATOM   8195  N   TRP F 221     -19.371  52.181 -35.365  1.00 42.06      B000 N
ATOM   8196  CA  TRP F 221     -19.631  52.403 -33.953  1.00 44.69      B000 C
ATOM   8197  C   TRP F 221     -19.168  51.194 -33.147  1.00 38.24      B000 C
ATOM   8198  O   TRP F 221     -19.473  50.053 -33.498  1.00 49.53      B000 O
ATOM   8199  CB  TRP F 221     -21.123  52.668 -33.733  1.00 41.17      B000 C
ATOM   8200  CG  TRP F 221     -21.529  54.055 -34.121  1.00 43.26      B000 C
ATOM   8201  CD1 TRP F 221     -22.156  54.450 -35.268  1.00 36.74      B000 C
ATOM   8202  CD2 TRP F 221     -21.300  55.244 -33.355  1.00 34.96      B000 C
ATOM   8203  NE1 TRP F 221     -22.336  55.817 -35.259  1.00 35.73      B000 N
ATOM   8204  CE2 TRP F 221     -21.824  56.322 -34.089  1.00 37.88      B000 C
ATOM   8205  CE3 TRP F 221     -20.709  55.492 -32.116  1.00 35.21      B000 C
ATOM   8206  CZ2 TRP F 221     -21.781  57.639 -33.617  1.00 42.62      B000 C
ATOM   8207  CZ3 TRP F 221     -20.663  56.791 -31.648  1.00 39.03      B000 C
ATOM   8208  CH2 TRP F 221     -21.194  57.848 -32.395  1.00 38.23      B000 C
ATOM   8209  N   LYS F 222     -18.432  51.450 -32.065  1.00 41.84      B000 N
ATOM   8210  CA  LYS F 222     -17.829  50.409 -31.245  1.00 41.88      B000 C
ATOM   8211  C   LYS F 222     -17.885  50.777 -29.770  1.00 45.01      B000 C
ATOM   8212  O   LYS F 222     -17.788  51.953 -29.409  1.00 38.97      B000 O
ATOM   8213  CB  LYS F 222     -16.367  50.176 -31.639  1.00 47.29      B000 C
ATOM   8214  CG  LYS F 222     -16.184  49.600 -33.033  1.00 60.26      B000 C
ATOM   8215  CD  LYS F 222     -14.729  49.672 -33.464  1.00 61.80      B000 C
ATOM   8216  CE  LYS F 222     -14.371  51.081 -33.924  1.00 69.59      B000 C
ATOM   8217  NZ  LYS F 222     -13.030  51.109 -34.562  1.00 80.69      B000 N1+
ATOM   8218  N   TRP F 223     -18.007  49.751 -28.918  1.00 43.07      B000 N
ATOM   8219  CA  TRP F 223     -17.864  49.911 -27.476  1.00 42.29      B000 C
ATOM   8220  C   TRP F 223     -16.411  49.702 -27.074  1.00 45.99      B000 C
ATOM   8221  O   TRP F 223     -15.708  48.879 -27.661  1.00 52.22      B000 O
ATOM   8222  CB  TRP F 223     -18.762  48.940 -26.696  1.00 41.28      B000 C
ATOM   8223  CG  TRP F 223     -20.258  49.200 -26.825  1.00 43.60      B000 C
ATOM   8224  CD1 TRP F 223     -21.155  48.512 -27.605  1.00 41.95      B000 C
ATOM   8225  CD2 TRP F 223     -21.014  50.224 -26.158  1.00 45.65      B000 C
ATOM   8226  NE1 TRP F 223     -22.422  49.047 -27.462  1.00 42.77      B000 N
ATOM   8227  CE2 TRP F 223     -22.366  50.089 -26.575  1.00 41.46      B000 C
ATOM   8228  CE3 TRP F 223     -20.684  51.237 -25.249  1.00 40.03      B000 C
ATOM   8229  CZ2 TRP F 223     -23.376  50.933 -26.118  1.00 42.16      B000 C
```

```
ATOM   8230  CZ3 TRP F 223     -21.695  52.075 -24.792  1.00 38.55      B000 C
ATOM   8231  CH2 TRP F 223     -23.023  51.918 -25.225  1.00 39.46      B000 C
ATOM   8232  N   VAL F 224     -15.966  50.458 -26.065  1.00 39.89      B000 N
ATOM   8233  CA  VAL F 224     -14.557  50.478 -25.696  1.00 41.43      B000 C
ATOM   8234  C   VAL F 224     -14.084  49.166 -25.090  1.00 43.72      B000 C
ATOM   8235  O   VAL F 224     -12.878  48.924 -25.048  1.00 41.80      B000 O
ATOM   8236  CB  VAL F 224     -14.257  51.635 -24.718  1.00 38.57      B000 C
ATOM   8237  CG1 VAL F 224     -14.434  52.978 -25.419  1.00 35.91      B000 C
ATOM   8238  CG2 VAL F 224     -15.154  51.522 -23.509  1.00 37.24      B000 C
ATOM   8239  N   ASP F 225     -14.978  48.330 -24.572  1.00 44.78      B000 N
ATOM   8240  CA  ASP F 225     -14.559  47.074 -23.971  1.00 40.21      B000 C
ATOM   8241  C   ASP F 225     -14.719  45.908 -24.924  1.00 47.22      B000 C
ATOM   8242  O   ASP F 225     -14.534  44.763 -24.513  1.00 49.29      B000 O
ATOM   8243  CB  ASP F 225     -15.321  46.788 -22.679  1.00 41.32      B000 C
ATOM   8244  CG  ASP F 225     -16.790  46.487 -22.914  1.00 46.80      B000 C
ATOM   8245  OD1 ASP F 225     -17.305  46.755 -24.021  1.00 40.18      B000 O
ATOM   8246  OD2 ASP F 225     -17.426  45.946 -21.982  1.00 55.82      B000 O1-
ATOM   8247  N   GLY F 226     -15.078  46.173 -26.181  1.00 46.15      B000 N
ATOM   8248  CA  GLY F 226     -15.202  45.151 -27.189  1.00 44.93      B000 C
ATOM   8249  C   GLY F 226     -16.606  44.610 -27.394  1.00 49.56      B000 C
ATOM   8250  O   GLY F 226     -16.858  43.993 -28.440  1.00 52.14      B000 O
ATOM   8251  N   THR F 227     -17.522  44.843 -26.443  1.00 45.78      B000 N
ATOM   8252  CA  THR F 227     -18.938  44.496 -26.585  1.00 38.28      B000 C
ATOM   8253  C   THR F 227     -19.437  44.781 -27.996  1.00 49.56      B000 C
ATOM   8254  O   THR F 227     -19.216  45.868 -28.544  1.00 51.44      B000 O
ATOM   8255  CB  THR F 227     -19.779  45.282 -25.571  1.00 46.77      B000 C
ATOM   8256  OG1 THR F 227     -19.284  45.062 -24.244  1.00 49.45      B000 O
ATOM   8257  CG2 THR F 227     -21.244  44.872 -25.628  1.00 32.96      B000 C
ATOM   8258  N   ASP F 228     -20.089  43.791 -28.594  1.00 48.42      B000 N
ATOM   8259  CA  ASP F 228     -20.557  43.942 -29.964  1.00 52.56      B000 C
ATOM   8260  C   ASP F 228     -21.653  44.996 -30.034  1.00 47.16      B000 C
ATOM   8261  O   ASP F 228     -22.638  44.926 -29.297  1.00 54.76      B000 O
ATOM   8262  CB  ASP F 228     -21.080  42.609 -30.513  1.00 52.04      B000 C
ATOM   8263  CG  ASP F 228     -21.620  42.741 -31.938  1.00 51.96      B000 C
ATOM   8264  OD1 ASP F 228     -20.800  42.871 -32.867  1.00 55.04      B000 O
ATOM   8265  OD2 ASP F 228     -22.857  42.731 -32.133  1.00 53.62      B000 O1-
ATOM   8266  N   TYR F 229     -21.480  45.975 -30.926  1.00 49.63      B000 N
ATOM   8267  CA  TYR F 229     -22.438  47.072 -31.032  1.00 51.91      B000 C
ATOM   8268  C   TYR F 229     -23.725  46.641 -31.741  1.00 51.02      B000 C
ATOM   8269  O   TYR F 229     -24.823  47.054 -31.343  1.00 48.95      B000 O
ATOM   8270  CB  TYR F 229     -21.800  48.280 -31.749  1.00 41.08      B000 C
ATOM   8271  CG  TYR F 229     -22.801  49.368 -32.155  1.00 42.20      B000 C
ATOM   8272  CD1 TYR F 229     -23.377  50.216 -31.208  1.00 40.58      B000 C
ATOM   8273  CD2 TYR F 229     -23.178  49.530 -33.482  1.00 40.58      B000 C
ATOM   8274  CE1 TYR F 229     -24.293  51.223 -31.586  1.00 37.62      B000 C
ATOM   8275  CE2 TYR F 229     -24.088  50.511 -33.864  1.00 42.49      B000 C
ATOM   8276  CZ  TYR F 229     -24.634  51.359 -32.910  1.00 40.45      B000 C
ATOM   8277  OH  TYR F 229     -25.527  52.323 -33.311  1.00 45.55      B000 O
ATOM   8278  N   GLU F 230     -23.605  45.833 -32.800  1.00 57.91      B000 N
ATOM   8279  CA  GLU F 230     -24.743  45.560 -33.679  1.00 55.10      B000 C
ATOM   8280  C   GLU F 230     -25.831  44.782 -32.956  1.00 53.04      B000 C
ATOM   8281  O   GLU F 230     -27.014  45.118 -33.055  1.00 52.09      B000 O
ATOM   8282  CB  GLU F 230     -24.273  44.782 -34.909  1.00 58.23      B000 C
ATOM   8283  CG  GLU F 230     -25.270  44.727 -36.048  1.00 61.69      B000 C
ATOM   8284  CD  GLU F 230     -25.912  46.067 -36.325  1.00 76.73      B000 C
ATOM   8285  OE1 GLU F 230     -27.160  46.119 -36.285  1.00 75.40      B000 O
ATOM   8286  OE2 GLU F 230     -25.178  47.067 -36.556  1.00 78.82      B000 O1-
ATOM   8287  N   THR F 231     -25.449  43.767 -32.201  1.00 51.54      B000 N
ATOM   8288  CA  THR F 231     -26.410  42.954 -31.478  1.00 55.16      B000 C
ATOM   8289  C   THR F 231     -26.687  43.461 -30.072  1.00 58.68      B000 C
ATOM   8290  O   THR F 231     -27.516  42.866 -29.371  1.00 54.74      B000 O
ATOM   8291  CB  THR F 231     -25.922  41.510 -31.415  1.00 49.05      B000 C
ATOM   8292  OG1 THR F 231     -24.684  41.463 -30.698  1.00 52.11      B000 O
ATOM   8293  CG2 THR F 231     -25.715  40.964 -32.820  1.00 45.52      B000 C
ATOM   8294  N   GLY F 232     -26.030  44.546 -29.646  1.00 55.48      B000 N
ATOM   8295  CA  GLY F 232     -26.155  45.022 -28.285  1.00 46.35      B000 C
ATOM   8296  C   GLY F 232     -27.303  46.007 -28.088  1.00 42.93      B000 C
ATOM   8297  O   GLY F 232     -27.997  46.417 -29.016  1.00 45.48      B000 O
ATOM   8298  N   PHE F 233     -27.484  46.390 -26.830  1.00 40.91      B000 N
ATOM   8299  CA  PHE F 233     -28.463  47.401 -26.462  1.00 38.08      B000 C
ATOM   8300  C   PHE F 233     -28.162  48.738 -27.146  1.00 45.77      B000 C
```

```
ATOM   8301  O   PHE F 233     -26.997  49.125 -27.305  1.00 39.98      B000 O
ATOM   8302  CB  PHE F 233     -28.440  47.548 -24.939  1.00 42.77      B000 C
ATOM   8303  CG  PHE F 233     -29.411  48.544 -24.406  1.00 46.27      B000 C
ATOM   8304  CD1 PHE F 233     -30.749  48.224 -24.274  1.00 47.88      B000 C
ATOM   8305  CD2 PHE F 233     -28.981  49.804 -24.013  1.00 42.70      B000 C
ATOM   8306  CE1 PHE F 233     -31.650  49.153 -23.777  1.00 51.88      B000 C
ATOM   8307  CE2 PHE F 233     -29.871  50.726 -23.515  1.00 41.09      B000 C
ATOM   8308  CZ  PHE F 233     -31.206  50.404 -23.391  1.00 45.56      B000 C
ATOM   8309  N   LYS F 234     -29.225  49.439 -27.562  1.00 40.43      B000 N
ATOM   8310  CA  LYS F 234     -29.131  50.788 -28.118  1.00 41.63      B000 C
ATOM   8311  C   LYS F 234     -30.309  51.634 -27.654  1.00 46.34      B000 C
ATOM   8312  O   LYS F 234     -31.441  51.156 -27.610  1.00 48.63      B000 O
ATOM   8313  CB  LYS F 234     -29.123  50.778 -29.649  1.00 44.55      B000 C
ATOM   8314  CG  LYS F 234     -27.951  50.067 -30.289  1.00 40.30      B000 C
ATOM   8315  CD  LYS F 234     -28.092  50.103 -31.807  1.00 43.14      B000 C
ATOM   8316  CE  LYS F 234     -27.123  49.127 -32.446  1.00 48.35      B000 C
ATOM   8317  NZ  LYS F 234     -27.471  47.729 -32.045  1.00 53.70      B000 N1+
ATOM   8318  N   ASN F 235     -30.060  52.909 -27.362  1.00 47.83      B000 N
ATOM   8319  CA  ASN F 235     -31.120  53.815 -26.906  1.00 38.15      B000 C
ATOM   8320  C   ASN F 235     -30.936  55.217 -27.509  1.00 39.90      B000 C
ATOM   8321  O   ASN F 235     -30.978  56.235 -26.819  1.00 38.13      B000 O
ATOM   8322  CB  ASN F 235     -31.154  53.827 -25.376  1.00 37.57      B000 C
ATOM   8323  CG  ASN F 235     -32.291  54.652 -24.816  1.00 44.55      B000 C
ATOM   8324  OD1 ASN F 235     -33.337  54.797 -25.445  1.00 47.07      B000 O
ATOM   8325  ND2 ASN F 235     -32.088  55.204 -23.620  1.00 46.24      B000 N
ATOM   8326  N   TRP F 236     -30.749  55.278 -28.826  1.00 36.87      B000 N
ATOM   8327  CA  TRP F 236     -30.517  56.540 -29.518  1.00 38.92      B000 C
ATOM   8328  C   TRP F 236     -31.753  57.439 -29.510  1.00 41.60      B000 C
ATOM   8329  O   TRP F 236     -32.890  56.967 -29.580  1.00 44.93      B000 O
ATOM   8330  CB  TRP F 236     -30.123  56.288 -30.973  1.00 32.28      B000 C
ATOM   8331  CG  TRP F 236     -28.813  55.606 -31.170  1.00 44.09      B000 C
ATOM   8332  CD1 TRP F 236     -28.612  54.296 -31.518  1.00 40.32      B000 C
ATOM   8333  CD2 TRP F 236     -27.511  56.192 -31.037  1.00 41.90      B000 C
ATOM   8334  NE1 TRP F 236     -27.266  54.034 -31.608  1.00 35.68      B000 N
ATOM   8335  CE2 TRP F 236     -26.568  55.182 -31.327  1.00 41.49      B000 C
ATOM   8336  CE3 TRP F 236     -27.051  57.474 -30.700  1.00 37.67      B000 C
ATOM   8337  CZ2 TRP F 236     -25.183  55.420 -31.300  1.00 41.56      B000 C
ATOM   8338  CZ3 TRP F 236     -25.686  57.715 -30.683  1.00 37.32      B000 C
ATOM   8339  CH2 TRP F 236     -24.762  56.689 -30.982  1.00 41.77      B000 C
ATOM   8340  N   ARG F 237     -31.508  58.757 -29.481  1.00 35.83      B000 N
ATOM   8341  CA  ARG F 237     -32.537  59.734 -29.801  1.00 44.59      B000 C
ATOM   8342  C   ARG F 237     -33.103  59.444 -31.181  1.00 48.74      B000 C
ATOM   8343  O   ARG F 237     -32.434  58.828 -32.017  1.00 49.21      B000 O
ATOM   8344  CB  ARG F 237     -31.976  61.164 -29.788  1.00 36.97      B000 C
ATOM   8345  CG  ARG F 237     -31.858  61.766 -28.411  1.00 45.68      B000 C
ATOM   8346  CD  ARG F 237     -33.080  62.584 -28.086  1.00 53.50      B000 C
ATOM   8347  NE  ARG F 237     -32.997  63.225 -26.778  1.00 54.24      B000 N
ATOM   8348  CZ  ARG F 237     -32.798  64.523 -26.580  1.00 66.27      B000 C
ATOM   8349  NH1 ARG F 237     -32.738  65.003 -25.335  1.00 53.38      B000 N1+
ATOM   8350  NH2 ARG F 237     -32.650  65.337 -27.621  1.00 69.85      B000 N
ATOM   8351  N   PRO F 238     -34.326  59.897 -31.447  1.00 53.51      B000 N
ATOM   8352  CA  PRO F 238     -34.896  59.751 -32.790  1.00 53.89      B000 C
ATOM   8353  C   PRO F 238     -33.963  60.284 -33.869  1.00 55.90      B000 C
ATOM   8354  O   PRO F 238     -33.458  61.409 -33.783  1.00 47.93      B000 O
ATOM   8355  CB  PRO F 238     -36.184  60.577 -32.707  1.00 53.03      B000 C
ATOM   8356  CG  PRO F 238     -36.568  60.511 -31.263  1.00 50.27      B000 C
ATOM   8357  CD  PRO F 238     -35.285  60.495 -30.496  1.00 54.51      B000 C
ATOM   8358  N   GLU F 239     -33.727  59.454 -34.887  1.00 48.36      B000 N
ATOM   8359  CA  GLU F 239     -32.951  59.792 -36.076  1.00 55.08      B000 C
ATOM   8360  C   GLU F 239     -31.463  59.925 -35.799  1.00 51.71      B000 C
ATOM   8361  O   GLU F 239     -30.717  60.378 -36.673  1.00 53.39      B000 O
ATOM   8362  CB  GLU F 239     -33.471  61.081 -36.715  1.00 54.02      B000 C
ATOM   8363  CG  GLU F 239     -34.894  60.933 -37.217  1.00 64.17      B000 C
ATOM   8364  CD  GLU F 239     -35.603  62.267 -37.357  1.00 82.12      B000 C
ATOM   8365  OE1 GLU F 239     -34.947  63.318 -37.174  1.00 79.31      B000 O
ATOM   8366  OE2 GLU F 239     -36.828  62.260 -37.609  1.00 90.31      B000 O1-
ATOM   8367  N   GLN F 240     -31.010  59.539 -34.613  1.00 45.35      B000 N
ATOM   8368  CA  GLN F 240     -29.594  59.480 -34.313  1.00 45.02      B000 C
ATOM   8369  C   GLN F 240     -29.207  58.001 -34.305  1.00 40.34      B000 C
ATOM   8370  O   GLN F 240     -30.041  57.164 -33.989  1.00 38.58      B000 O
ATOM   8371  CB  GLN F 240     -29.274  60.163 -32.964  1.00 40.27      B000 C
```

```
ATOM   8372  CG  GLN F 240     -29.798  61.588 -32.801  1.00 35.48      B000 C
ATOM   8373  CD  GLN F 240     -29.552  62.460 -34.038  1.00 52.50      B000 C
ATOM   8374  OE1 GLN F 240     -28.448  62.496 -34.599  1.00 44.08      B000 O
ATOM   8375  NE2 GLN F 240     -30.594  63.166 -34.470  1.00 52.73      B000 N
ATOM   8376  N   PRO F 241     -27.933  57.680 -34.609  1.00 41.65      B000 N
ATOM   8377  CA  PRO F 241     -26.875  58.646 -34.945  1.00 36.96      B000 C
ATOM   8378  C   PRO F 241     -27.011  59.145 -36.366  1.00 42.81      B000 C
ATOM   8379  O   PRO F 241     -27.998  58.769 -37.004  1.00 45.53      B000 O
ATOM   8380  CB  PRO F 241     -25.586  57.853 -34.749  1.00 38.94      B000 C
ATOM   8381  CG  PRO F 241     -25.986  56.428 -34.992  1.00 43.27      B000 C
ATOM   8382  CD  PRO F 241     -27.423  56.298 -34.511  1.00 38.99      B000 C
ATOM   8383  N   ASP F 242     -26.097  60.013 -36.818  1.00 39.75      B000 N
ATOM   8384  CA  ASP F 242     -26.139  60.504 -38.190  1.00 36.75      B000 C
ATOM   8385  C   ASP F 242     -26.229  59.323 -39.143  1.00 43.99      B000 C
ATOM   8386  O   ASP F 242     -25.504  58.332 -38.991  1.00 46.47      B000 O
ATOM   8387  CB  ASP F 242     -24.894  61.335 -38.515  1.00 49.95      B000 C
ATOM   8388  CG  ASP F 242     -24.677  62.473 -37.551  1.00 48.49      B000 C
ATOM   8389  OD1 ASP F 242     -25.683  63.064 -37.104  1.00 52.88      B000 O
ATOM   8390  OD2 ASP F 242     -23.497  62.767 -37.248  1.00 50.34      B000 O
ATOM   8391  N   ASP F 243     -27.147  59.405 -40.097  1.00 38.82      B000 N
ATOM   8392  CA  ASP F 243     -27.412  58.269 -40.967  1.00 51.83      B000 C
ATOM   8393  C   ASP F 243     -26.703  58.364 -42.308  1.00 46.33      B000 C
ATOM   8394  O   ASP F 243     -26.951  57.526 -43.172  1.00 49.46      B000 O
ATOM   8395  CB  ASP F 243     -28.919  58.079 -41.193  1.00 42.32      B000 C
ATOM   8396  CG  ASP F 243     -29.605  59.327 -41.786  1.00 64.08      B000 C
ATOM   8397  OD1 ASP F 243     -28.935  60.346 -42.070  1.00 56.96      B000 O
ATOM   8398  OD2 ASP F 243     -30.842  59.286 -41.971  1.00 77.59      B000 O
ATOM   8399  N   TRP F 244     -25.799  59.322 -42.495  1.00 46.94      B000 N
ATOM   8400  CA  TRP F 244     -25.235  59.541 -43.822  1.00 43.08      B000 C
ATOM   8401  C   TRP F 244     -24.046  58.643 -44.134  1.00 41.86      B000 C
ATOM   8402  O   TRP F 244     -23.528  58.721 -45.250  1.00 43.66      B000 O
ATOM   8403  CB  TRP F 244     -24.765  60.989 -43.994  1.00 49.74      B000 C
ATOM   8404  CG  TRP F 244     -25.371  61.991 -43.064  1.00 50.88      B000 C
ATOM   8405  CD1 TRP F 244     -26.695  62.261 -42.902  1.00 52.58      B000 C
ATOM   8406  CD2 TRP F 244     -24.674  62.891 -42.206  1.00 42.95      B000 C
ATOM   8407  NE1 TRP F 244     -26.876  63.254 -41.976  1.00 50.24      B000 N
ATOM   8408  CE2 TRP F 244     -25.650  63.672 -41.536  1.00 51.72      B000 C
ATOM   8409  CE3 TRP F 244     -23.333  63.117 -41.940  1.00 40.66      B000 C
ATOM   8410  CZ2 TRP F 244     -25.322  64.660 -40.608  1.00 34.70      B000 C
ATOM   8411  CZ3 TRP F 244     -23.008  64.096 -41.014  1.00 51.45      B000 C
ATOM   8412  CH2 TRP F 244     -24.002  64.849 -40.357  1.00 45.14      B000 C
ATOM   8413  N   TYR F 245     -23.649  57.749 -43.225  1.00 38.07      B000 N
ATOM   8414  CA  TYR F 245     -22.447  56.950 -43.423  1.00 34.89      B000 C
ATOM   8415  C   TYR F 245     -22.709  55.483 -43.712  1.00 44.67      B000 C
ATOM   8416  O   TYR F 245     -21.778  54.779 -44.103  1.00 52.17      B000 O
ATOM   8417  CB  TYR F 245     -21.529  57.030 -42.191  1.00 38.23      B000 C
ATOM   8418  CG  TYR F 245     -21.240  58.429 -41.761  1.00 43.82      B000 C
ATOM   8419  CD1 TYR F 245     -20.344  59.219 -42.479  1.00 42.91      B000 C
ATOM   8420  CD2 TYR F 245     -21.868  58.976 -40.638  1.00 38.95      B000 C
ATOM   8421  CE1 TYR F 245     -20.090  60.513 -42.101  1.00 39.31      B000 C
ATOM   8422  CE2 TYR F 245     -21.616  60.266 -40.249  1.00 40.49      B000 C
ATOM   8423  CZ  TYR F 245     -20.719  61.032 -40.978  1.00 43.99      B000 C
ATOM   8424  OH  TYR F 245     -20.449  62.323 -40.589  1.00 46.79      B000 O
ATOM   8425  N   GLY F 246     -23.918  54.993 -43.508  1.00 42.86      B000 N
ATOM   8426  CA  GLY F 246     -24.172  53.575 -43.641  1.00 47.08      B000 C
ATOM   8427  C   GLY F 246     -24.546  52.918 -42.321  1.00 48.63      B000 C
ATOM   8428  O   GLY F 246     -24.464  53.502 -41.238  1.00 46.31      B000 O
ATOM   8429  N   HIS F 247     -25.011  51.682 -42.461  1.00 45.64      B000 N
ATOM   8430  CA  HIS F 247     -25.504  50.908 -41.338  1.00 45.98      B000 C
ATOM   8431  C   HIS F 247     -24.400  50.682 -40.309  1.00 49.00      B000 C
ATOM   8432  O   HIS F 247     -23.329  50.161 -40.640  1.00 47.43      B000 O
ATOM   8433  CB  HIS F 247     -26.052  49.570 -41.836  1.00 48.96      B000 C
ATOM   8434  CG  HIS F 247     -26.470  48.656 -40.731  1.00 52.43      B000 C
ATOM   8435  ND1 HIS F 247     -27.650  48.819 -40.037  1.00 52.47      B000 N
ATOM   8436  CD2 HIS F 247     -25.835  47.606 -40.157  1.00 55.93      B000 C
ATOM   8437  CE1 HIS F 247     -27.737  47.891 -39.102  1.00 55.95      B000 C
ATOM   8438  NE2 HIS F 247     -26.649  47.142 -39.154  1.00 65.30      B000 N
ATOM   8439  N   GLY F 248     -24.656  51.080 -39.063  1.00 45.09      B000 N
ATOM   8440  CA  GLY F 248     -23.694  50.884 -37.992  1.00 43.43      B000 C
ATOM   8441  C   GLY F 248     -22.442  51.723 -38.086  1.00 44.64      B000 C
ATOM   8442  O   GLY F 248     -21.463  51.431 -37.391  1.00 45.17      B000 O
```

```
ATOM   8443  N   LEU F 249     -22.449  52.777 -38.907  1.00 44.92      B000 N
ATOM   8444  CA  LEU F 249     -21.244  53.532 -39.232  1.00 47.53      B000 C
ATOM   8445  C   LEU F 249     -21.355  55.001 -38.833  1.00 45.44      B000 C
ATOM   8446  O   LEU F 249     -22.456  55.561 -38.758  1.00 38.63      B000 O
ATOM   8447  CB  LEU F 249     -20.942  53.464 -40.737  1.00 45.64      B000 C
ATOM   8448  CG  LEU F 249     -20.640  52.090 -41.349  1.00 49.29      B000 C
ATOM   8449  CD1 LEU F 249     -20.212  52.237 -42.809  1.00 41.47      B000 C
ATOM   8450  CD2 LEU F 249     -19.590  51.359 -40.538  1.00 35.93      B000 C
ATOM   8451  N   GLY F 250     -20.186  55.619 -38.598  1.00 43.79      B000 N
ATOM   8452  CA  GLY F 250     -20.033  57.062 -38.423  1.00 40.09      B000 C
ATOM   8453  C   GLY F 250     -18.890  57.625 -39.262  1.00 46.39      B000 C
ATOM   8454  O   GLY F 250     -18.312  56.892 -40.068  1.00 46.10      B000 O
ATOM   8455  N   ALA F 251     -18.553  58.910 -39.081  1.00 38.76      B000 N
ATOM   8456  CA  ALA F 251     -17.474  59.596 -39.795  1.00 44.18      B000 C
ATOM   8457  C   ALA F 251     -16.114  59.542 -39.122  1.00 41.29      B000 C
ATOM   8458  O   ALA F 251     -15.172  60.113 -39.673  1.00 48.88      B000 O
ATOM   8459  CB  ALA F 251     -17.762  61.085 -39.974  1.00 67.76      B000 C
ATOM   8460  N   GLY F 252     -15.989  58.946 -37.942  1.00 43.97      B000 N
ATOM   8461  CA  GLY F 252     -14.714  58.903 -37.255  1.00 44.53      B000 C
ATOM   8462  C   GLY F 252     -14.440  60.030 -36.276  1.00 47.60      B000 C
ATOM   8463  O   GLY F 252     -13.427  59.971 -35.575  1.00 55.35      B000 O
ATOM   8464  N   GLU F 253     -15.306  61.045 -36.183  1.00 45.85      B000 N
ATOM   8465  CA  GLU F 253     -15.090  62.165 -35.268  1.00 42.89      B000 C
ATOM   8466  C   GLU F 253     -16.069  62.200 -34.096  1.00 42.96      B000 C
ATOM   8467  O   GLU F 253     -15.975  63.117 -33.272  1.00 41.71      B000 O
ATOM   8468  CB  GLU F 253     -15.188  63.512 -36.017  1.00 43.68      B000 C
ATOM   8469  CG  GLU F 253     -14.363  63.614 -37.321  1.00 57.15      B000 C
ATOM   8470  CD  GLU F 253     -12.875  63.967 -37.117  1.00 70.88      B000 C
ATOM   8471  OE1 GLU F 253     -12.568  65.139 -36.771  1.00 71.64      B000 O
ATOM   8472  OE2 GLU F 253     -12.008  63.079 -37.331  1.00 63.29      B000 O
ATOM   8473  N   ASP F 254     -17.000  61.242 -33.982  1.00 36.37      B000 N
ATOM   8474  CA  ASP F 254     -18.107  61.378 -33.045  1.00 37.71      B000 C
ATOM   8475  C   ASP F 254     -17.988  60.412 -31.877  1.00 36.53      B000 C
ATOM   8476  O   ASP F 254     -17.374  59.349 -31.973  1.00 36.91      B000 O
ATOM   8477  CB  ASP F 254     -19.473  61.157 -33.717  1.00 35.74      B000 C
ATOM   8478  CG  ASP F 254     -20.006  62.400 -34.396  1.00 38.14      B000 C
ATOM   8479  OD2 ASP F 254     -21.148  62.350 -34.936  1.00 36.55      B000 O
ATOM   8480  OD1 ASP F 254     -19.280  63.427 -34.386  1.00 41.05      B000 O1-
ATOM   8481  N   CYS F 255     -18.603  60.799 -30.769  1.00 38.85      B000 N
ATOM   8482  CA  CYS F 255     -18.733  59.942 -29.606  1.00 28.30      B000 C
ATOM   8483  C   CYS F 255     -20.176  60.039 -29.135  1.00 32.80      B000 C
ATOM   8484  O   CYS F 255     -20.878  61.013 -29.418  1.00 34.41      B000 O
ATOM   8485  CB  CYS F 255     -17.749  60.342 -28.515  1.00 32.19      B000 C
ATOM   8486  SG  CYS F 255     -15.954  60.090 -28.944  1.00 42.14      B000 S
ATOM   8487  N   ALA F 256     -20.630  59.006 -28.447  1.00 31.53      B000 N
ATOM   8488  CA  ALA F 256     -22.004  58.933 -27.991  1.00 30.16      B000 C
ATOM   8489  C   ALA F 256     -22.096  59.438 -26.562  1.00 34.02      B000 C
ATOM   8490  O   ALA F 256     -21.281  59.074 -25.706  1.00 31.73      B000 O
ATOM   8491  CB  ALA F 256     -22.530  57.498 -28.071  1.00 28.94      B000 C
ATOM   8492  N   HIS F 257     -23.103  60.261 -26.301  1.00 28.80      B000 N
ATOM   8493  CA  HIS F 257     -23.347  60.726 -24.947  1.00 33.62      B000 C
ATOM   8494  C   HIS F 257     -24.822  60.589 -24.608  1.00 29.12      B000 C
ATOM   8495  O   HIS F 257     -25.696  60.659 -25.483  1.00 29.71      B000 O
ATOM   8496  CB  HIS F 257     -22.895  62.209 -24.730  1.00 31.05      B000 C
ATOM   8497  CG  HIS F 257     -23.622  63.196 -25.584  1.00 27.54      B000 C
ATOM   8498  ND1 HIS F 257     -24.699  63.926 -25.124  1.00 35.11      B000 N
ATOM   8499  CD2 HIS F 257     -23.433  63.578 -26.873  1.00 31.63      B000 C
ATOM   8500  CE1 HIS F 257     -25.140  64.719 -26.088  1.00 30.09      B000 C
ATOM   8501  NE2 HIS F 257     -24.389  64.529 -27.160  1.00 34.93      B000 N
ATOM   8502  N   PHE F 258     -25.083  60.369 -23.324  1.00 31.39      B000 N
ATOM   8503  CA  PHE F 258     -26.433  60.529 -22.810  1.00 37.72      B000 C
ATOM   8504  C   PHE F 258     -26.830  61.993 -22.915  1.00 35.33      B000 C
ATOM   8505  O   PHE F 258     -26.020  62.879 -22.636  1.00 37.08      B000 O
ATOM   8506  CB  PHE F 258     -26.519  60.088 -21.354  1.00 31.41      B000 C
ATOM   8507  CG  PHE F 258     -26.032  58.691 -21.094  1.00 30.94      B000 C
ATOM   8508  CD1 PHE F 258     -26.884  57.598 -21.263  1.00 34.60      B000 C
ATOM   8509  CD2 PHE F 258     -24.750  58.465 -20.612  1.00 31.04      B000 C
ATOM   8510  CE1 PHE F 258     -26.449  56.297 -20.988  1.00 35.62      B000 C
ATOM   8511  CE2 PHE F 258     -24.295  57.160 -20.350  1.00 37.38      B000 C
ATOM   8512  CZ  PHE F 258     -25.156  56.076 -20.534  1.00 34.44      B000 C
ATOM   8513  N   THR F 259     -28.072  62.242 -23.340  1.00 39.97      B000 N
```

```
ATOM   8514  CA  THR F 259     -28.683  63.565 -23.297  1.00 37.91      B000 C
ATOM   8515  C   THR F 259     -29.508  63.699 -22.023  1.00 38.85      B000 C
ATOM   8516  O   THR F 259     -29.572  62.785 -21.197  1.00 42.20      B000 O
ATOM   8517  CB  THR F 259     -29.566  63.817 -24.514  1.00 38.22      B000 C
ATOM   8518  OG1 THR F 259     -30.726  62.979 -24.427  1.00 40.99      B000 O
ATOM   8519  CG2 THR F 259     -28.812  63.526 -25.789  1.00 35.73      B000 C
ATOM   8520  N   ASP F 260     -30.176  64.845 -21.874  1.00 41.22      B000 N
ATOM   8521  CA  ASP F 260     -30.859  65.107 -20.611  1.00 45.54      B000 C
ATOM   8522  C   ASP F 260     -32.098  64.241 -20.394  1.00 44.40      B000 C
ATOM   8523  O   ASP F 260     -32.576  64.175 -19.260  1.00 47.44      B000 O
ATOM   8524  CB  ASP F 260     -31.211  66.595 -20.486  1.00 42.85      B000 C
ATOM   8525  CG  ASP F 260     -32.026  67.112 -21.654  1.00 50.76      B000 C
ATOM   8526  OD1 ASP F 260     -32.520  66.298 -22.465  1.00 48.72      B000 O
ATOM   8527  OD2 ASP F 260     -32.156  68.351 -21.769  1.00 54.59      B000 O1-
ATOM   8528  N   ASP F 261     -32.598  63.531 -21.406  1.00 42.99      B000 N
ATOM   8529  CA  ASP F 261     -33.649  62.544 -21.167  1.00 41.51      B000 C
ATOM   8530  C   ASP F 261     -33.118  61.115 -21.152  1.00 43.32      B000 C
ATOM   8531  O   ASP F 261     -33.911  60.169 -21.146  1.00 48.34      B000 O
ATOM   8532  CB  ASP F 261     -34.795  62.676 -22.192  1.00 37.72      B000 C
ATOM   8533  CG  ASP F 261     -34.432  62.185 -23.606  1.00 50.07      B000 C
ATOM   8534  OD1 ASP F 261     -33.408  61.504 -23.808  1.00 49.28      B000 O
ATOM   8535  OD2 ASP F 261     -35.212  62.470 -24.543  1.00 57.06      B000 O1-
ATOM   8536  N   GLY F 262     -31.801  60.929 -21.192  1.00 37.84      B000 N
ATOM   8537  CA  GLY F 262     -31.223  59.600 -21.120  1.00 39.30      B000 C
ATOM   8538  C   GLY F 262     -30.982  58.938 -22.466  1.00 41.80      B000 C
ATOM   8539  O   GLY F 262     -30.102  58.076 -22.575  1.00 39.59      B000 O
ATOM   8540  N   ARG F 263     -31.736  59.319 -23.494  1.00 35.33      B000 N
ATOM   8541  CA  ARG F 263     -31.468  58.795 -24.822  1.00 38.94      B000 C
ATOM   8542  C   ARG F 263     -30.159  59.370 -25.357  1.00 41.24      B000 C
ATOM   8543  O   ARG F 263     -29.688  60.429 -24.926  1.00 40.40      B000 O
ATOM   8544  CB  ARG F 263     -32.646  59.085 -25.760  1.00 39.18      B000 C
ATOM   8545  CG  ARG F 263     -33.888  58.222 -25.393  1.00 46.56      B000 C
ATOM   8546  CD  ARG F 263     -35.120  58.506 -26.239  1.00 38.08      B000 C
ATOM   8547  NE  ARG F 263     -35.507  59.908 -26.134  1.00 51.22      B000 N
ATOM   8548  CZ  ARG F 263     -36.495  60.464 -26.827  1.00 58.02      B000 C
ATOM   8549  NH1 ARG F 263     -37.218  59.731 -27.673  1.00 52.64      B000 N1+
ATOM   8550  NH2 ARG F 263     -36.754  61.756 -26.676  1.00 51.34      B000 N
ATOM   8551  N   TRP F 264     -29.579  58.655 -26.311  1.00 35.20      B000 N
ATOM   8552  CA  TRP F 264     -28.211  58.875 -26.746  1.00 33.30      B000 C
ATOM   8553  C   TRP F 264     -28.146  59.805 -27.951  1.00 36.94      B000 C
ATOM   8554  O   TRP F 264     -29.059  59.860 -28.785  1.00 39.27      B000 O
ATOM   8555  CB  TRP F 264     -27.546  57.555 -27.110  1.00 32.18      B000 C
ATOM   8556  CG  TRP F 264     -27.593  56.508 -26.057  1.00 35.42      B000 C
ATOM   8557  CD1 TRP F 264     -28.003  56.652 -24.766  1.00 40.13      B000 C
ATOM   8558  CD2 TRP F 264     -27.196  55.143 -26.203  1.00 36.70      B000 C
ATOM   8559  NE1 TRP F 264     -27.880  55.459 -24.095  1.00 37.06      B000 N
ATOM   8560  CE2 TRP F 264     -27.388  54.516 -24.960  1.00 38.24      B000 C
ATOM   8561  CE3 TRP F 264     -26.688  54.387 -27.270  1.00 40.49      B000 C
ATOM   8562  CZ2 TRP F 264     -27.101  53.169 -24.756  1.00 35.99      B000 C
ATOM   8563  CZ3 TRP F 264     -26.407  53.045 -27.061  1.00 32.82      B000 C
ATOM   8564  CH2 TRP F 264     -26.613  52.457 -25.819  1.00 37.82      B000 C
ATOM   8565  N   ASN F 265     -27.044  60.540 -28.034  1.00 31.28      B000 N
ATOM   8566  CA  ASN F 265     -26.763  61.379 -29.187  1.00 33.60      B000 C
ATOM   8567  C   ASN F 265     -25.275  61.280 -29.513  1.00 33.44      B000 C
ATOM   8568  O   ASN F 265     -24.446  60.973 -28.645  1.00 29.37      B000 O
ATOM   8569  CB  ASN F 265     -27.200  62.832 -28.912  1.00 31.57      B000 C
ATOM   8570  CG  ASN F 265     -26.915  63.768 -30.076  1.00 39.82      B000 C
ATOM   8571  OD1 ASN F 265     -27.466  63.615 -31.166  1.00 41.22      B000 O
ATOM   8572  ND2 ASN F 265     -26.003  64.724 -29.856  1.00 36.27      B000 N
ATOM   8573  N   ASP F 266     -24.950  61.494 -30.786  1.00 31.29      B000 N
ATOM   8574  CA  ASP F 266     -23.572  61.488 -31.255  1.00 31.23      B000 C
ATOM   8575  C   ASP F 266     -23.107  62.919 -31.488  1.00 32.82      B000 C
ATOM   8576  O   ASP F 266     -23.788  63.693 -32.166  1.00 30.42      B000 O
ATOM   8577  CB  ASP F 266     -23.408  60.650 -32.536  1.00 36.08      B000 C
ATOM   8578  CG  ASP F 266     -24.411  61.018 -33.661  1.00 40.88      B000 C
ATOM   8579  OD1 ASP F 266     -25.586  61.367 -33.390  1.00 36.41      B000 O
ATOM   8580  OD2 ASP F 266     -24.013  60.933 -34.844  1.00 40.99      B000 O1-
ATOM   8581  N   ASP F 267     -21.943  63.261 -30.935  1.00 35.94      B000 N
ATOM   8582  CA  ASP F 267     -21.403  64.616 -31.027  1.00 36.54      B000 C
ATOM   8583  C   ASP F 267     -19.880  64.547 -31.126  1.00 34.86      B000 C
ATOM   8584  O   ASP F 267     -19.271  63.507 -30.850  1.00 34.33      B000 O
```

```
ATOM   8585  CB  ASP F 267     -21.835  65.470 -29.834  1.00 30.38      B000 C
ATOM   8586  CG  ASP F 267     -21.905  66.947 -30.180  1.00 43.85      B000 C
ATOM   8587  OD1 ASP F 267     -21.377  67.294 -31.265  1.00 39.52      B000 O
ATOM   8588  OD2 ASP F 267     -22.463  67.744 -29.369  1.00 37.84      B000 O1-
ATOM   8589  N   VAL F 268     -19.263  65.675 -31.519  1.00 30.07      B000 N
ATOM   8590  CA  VAL F 268     -17.811  65.692 -31.674  1.00 34.19      B000 C
ATOM   8591  C   VAL F 268     -17.155  65.408 -30.331  1.00 32.91      B000 C
ATOM   8592  O   VAL F 268     -17.605  65.876 -29.277  1.00 34.33      B000 O
ATOM   8593  CB  VAL F 268     -17.313  67.013 -32.292  1.00 36.17      B000 C
ATOM   8594  CG1 VAL F 268     -17.784  67.114 -33.734  1.00 30.93      B000 C
ATOM   8595  CG2 VAL F 268     -17.786  68.204 -31.515  1.00 29.63      B000 C
ATOM   8596  N   CYS F 269     -16.096  64.605 -30.366  1.00 30.58      B000 N
ATOM   8597  CA  CYS F 269     -15.512  64.059 -29.147  1.00 32.39      B000 C
ATOM   8598  C   CYS F 269     -14.819  65.101 -28.276  1.00 35.95      B000 C
ATOM   8599  O   CYS F 269     -14.508  64.795 -27.110  1.00 34.91      B000 O
ATOM   8600  CB  CYS F 269     -14.527  62.940 -29.502  1.00 40.17      B000 C
ATOM   8601  SG  CYS F 269     -15.360  61.521 -30.340  1.00 50.58      B000 S
ATOM   8602  N   GLN F 270     -14.605  66.326 -28.768  1.00 30.41      B000 N
ATOM   8603  CA  GLN F 270     -13.991  67.316 -27.886  1.00 37.36      B000 C
ATOM   8604  C   GLN F 270     -14.990  68.026 -26.982  1.00 33.95      B000 C
ATOM   8605  O   GLN F 270     -14.541  68.820 -26.158  1.00 37.08      B000 O
ATOM   8606  CB  GLN F 270     -13.179  68.371 -28.659  1.00 34.85      B000 C
ATOM   8607  CG  GLN F 270     -13.560  68.598 -30.097  1.00 52.16      B000 C
ATOM   8608  CD  GLN F 270     -13.134  67.433 -30.977  1.00 59.41      B000 C
ATOM   8609  OE1 GLN F 270     -13.911  66.970 -31.818  1.00 54.59      B000 O
ATOM   8610  NE2 GLN F 270     -11.912  66.916 -30.748  1.00 48.02      B000 N
ATOM   8611  N   ARG F 271     -16.302  67.744 -27.083  1.00 27.57      B000 N
ATOM   8612  CA  ARG F 271     -17.274  68.311 -26.158  1.00 29.87      B000 C
ATOM   8613  C   ARG F 271     -16.853  68.013 -24.720  1.00 34.79      B000 C
ATOM   8614  O   ARG F 271     -16.512  66.861 -24.400  1.00 30.23      B000 O
ATOM   8615  CB  ARG F 271     -18.688  67.750 -26.374  1.00 30.54      B000 C
ATOM   8616  CG  ARG F 271     -19.384  68.131 -27.667  1.00 31.79      B000 C
ATOM   8617  CD  ARG F 271     -19.505  69.613 -27.794  1.00 33.75      B000 C
ATOM   8618  NE  ARG F 271     -20.347  70.002 -28.916  1.00 33.09      B000 N
ATOM   8619  CZ  ARG F 271     -20.385  71.243 -29.388  1.00 38.41      B000 C
ATOM   8620  NH1 ARG F 271     -19.614  72.177 -28.817  1.00 34.05      B000 N1+
ATOM   8621  NH2 ARG F 271     -21.173  71.556 -30.417  1.00 29.00      B000 N
ATOM   8622  N   PRO F 272     -16.862  68.955 -23.879  1.00 32.65      B000 N
ATOM   8623  CA  PRO F 272     -16.460  68.718 -22.481  1.00 27.76      B000 C
ATOM   8624  C   PRO F 272     -17.615  68.190 -21.630  1.00 31.78      B000 C
ATOM   8625  O   PRO F 272     -18.061  68.832 -20.676  1.00 29.70      B000 O
ATOM   8626  CB  PRO F 272     -15.983  70.111 -22.042  1.00 28.08      B000 C
ATOM   8627  CG  PRO F 272     -16.860  71.083 -22.841  1.00 28.41      B000 C
ATOM   8628  CD  PRO F 272     -17.059  70.391 -24.190  1.00 31.14      B000 C
ATOM   8629  N   TYR F 273     -18.129  67.005 -21.987  1.00 32.02      B000 N
ATOM   8630  CA  TYR F 273     -19.251  66.438 -21.248  1.00 31.15      B000 C
ATOM   8631  C   TYR F 273     -18.759  65.726 -19.999  1.00 28.60      B000 C
ATOM   8632  O   TYR F 273     -17.577  65.427 -19.850  1.00 27.10      B000 O
ATOM   8633  CB  TYR F 273     -20.061  65.473 -22.113  1.00 28.19      B000 C
ATOM   8634  CG  TYR F 273     -20.762  66.174 -23.244  1.00 30.22      B000 C
ATOM   8635  CD1 TYR F 273     -21.111  67.519 -23.133  1.00 29.80      B000 C
ATOM   8636  CD2 TYR F 273     -21.057  65.512 -24.440  1.00 28.43      B000 C
ATOM   8637  CE1 TYR F 273     -21.765  68.193 -24.178  1.00 29.36      B000 C
ATOM   8638  CE2 TYR F 273     -21.695  66.178 -25.493  1.00 26.89      B000 C
ATOM   8639  CZ  TYR F 273     -22.039  67.519 -25.355  1.00 30.78      B000 C
ATOM   8640  OH  TYR F 273     -22.668  68.191 -26.375  1.00 33.01      B000 O
ATOM   8641  N   ARG F 274     -19.688  65.469 -19.083  1.00 31.67      B000 N
ATOM   8642  CA  ARG F 274     -19.383  64.573 -17.977  1.00 32.33      B000 C
ATOM   8643  C   ARG F 274     -19.177  63.156 -18.523  1.00 29.48      B000 C
ATOM   8644  O   ARG F 274     -19.403  62.875 -19.703  1.00 29.20      B000 O
ATOM   8645  CB  ARG F 274     -20.501  64.618 -16.931  1.00 33.56      B000 C
ATOM   8646  CG  ARG F 274     -20.639  65.990 -16.246  1.00 34.67      B000 C
ATOM   8647  CD  ARG F 274     -21.615  65.998 -15.050  1.00 38.53      B000 C
ATOM   8648  NE  ARG F 274     -21.480  67.235 -14.265  1.00 37.38      B000 N
ATOM   8649  CZ  ARG F 274     -22.106  67.482 -13.117  1.00 34.94      B000 C
ATOM   8650  NH1 ARG F 274     -22.944  66.591 -12.600  1.00 33.17      B000 N1+
ATOM   8651  NH2 ARG F 274     -21.886  68.623 -12.476  1.00 31.06      B000 N
ATOM   8652  N   TRP F 275     -18.741  62.250 -17.662  1.00 29.84      B000 N
ATOM   8653  CA  TRP F 275     -18.518  60.878 -18.100  1.00 34.86      B000 C
ATOM   8654  C   TRP F 275     -18.726  59.935 -16.926  1.00 36.82      B000 C
ATOM   8655  O   TRP F 275     -18.766  60.351 -15.763  1.00 32.31      B000 O
```

```
ATOM   8656  CB  TRP F 275     -17.112  60.684 -18.679  1.00 28.66      B000 C
ATOM   8657  CG  TRP F 275     -16.078  60.676 -17.628  1.00 32.25      B000 C
ATOM   8658  CD1 TRP F 275     -15.531  59.586 -17.019  1.00 34.72      B000 C
ATOM   8659  CD2 TRP F 275     -15.448  61.826 -17.041  1.00 33.73      B000 C
ATOM   8660  NE1 TRP F 275     -14.587  59.989 -16.085  1.00 33.65      B000 N
ATOM   8661  CE2 TRP F 275     -14.521  61.358 -16.087  1.00 32.03      B000 C
ATOM   8662  CE3 TRP F 275     -15.575  63.203 -17.238  1.00 32.63      B000 C
ATOM   8663  CZ2 TRP F 275     -13.732  62.217 -15.334  1.00 34.54      B000 C
ATOM   8664  CZ3 TRP F 275     -14.798  64.057 -16.476  1.00 32.70      B000 C
ATOM   8665  CH2 TRP F 275     -13.890  63.563 -15.542  1.00 33.77      B000 C
ATOM   8666  N   VAL F 276     -18.840  58.646 -17.247  1.00 33.42      B000 N
ATOM   8667  CA  VAL F 276     -19.034  57.591 -16.256  1.00 37.19      B000 C
ATOM   8668  C   VAL F 276     -17.985  56.504 -16.480  1.00 41.17      B000 C
ATOM   8669  O   VAL F 276     -17.762  56.073 -17.620  1.00 38.26      B000 O
ATOM   8670  CB  VAL F 276     -20.454  56.999 -16.338  1.00 37.30      B000 C
ATOM   8671  CG1 VAL F 276     -20.677  55.983 -15.212  1.00 34.94      B000 C
ATOM   8672  CG2 VAL F 276     -21.488  58.117 -16.312  1.00 29.37      B000 C
ATOM   8673  N   CYS F 277     -17.328  56.085 -15.402  1.00 36.51      B000 N
ATOM   8674  CA  CYS F 277     -16.406  54.958 -15.437  1.00 39.62      B000 C
ATOM   8675  C   CYS F 277     -17.094  53.700 -14.909  1.00 45.76      B000 C
ATOM   8676  O   CYS F 277     -17.945  53.759 -14.015  1.00 44.66      B000 O
ATOM   8677  CB  CYS F 277     -15.146  55.230 -14.605  1.00 40.57      B000 C
ATOM   8678  SG  CYS F 277     -14.058  56.553 -15.196  1.00 50.52      B000 S
ATOM   8679  N   GLU F 278     -16.695  52.557 -15.462  1.00 39.15      B000 N
ATOM   8680  CA  GLU F 278     -17.250  51.260 -15.112  1.00 44.84      B000 C
ATOM   8681  C   GLU F 278     -16.120  50.256 -14.936  1.00 47.20      B000 C
ATOM   8682  O   GLU F 278     -15.173  50.230 -15.729  1.00 47.48      B000 O
ATOM   8683  CB  GLU F 278     -18.203  50.751 -16.194  1.00 38.93      B000 C
ATOM   8684  CG  GLU F 278     -18.836  49.416 -15.857  1.00 46.64      B000 C
ATOM   8685  CD  GLU F 278     -19.732  48.897 -16.963  1.00 49.83      B000 C
ATOM   8686  OE1 GLU F 278     -19.861  49.572 -18.007  1.00 51.92      B000 O
ATOM   8687  OE2 GLU F 278     -20.316  47.813 -16.790  1.00 61.81      B000 O1-
ATOM   8688  N   THR F 279     -16.212  49.447 -13.886  1.00 44.44      B000 N
ATOM   8689  CA  THR F 279     -15.287  48.339 -13.689  1.00 49.01      B000 C
ATOM   8690  C   THR F 279     -16.035  47.205 -13.000  1.00 55.21      B000 C
ATOM   8691  O   THR F 279     -17.179  47.359 -12.564  1.00 50.33      B000 O
ATOM   8692  CB  THR F 279     -14.035  48.775 -12.899  1.00 50.55      B000 C
ATOM   8693  OG1 THR F 279     -13.019  47.768 -13.000  1.00 60.70      B000 O
ATOM   8694  CG2 THR F 279     -14.349  49.063 -11.433  1.00 40.44      B000 C
ATOM   8695  N   GLU F 280     -15.392  46.046 -12.929  1.00 62.33      B000 N
ATOM   8696  CA  GLU F 280     -16.042  44.856 -12.389  1.00 60.95      B000 C
ATOM   8697  C   GLU F 280     -15.846  44.774 -10.881  1.00 59.82      B000 C
ATOM   8698  O   GLU F 280     -14.755  45.070 -10.384  1.00 61.25      B000 O
ATOM   8699  CB  GLU F 280     -15.489  43.597 -13.056  1.00 64.94      B000 C
ATOM   8700  CG  GLU F 280     -13.982  43.637 -13.300  1.00 75.16      B000 C
ATOM   8701  CD  GLU F 280     -13.631  44.136 -14.695  1.00 87.07      B000 C
ATOM   8702  OE1 GLU F 280     -14.294  43.684 -15.660  1.00 92.63      B000 O
ATOM   8703  OE2 GLU F 280     -12.707  44.977 -14.825  1.00 87.02      B000 O1-
ATOM   8704  N   GLU F 281     -16.934  44.447 -10.167  1.00 59.93      B000 N
ATOM   8705  CA  GLU F 281     -16.960  43.756  -8.848  1.00 67.16      B000 C
ATOM   8706  C   GLU F 281     -18.241  44.090  -8.095  1.00 67.27      B000 C
ATOM   8707  O   GLU F 281     -18.257  44.100  -6.862  1.00 68.70      B000 O
ATOM   8708  CB  GLU F 281     -15.757  44.085  -7.951  1.00 63.68      B000 C
ATOM   8709  CG  GLU F 281     -15.131  42.885  -7.230  1.00 68.36      B000 C
ATOM   8710  CD  GLU F 281     -14.442  41.881  -8.172  1.00 83.09      B000 C
ATOM   8711  OE1 GLU F 281     -15.127  41.287  -9.037  1.00 77.83      B000 O
ATOM   8712  OE2 GLU F 281     -13.210  41.679  -8.043  1.00 76.05      B000 O
TER
HETATM 9170  C1  GAL G 401      19.131  84.986 -13.073  1.00 67.87           C
HETATM 9171  O1  GAL G 401      19.230  83.939 -14.075  1.00 65.01           O
HETATM 9172  C2  GAL G 401      19.826  84.527 -11.743  1.00 63.05           C
HETATM 9173  O2  GAL G 401      19.202  83.373 -11.240  1.00 42.62           O
HETATM 9174  C3  GAL G 401      19.822  85.673 -10.639  1.00 71.79           C
HETATM 9175  O3  GAL G 401      20.324  85.299  -9.317  1.00 63.98           O
HETATM 9176  C4  GAL G 401      20.547  86.954 -11.192  1.00 74.66           C
HETATM 9177  O4  GAL G 401      21.936  86.736 -11.495  1.00 79.63           O
HETATM 9178  C5  GAL G 401      19.774  87.370 -12.469  1.00 75.84           C
HETATM 9179  O5  GAL G 401      19.667  86.275 -13.538  1.00 68.13           O
HETATM 9180  C6  GAL G 401      20.270  88.659 -13.125  1.00 68.64           C
HETATM 9181  O6  GAL G 401      19.157  89.413 -13.631  1.00 52.02           O
TER
```

```
HETATM 9182  C1  GAL G 402     -25.502  71.256 -32.056  1.00 74.77           C
HETATM 9183  O1  GAL G 402     -24.812  72.366 -32.713  1.00 60.32           O
HETATM 9184  C2  GAL G 402     -26.779  71.727 -31.263  1.00 62.62           C
HETATM 9185  O2  GAL G 402     -26.494  72.728 -30.323  1.00 41.25           O
HETATM 9186  C3  GAL G 402     -27.470  70.522 -30.515  1.00 66.23           C
HETATM 9187  O3  GAL G 402     -28.624  70.910 -29.737  1.00 63.41           O
HETATM 9188  C4  GAL G 402     -27.905  69.432 -31.526  1.00 75.11           C
HETATM 9189  O4  GAL G 402     -29.064  69.854 -32.279  1.00 80.69           O
HETATM 9190  C5  GAL G 402     -26.702  69.051 -32.464  1.00 82.81           C
HETATM 9191  O5  GAL G 402     -25.897  70.216 -33.013  1.00 81.70           O
HETATM 9192  C6  GAL G 402     -27.102  68.166 -33.664  1.00 85.18           C
HETATM 9193  O6  GAL G 402     -26.406  68.545 -34.844  1.00 94.12           O
TER
HETATM 9194 CA    CA H   1      21.469  91.701 -14.212  1.00 79.84          Ca
TER
HETATM 9195 CA    CA H   2     -26.073  64.419 -34.040  1.00 79.26          Ca
TER
HETATM 9196 CA    CA H   3     -18.333  61.223 -36.994  1.00 75.64          Ca
HETATM 9197 CA    CA H   4      18.240  94.784 -21.928  1.00 73.55          Ca
TER
```

【０７４６】

【表４５】

表 10.4

```
ATOM      1  O   GLN A   1     -24.853 -26.439  84.334  1.00 39.67           O
ATOM      2  N   GLN A   1     -23.947 -29.300  85.222  1.00 49.60           N
ATOM      3  CA  GLN A   1     -24.872 -28.345  85.852  1.00 56.88           C
ATOM      4  C   GLN A   1     -25.501 -27.209  85.050  1.00 51.47           C
ATOM      5  CB  GLN A   1     -24.208 -27.745  87.074  1.00 45.63           C
ATOM      6  CG  GLN A   1     -23.967 -28.823  88.054  1.00 44.21           C
ATOM      7  CD  GLN A   1     -25.274 -29.457  88.407  1.00 54.28           C
ATOM      8  OE1 GLN A   1     -26.030 -28.899  89.200  1.00 62.35           O
ATOM      9  NE2 GLN A   1     -25.592 -30.592  87.778  1.00 57.03           N
ATOM     10  N   VAL A   2     -26.812 -27.135  85.264  1.00 51.10           N
ATOM     11  CA  VAL A   2     -27.671 -26.124  84.683  1.00 42.93           C
ATOM     12  C   VAL A   2     -27.754 -24.968  85.669  1.00 44.75           C
ATOM     13  O   VAL A   2     -28.236 -25.134  86.793  1.00 42.04           O
ATOM     14  CB  VAL A   2     -29.061 -26.696  84.378  1.00 39.51           C
ATOM     15  CG1 VAL A   2     -29.809 -25.773  83.468  1.00 44.64           C
ATOM     16  CG2 VAL A   2     -28.948 -28.065  83.754  1.00 39.26           C
ATOM     17  N   GLN A   3     -27.240 -23.812  85.269  1.00 45.15           N
ATOM     18  CA  GLN A   3     -27.403 -22.586  86.031  1.00 44.60           C
ATOM     19  C   GLN A   3     -28.455 -21.725  85.355  1.00 34.85           C
ATOM     20  O   GLN A   3     -28.496 -21.629  84.128  1.00 39.72           O
ATOM     21  CB  GLN A   3     -26.091 -21.792  86.128  1.00 50.01           C
ATOM     22  CG  GLN A   3     -24.978 -22.456  86.931  1.00 56.60           C
ATOM     23  CD  GLN A   3     -23.919 -23.128  86.052  1.00 59.49           C
ATOM     24  OE1 GLN A   3     -24.036 -23.141  84.811  1.00 56.42           O
ATOM     25  NE2 GLN A   3     -22.874 -23.691  86.692  1.00 48.31           N
ATOM     26  N   LEU A   4     -29.296 -21.109  86.161  1.00 34.42           N
ATOM     27  CA  LEU A   4     -30.179 -20.024  85.752  1.00 31.59           C
ATOM     28  C   LEU A   4     -29.640 -18.812  86.491  1.00 37.33           C
ATOM     29  O   LEU A   4     -29.854 -18.673  87.696  1.00 44.24           O
ATOM     30  CB  LEU A   4     -31.634 -20.283  86.124  1.00 31.99           C
ATOM     31  CG  LEU A   4     -32.309 -21.572  85.670  1.00 34.73           C
ATOM     32  CD1 LEU A   4     -33.852 -21.433  85.729  1.00 32.19           C
ATOM     33  CD2 LEU A   4     -31.838 -21.916  84.287  1.00 30.49           C
ATOM     34  N   GLN A   5     -28.883 -17.976  85.797  1.00 40.51           N
ATOM     35  CA  GLN A   5     -28.269 -16.810  86.412  1.00 38.81           C
ATOM     36  C   GLN A   5     -29.203 -15.614  86.259  1.00 37.64           C
ATOM     37  O   GLN A   5     -29.714 -15.358  85.170  1.00 41.01           O
ATOM     38  CB  GLN A   5     -26.911 -16.544  85.768  1.00 38.94           C
ATOM     39  CG  GLN A   5     -26.103 -17.812  85.595  1.00 46.98           C
ATOM     40  CD  GLN A   5     -24.690 -17.565  85.045  1.00 61.68           C
ATOM     41  OE1 GLN A   5     -24.523 -17.011  83.956  1.00 63.24           O
ATOM     42  NE2 GLN A   5     -23.671 -17.982  85.800  1.00 53.29           N
ATOM     43  N   GLN A   6     -29.465 -14.912  87.348  1.00 37.71           N
ATOM     44  CA  GLN A   6     -30.413 -13.810  87.326  1.00 37.43           C
ATOM     45  C   GLN A   6     -29.670 -12.491  87.484  1.00 41.79           C
ATOM     46  O   GLN A   6     -28.694 -12.405  88.237  1.00 42.07           O
ATOM     47  CB  GLN A   6     -31.445 -13.932  88.448  1.00 34.57           C
ATOM     48  CG  GLN A   6     -32.083 -15.276  88.561  1.00 37.33           C
ATOM     49  CD  GLN A   6     -33.308 -15.279  89.458  1.00 36.27           C
ATOM     50  OE1 GLN A   6     -33.695 -16.319  89.966  1.00 30.06           O
ATOM     51  NE2 GLN A   6     -33.920 -14.117  89.653  1.00 32.89           N
ATOM     52  N   TRP A   7     -30.144 -11.463  86.785  1.00 36.25           N
ATOM     53  CA  TRP A   7     -29.729 -10.098  87.059  1.00 33.75           C
ATOM     54  C   TRP A   7     -30.876  -9.160  86.714  1.00 37.39           C
ATOM     55  O   TRP A   7     -31.883  -9.557  86.120  1.00 39.47           O
ATOM     56  CB  TRP A   7     -28.452  -9.723  86.303  1.00 33.51           C
ATOM     57  CG  TRP A   7     -28.542  -9.763  84.822  1.00 34.91           C
ATOM     58  CD1 TRP A   7     -28.929  -8.739  83.990  1.00 37.52           C
ATOM     59  CD2 TRP A   7     -28.206 -10.865  83.970  1.00 37.56           C
ATOM     60  NE1 TRP A   7     -28.872  -9.149  82.675  1.00 37.51           N
ATOM     61  CE2 TRP A   7     -28.425 -10.446  82.635  1.00 36.81           C
ATOM     62  CE3 TRP A   7     -27.737 -12.160  84.204  1.00 43.59           C
ATOM     63  CZ2 TRP A   7     -28.199 -11.280  81.542  1.00 35.12           C
ATOM     64  CZ3 TRP A   7     -27.517 -12.993  83.112  1.00 48.14           C
ATOM     65  CH2 TRP A   7     -27.754 -12.547  81.797  1.00 43.93           C
ATOM     66  N   GLY A   8     -30.711  -7.909  87.092  1.00 31.94           N
ATOM     67  CA  GLY A   8     -31.730  -6.894  86.915  1.00 32.15           C
ATOM     68  C   GLY A   8     -31.597  -6.027  88.146  1.00 36.03           C
ATOM     69  O   GLY A   8     -31.196  -6.479  89.217  1.00 34.32           O
```

```
ATOM     70  N   ALA A   9     -31.911  -4.745  87.991  1.00 39.30           N
ATOM     71  CA  ALA A   9     -31.830  -3.844  89.129  1.00 40.16           C
ATOM     72  C   ALA A   9     -32.853  -4.275  90.168  1.00 41.09           C
ATOM     73  O   ALA A   9     -34.026  -4.460  89.845  1.00 43.60           O
ATOM     74  CB  ALA A   9     -32.073  -2.399  88.690  1.00 33.25           C
ATOM     75  N   GLY A  10     -32.405  -4.458  91.411  1.00 37.64           N
ATOM     76  CA  GLY A  10     -33.275  -4.938  92.461  1.00 28.47           C
ATOM     77  C   GLY A  10     -33.861  -3.889  93.382  1.00 36.57           C
ATOM     78  O   GLY A  10     -34.710  -4.214  94.213  1.00 43.35           O
ATOM     79  N   LEU A  11     -33.418  -2.638  93.273  1.00 36.99           N
ATOM     80  CA  LEU A  11     -33.946  -1.533  94.067  1.00 34.54           C
ATOM     81  C   LEU A  11     -34.748  -0.595  93.168  1.00 35.85           C
ATOM     82  O   LEU A  11     -34.244  -0.129  92.144  1.00 38.05           O
ATOM     83  CB  LEU A  11     -32.818  -0.764  94.760  1.00 36.89           C
ATOM     84  CG  LEU A  11     -33.040  -0.447  96.238  1.00 40.06           C
ATOM     85  CD1 LEU A  11     -31.989   0.520  96.748  1.00 38.21           C
ATOM     86  CD2 LEU A  11     -34.443   0.097  96.487  1.00 39.59           C
ATOM     87  N   LEU A  12     -35.997  -0.333  93.537  1.00 36.22           N
ATOM     88  CA  LEU A  12     -36.874   0.495  92.724  1.00 38.68           C
ATOM     89  C   LEU A  12     -37.710   1.388  93.624  1.00 37.27           C
ATOM     90  O   LEU A  12     -37.955   1.071  94.791  1.00 40.06           O
ATOM     91  CB  LEU A  12     -37.815  -0.342  91.843  1.00 36.78           C
ATOM     92  CG  LEU A  12     -37.179  -1.328  90.872  1.00 36.77           C
ATOM     93  CD1 LEU A  12     -38.285  -2.117  90.244  1.00 42.02           C
ATOM     94  CD2 LEU A  12     -36.382  -0.610  89.812  1.00 40.37           C
ATOM     95  N   LYS A  13     -38.164   2.508  93.053  1.00 36.92           N
ATOM     96  CA  LYS A  13     -39.141   3.391  93.665  1.00 36.42           C
ATOM     97  C   LYS A  13     -40.505   3.163  93.036  1.00 35.60           C
ATOM     98  O   LYS A  13     -40.605   2.637  91.921  1.00 39.97           O
ATOM     99  CB  LYS A  13     -38.711   4.848  93.499  1.00 41.56           C
ATOM    100  CG  LYS A  13     -37.227   5.088  93.781  1.00 52.81           C
ATOM    101  CD  LYS A  13     -36.541   5.678  92.538  1.00 68.42           C
ATOM    102  CE  LYS A  13     -35.056   5.297  92.399  1.00 70.40           C
ATOM    103  NZ  LYS A  13     -34.516   5.679  91.038  1.00 67.86           N1+
ATOM    104  N   PRO A  14     -41.587   3.512  93.736  1.00 32.85           N
ATOM    105  CA  PRO A  14     -42.932   3.257  93.200  1.00 31.49           C
ATOM    106  C   PRO A  14     -43.114   3.852  91.806  1.00 38.32           C
ATOM    107  O   PRO A  14     -42.521   4.880  91.465  1.00 35.32           O
ATOM    108  CB  PRO A  14     -43.852   3.929  94.218  1.00 25.23           C
ATOM    109  CG  PRO A  14     -43.104   3.927  95.441  1.00 29.72           C
ATOM    110  CD  PRO A  14     -41.646   4.040  95.105  1.00 33.69           C
ATOM    111  N   SER A  15     -43.920   3.155  90.996  1.00 36.29           N
ATOM    112  CA  SER A  15     -44.274   3.500  89.622  1.00 33.19           C
ATOM    113  C   SER A  15     -43.184   3.147  88.614  1.00 34.56           C
ATOM    114  O   SER A  15     -43.472   3.106  87.414  1.00 34.31           O
ATOM    115  CB  SER A  15     -44.597   4.994  89.468  1.00 38.65           C
ATOM    116  OG  SER A  15     -43.421   5.751  89.168  1.00 34.68           O
ATOM    117  N   GLU A  16     -41.943   2.899  89.051  1.00 30.66           N
ATOM    118  CA  GLU A  16     -40.952   2.443  88.083  1.00 28.63           C
ATOM    119  C   GLU A  16     -41.330   1.055  87.551  1.00 33.32           C
ATOM    120  O   GLU A  16     -42.281   0.410  88.010  1.00 35.10           O
ATOM    121  CB  GLU A  16     -39.539   2.437  88.684  1.00 30.89           C
ATOM    122  CG  GLU A  16     -39.075   3.729  89.360  1.00 31.88           C
ATOM    123  CD  GLU A  16     -37.549   3.780  89.616  1.00 49.97           C
ATOM    124  OE1 GLU A  16     -36.907   2.727  89.843  1.00 54.84           O
ATOM    125  OE2 GLU A  16     -36.967   4.885  89.556  1.00 57.53           O
ATOM    126  N   THR A  17     -40.583   0.583  86.565  1.00 32.70           N
ATOM    127  CA  THR A  17     -40.829  -0.744  86.034  1.00 35.01           C
ATOM    128  C   THR A  17     -39.637  -1.655  86.318  1.00 38.16           C
ATOM    129  O   THR A  17     -38.473  -1.238  86.259  1.00 36.52           O
ATOM    130  CB  THR A  17     -41.198  -0.690  84.543  1.00 36.57           C
ATOM    131  OG1 THR A  17     -40.325  -1.515  83.766  1.00 34.00           O
ATOM    132  CG2 THR A  17     -41.198   0.711  84.055  1.00 37.19           C
ATOM    133  N   LEU A  18     -39.955  -2.874  86.733  1.00 35.90           N
ATOM    134  CA  LEU A  18     -38.969  -3.873  87.100  1.00 33.49           C
ATOM    135  C   LEU A  18     -38.603  -4.669  85.861  1.00 32.72           C
ATOM    136  O   LEU A  18     -39.482  -5.056  85.082  1.00 30.94           O
ATOM    137  CB  LEU A  18     -39.537  -4.770  88.209  1.00 34.34           C
ATOM    138  CG  LEU A  18     -38.899  -6.037  88.790  1.00 34.31           C
ATOM    139  CD1 LEU A  18     -39.067  -7.231  87.855  1.00 31.61           C
ATOM    140  CD2 LEU A  18     -37.433  -5.823  89.128  1.00 34.33           C
```

```
ATOM    141  N   SER A  19     -37.309  -4.888  85.660  1.00 31.86           N
ATOM    142  CA  SER A  19     -36.877  -5.700  84.536  1.00 35.19           C
ATOM    143  C   SER A  19     -35.754  -6.613  85.001  1.00 31.16           C
ATOM    144  O   SER A  19     -34.777  -6.145  85.596  1.00 30.06           O
ATOM    145  CB  SER A  19     -36.449  -4.841  83.346  1.00 33.07           C
ATOM    146  OG  SER A  19     -35.218  -4.239  83.612  1.00 47.41           O
ATOM    147  N   LEU A  20     -35.934  -7.916  84.768  1.00 25.55           N
ATOM    148  CA  LEU A  20     -35.022  -8.962  85.214  1.00 28.53           C
ATOM    149  C   LEU A  20     -34.777  -9.941  84.074  1.00 27.96           C
ATOM    150  O   LEU A  20     -35.643 -10.142  83.220  1.00 27.00           O
ATOM    151  CB  LEU A  20     -35.596  -9.712  86.425  1.00 26.52           C
ATOM    152  CG  LEU A  20     -35.939  -8.899  87.678  1.00 29.44           C
ATOM    153  CD1 LEU A  20     -36.684  -9.780  88.650  1.00 34.23           C
ATOM    154  CD2 LEU A  20     -34.683  -8.369  88.365  1.00 31.36           C
ATOM    155  N   THR A  21     -33.589 -10.552  84.061  1.00 28.15           N
ATOM    156  CA  THR A  21     -33.237 -11.526  83.034  1.00 30.18           C
ATOM    157  C   THR A  21     -32.621 -12.772  83.663  1.00 33.03           C
ATOM    158  O   THR A  21     -31.918 -12.678  84.673  1.00 38.27           O
ATOM    159  CB  THR A  21     -32.240 -10.913  82.023  1.00 32.85           C
ATOM    160  OG1 THR A  21     -32.757  -9.670  81.536  1.00 32.16           O
ATOM    161  CG2 THR A  21     -31.977 -11.866  80.841  1.00 28.45           C
ATOM    162  N   CYS A  22     -32.883 -13.939  83.053  1.00 27.52           N
ATOM    163  CA  CYS A  22     -32.197 -15.190  83.374  1.00 32.00           C
ATOM    164  C   CYS A  22     -31.452 -15.675  82.149  1.00 29.74           C
ATOM    165  O   CYS A  22     -31.974 -15.629  81.036  1.00 26.79           O
ATOM    166  CB  CYS A  22     -33.116 -16.343  83.872  1.00 27.00           C
ATOM    167  SG  CYS A  22     -33.354 -16.118  85.624  1.00 68.31           S
ATOM    168  N   ALA A  23     -30.228 -16.135  82.379  1.00 32.24           N
ATOM    169  CA  ALA A  23     -29.397 -16.762  81.370  1.00 32.34           C
ATOM    170  C   ALA A  23     -29.311 -18.234  81.721  1.00 30.10           C
ATOM    171  O   ALA A  23     -29.020 -18.577  82.867  1.00 34.73           O
ATOM    172  CB  ALA A  23     -28.004 -16.125  81.339  1.00 32.68           C
ATOM    173  N   VAL A  24     -29.614 -19.093  80.763  1.00 27.15           N
ATOM    174  CA  VAL A  24     -29.616 -20.533  80.977  1.00 32.40           C
ATOM    175  C   VAL A  24     -28.371 -21.124  80.342  1.00 32.49           C
ATOM    176  O   VAL A  24     -28.115 -20.916  79.155  1.00 31.92           O
ATOM    177  CB  VAL A  24     -30.872 -21.204  80.377  1.00 31.63           C
ATOM    178  CG1 VAL A  24     -30.833 -22.694  80.642  1.00 23.27           C
ATOM    179  CG2 VAL A  24     -32.187 -20.590  80.898  1.00 27.72           C
ATOM    180  N   SER A  25     -27.609 -21.875  81.117  1.00 37.38           N
ATOM    181  CA  SER A  25     -26.471 -22.620  80.602  1.00 34.69           C
ATOM    182  C   SER A  25     -26.544 -24.037  81.136  1.00 37.68           C
ATOM    183  O   SER A  25     -27.107 -24.279  82.206  1.00 45.11           O
ATOM    184  CB  SER A  25     -25.146 -21.979  81.013  1.00 35.05           C
ATOM    185  OG  SER A  25     -25.168 -21.665  82.396  1.00 40.52           O
ATOM    186  N   GLY A  26     -25.978 -24.977  80.405  1.00 31.17           N
ATOM    187  CA  GLY A  26     -25.970 -26.319  80.939  1.00 34.95           C
ATOM    188  C   GLY A  26     -26.773 -27.339  80.181  1.00 44.75           C
ATOM    189  O   GLY A  26     -26.261 -28.422  79.895  1.00 53.93           O
ATOM    190  N   GLY A  27     -28.035 -27.049  79.897  1.00 43.99           N
ATOM    191  CA  GLY A  27     -28.827 -28.022  79.179  1.00 39.13           C
ATOM    192  C   GLY A  27     -29.426 -27.412  77.935  1.00 44.00           C
ATOM    193  O   GLY A  27     -28.940 -26.394  77.426  1.00 44.61           O
ATOM    194  N   SER A  28     -30.525 -27.991  77.475  1.00 48.00           N
ATOM    195  CA  SER A  28     -31.204 -27.507  76.286  1.00 42.16           C
ATOM    196  C   SER A  28     -32.051 -26.285  76.611  1.00 41.49           C
ATOM    197  O   SER A  28     -32.302 -25.961  77.778  1.00 37.48           O
ATOM    198  CB  SER A  28     -32.071 -28.605  75.684  1.00 39.00           C
ATOM    199  OG  SER A  28     -31.253 -29.679  75.263  1.00 45.34           O
ATOM    200  N   PHE A  29     -32.448 -25.569  75.552  1.00 39.22           N
ATOM    201  CA  PHE A  29     -33.327 -24.425  75.695  1.00 34.42           C
ATOM    202  C   PHE A  29     -34.696 -24.653  75.097  1.00 38.24           C
ATOM    203  O   PHE A  29     -35.628 -23.923  75.439  1.00 40.29           O
ATOM    204  CB  PHE A  29     -32.710 -23.181  75.041  1.00 30.96           C
ATOM    205  CG  PHE A  29     -33.191 -21.874  75.633  1.00 31.50           C
ATOM    206  CD1 PHE A  29     -33.148 -21.663  77.004  1.00 33.59           C
ATOM    207  CD2 PHE A  29     -33.660 -20.850  74.823  1.00 28.85           C
ATOM    208  CE1 PHE A  29     -33.578 -20.450  77.564  1.00 31.05           C
ATOM    209  CE2 PHE A  29     -34.073 -19.653  75.359  1.00 29.76           C
ATOM    210  CZ  PHE A  29     -34.042 -19.449  76.740  1.00 30.19           C
ATOM    211  N   ARG A  30     -34.855 -25.653  74.242  1.00 41.39           N
```

```
ATOM    212  CA  ARG A  30     -36.009 -25.653  73.362  1.00 44.20           C
ATOM    213  C   ARG A  30     -37.145 -26.551  73.833  1.00 39.55           C
ATOM    214  O   ARG A  30     -38.265 -26.412  73.331  1.00 42.77           O
ATOM    215  CB  ARG A  30     -35.568 -26.002  71.939  1.00 31.85           C
ATOM    216  CG  ARG A  30     -35.075 -27.382  71.728  1.00 39.91           C
ATOM    217  CD  ARG A  30     -34.814 -27.548  70.245  1.00 43.27           C
ATOM    218  NE  ARG A  30     -33.604 -28.305  69.892  1.00 49.24           N
ATOM    219  CZ  ARG A  30     -32.393 -28.213  70.464  1.00 57.67           C
ATOM    220  NH1 ARG A  30     -31.409 -28.969  69.985  1.00 63.98           N
ATOM    221  NH2 ARG A  30     -32.135 -27.413  71.512  1.00 54.11           N
ATOM    222  N   TYR A  31     -36.902 -27.434  74.789  1.00 36.60           N
ATOM    223  CA  TYR A  31     -37.940 -28.340  75.264  1.00 40.80           C
ATOM    224  C   TYR A  31     -38.685 -27.821  76.489  1.00 37.66           C
ATOM    225  O   TYR A  31     -39.628 -28.470  76.946  1.00 36.93           O
ATOM    226  CB  TYR A  31     -37.334 -29.699  75.619  1.00 37.87           C
ATOM    227  CG  TYR A  31     -36.422 -30.240  74.573  1.00 39.45           C
ATOM    228  CD1 TYR A  31     -36.888 -30.500  73.300  1.00 42.59           C
ATOM    229  CD2 TYR A  31     -35.088 -30.528  74.861  1.00 44.81           C
ATOM    230  CE1 TYR A  31     -36.047 -31.005  72.325  1.00 45.84           C
ATOM    231  CE2 TYR A  31     -34.240 -31.049  73.890  1.00 43.49           C
ATOM    232  CZ  TYR A  31     -34.729 -31.281  72.625  1.00 43.29           C
ATOM    233  OH  TYR A  31     -33.922 -31.803  71.648  1.00 43.72           O
ATOM    234  N   TYR A  32     -38.302 -26.677  77.027  1.00 39.36           N
ATOM    235  CA  TYR A  32     -38.735 -26.280  78.350  1.00 34.43           C
ATOM    236  C   TYR A  32     -39.587 -25.028  78.263  1.00 38.74           C
ATOM    237  O   TYR A  32     -39.501 -24.256  77.305  1.00 39.83           O
ATOM    238  CB  TYR A  32     -37.533 -26.028  79.265  1.00 33.39           C
ATOM    239  CG  TYR A  32     -36.634 -27.226  79.343  1.00 38.75           C
ATOM    240  CD2 TYR A  32     -35.377 -27.236  78.750  1.00 32.24           C
ATOM    241  CD1 TYR A  32     -37.061 -28.368  80.004  1.00 38.64           C
ATOM    242  CE2 TYR A  32     -34.570 -28.364  78.823  1.00 39.82           C
ATOM    243  CE1 TYR A  32     -36.270 -29.495  80.088  1.00 40.18           C
ATOM    244  CZ  TYR A  32     -35.029 -29.505  79.499  1.00 46.72           C
ATOM    245  OH  TYR A  32     -34.278 -30.668  79.604  1.00 41.88           O
ATOM    246  N   TYR A  33     -40.420 -24.842  79.282  1.00 31.10           N
ATOM    247  CA  TYR A  33     -41.042 -23.558  79.529  1.00 30.58           C
ATOM    248  C   TYR A  33     -40.221 -22.800  80.563  1.00 30.77           C
ATOM    249  O   TYR A  33     -39.686 -23.392  81.507  1.00 29.88           O
ATOM    250  CB  TYR A  33     -42.491 -23.726  79.987  1.00 30.38           C
ATOM    251  CG  TYR A  33     -43.440 -23.801  78.834  1.00 33.35           C
ATOM    252  CD2 TYR A  33     -44.211 -22.698  78.485  1.00 33.18           C
ATOM    253  CD1 TYR A  33     -43.550 -24.966  78.059  1.00 33.82           C
ATOM    254  CE2 TYR A  33     -45.080 -22.746  77.407  1.00 36.40           C
ATOM    255  CE1 TYR A  33     -44.430 -25.030  76.976  1.00 33.85           C
ATOM    256  CZ  TYR A  33     -45.186 -23.909  76.655  1.00 39.33           C
ATOM    257  OH  TYR A  33     -46.051 -23.924  75.590  1.00 39.05           O
ATOM    258  N   TRP A  34     -40.133 -21.490  80.381  1.00 25.37           N
ATOM    259  CA  TRP A  34     -39.285 -20.639  81.189  1.00 25.30           C
ATOM    260  C   TRP A  34     -40.172 -19.666  81.940  1.00 30.32           C
ATOM    261  O   TRP A  34     -41.013 -18.993  81.328  1.00 28.04           O
ATOM    262  CB  TRP A  34     -38.242 -19.932  80.310  1.00 27.04           C
ATOM    263  CG  TRP A  34     -37.375 -20.952  79.641  1.00 28.16           C
ATOM    264  CD1 TRP A  34     -37.436 -21.371  78.333  1.00 31.12           C
ATOM    265  CD2 TRP A  34     -36.410 -21.787  80.279  1.00 28.13           C
ATOM    266  NE1 TRP A  34     -36.525 -22.375  78.110  1.00 27.45           N
ATOM    267  CE2 TRP A  34     -35.881 -22.653  79.287  1.00 31.81           C
ATOM    268  CE3 TRP A  34     -35.920 -21.875  81.587  1.00 28.15           C
ATOM    269  CZ2 TRP A  34     -34.880 -23.591  79.567  1.00 31.29           C
ATOM    270  CZ3 TRP A  34     -34.911 -22.807  81.864  1.00 29.29           C
ATOM    271  CH2 TRP A  34     -34.411 -23.654  80.858  1.00 25.81           C
ATOM    272  N   SER A  35     -39.993 -19.608  83.268  1.00 28.16           N
ATOM    273  CA  SER A  35     -41.009 -19.048  84.150  1.00 29.83           C
ATOM    274  C   SER A  35     -40.463 -17.999  85.106  1.00 27.98           C
ATOM    275  O   SER A  35     -39.266 -17.907  85.361  1.00 25.65           O
ATOM    276  CB  SER A  35     -41.677 -20.145  84.957  1.00 25.41           C
ATOM    277  OG  SER A  35     -42.298 -21.049  84.068  1.00 33.06           O
ATOM    278  N   TRP A  36     -41.388 -17.224  85.655  1.00 26.15           N
ATOM    279  CA  TRP A  36     -41.091 -16.278  86.712  1.00 23.95           C
ATOM    280  C   TRP A  36     -42.037 -16.535  87.877  1.00 26.92           C
ATOM    281  O   TRP A  36     -43.249 -16.680  87.693  1.00 24.36           O
ATOM    282  CB  TRP A  36     -41.200 -14.847  86.204  1.00 21.96           C
```

```
ATOM    283  CG  TRP A  36     -40.123 -14.545  85.243  1.00 27.15           C
ATOM    284  CD1 TRP A  36     -40.208 -14.586  83.880  1.00 28.66           C
ATOM    285  CD2 TRP A  36     -38.764 -14.186  85.550  1.00 30.43           C
ATOM    286  NE1 TRP A  36     -38.998 -14.263  83.319  1.00 28.45           N
ATOM    287  CE2 TRP A  36     -38.092 -14.011  84.318  1.00 31.09           C
ATOM    288  CE3 TRP A  36     -38.051 -13.988  86.744  1.00 26.18           C
ATOM    289  CZ2 TRP A  36     -36.736 -13.635  84.245  1.00 30.83           C
ATOM    290  CZ3 TRP A  36     -36.710 -13.624  86.669  1.00 31.94           C
ATOM    291  CH2 TRP A  36     -36.065 -13.444  85.426  1.00 27.34           C
ATOM    292  N   ILE A  37     -41.470 -16.623  89.072  1.00 28.61           N
ATOM    293  CA  ILE A  37     -42.220 -16.887  90.289  1.00 25.71           C
ATOM    294  C   ILE A  37     -41.703 -15.924  91.344  1.00 26.51           C
ATOM    295  O   ILE A  37     -40.485 -15.758  91.473  1.00 28.46           O
ATOM    296  CB  ILE A  37     -42.043 -18.359  90.726  1.00 28.49           C
ATOM    297  CG1 ILE A  37     -42.496 -19.298  89.602  1.00 20.22           C
ATOM    298  CG2 ILE A  37     -42.842 -18.657  91.998  1.00 30.40           C
ATOM    299  CD1 ILE A  37     -41.935 -20.641  89.672  1.00 19.85           C
ATOM    300  N   ARG A  38     -42.608 -15.271  92.089  1.00 27.82           N
ATOM    301  CA  ARG A  38     -42.178 -14.383  93.172  1.00 31.79           C
ATOM    302  C   ARG A  38     -42.654 -14.877  94.535  1.00 29.28           C
ATOM    303  O   ARG A  38     -43.711 -15.493  94.666  1.00 30.31           O
ATOM    304  CB  ARG A  38     -42.642 -12.902  92.983  1.00 25.98           C
ATOM    305  CG  ARG A  38     -44.132 -12.704  92.827  1.00 30.50           C
ATOM    306  CD  ARG A  38     -44.718 -11.710  93.796  1.00 31.27           C
ATOM    307  NE  ARG A  38     -44.660 -10.332  93.330  1.00 38.33           N
ATOM    308  CZ  ARG A  38     -45.723  -9.550  93.118  1.00 40.05           C
ATOM    309  NH1 ARG A  38     -46.967  -9.987  93.311  1.00 29.85           N1+
ATOM    310  NH2 ARG A  38     -45.529  -8.307  92.711  1.00 35.67           N
ATOM    311  N   GLN A  39     -41.874 -14.544  95.561  1.00 29.83           N
ATOM    312  CA  GLN A  39     -42.189 -14.894  96.940  1.00 29.44           C
ATOM    313  C   GLN A  39     -42.070 -13.629  97.776  1.00 30.99           C
ATOM    314  O   GLN A  39     -40.945 -13.189  98.072  1.00 30.65           O
ATOM    315  CB  GLN A  39     -41.278 -15.997  97.467  1.00 26.80           C
ATOM    316  CG  GLN A  39     -41.737 -16.561  98.799  1.00 29.10           C
ATOM    317  CD  GLN A  39     -41.020 -17.825  99.195  1.00 32.69           C
ATOM    318  OE1 GLN A  39     -39.808 -17.945  99.051  1.00 34.15           O
ATOM    319  NE2 GLN A  39     -41.773 -18.787  99.702  1.00 36.84           N
ATOM    320  N   PRO A  40     -43.199 -13.006  98.142  1.00 32.88           N
ATOM    321  CA  PRO A  40     -43.142 -11.823  99.012  1.00 32.74           C
ATOM    322  C   PRO A  40     -42.699 -12.202 100.414  1.00 37.01           C
ATOM    323  O   PRO A  40     -42.970 -13.320 100.883  1.00 37.15           O
ATOM    324  CB  PRO A  40     -44.590 -11.305  99.005  1.00 28.52           C
ATOM    325  CG  PRO A  40     -45.230 -11.963  97.786  1.00 33.90           C
ATOM    326  CD  PRO A  40     -44.566 -13.290  97.668  1.00 32.61           C
ATOM    327  N   PRO A  41     -42.011 -11.304 101.120  1.00 41.34           N
ATOM    328  CA  PRO A  41     -41.405 -11.689 102.405  1.00 35.97           C
ATOM    329  C   PRO A  41     -42.486 -12.089 103.398  1.00 39.15           C
ATOM    330  O   PRO A  41     -43.499 -11.400 103.564  1.00 39.19           O
ATOM    331  CB  PRO A  41     -40.643 -10.430 102.834  1.00 35.82           C
ATOM    332  CG  PRO A  41     -41.378  -9.304 102.151  1.00 36.54           C
ATOM    333  CD  PRO A  41     -41.862  -9.861 100.839  1.00 32.74           C
ATOM    334  N   GLY A  42     -42.264 -13.220 104.057  1.00 39.49           N
ATOM    335  CA  GLY A  42     -43.319 -13.884 104.786  1.00 43.62           C
ATOM    336  C   GLY A  42     -44.017 -14.964 103.996  1.00 43.06           C
ATOM    337  O   GLY A  42     -45.137 -15.343 104.347  1.00 44.55           O
ATOM    338  N   LYS A  43     -43.392 -15.449 102.924  1.00 49.76           N
ATOM    339  CA  LYS A  43     -43.711 -16.719 102.276  1.00 46.50           C
ATOM    340  C   LYS A  43     -44.975 -16.606 101.432  1.00 41.59           C
ATOM    341  O   LYS A  43     -45.732 -15.629 101.536  1.00 39.86           O
ATOM    342  CB  LYS A  43     -43.844 -17.858 103.320  1.00 55.91           C
ATOM    343  CG  LYS A  43     -42.513 -18.447 103.914  1.00 45.31           C
ATOM    344  CD  LYS A  43     -41.860 -19.485 102.968  1.00 46.63           C
ATOM    345  CE  LYS A  43     -41.212 -20.692 103.684  1.00 40.96           C
ATOM    346  NZ  LYS A  43     -39.846 -20.507 104.327  1.00 38.05           N
ATOM    347  N   GLY A  44     -45.192 -17.625 100.601  1.00 39.58           N
ATOM    348  CA  GLY A  44     -46.241 -17.682  99.609  1.00 36.71           C
ATOM    349  C   GLY A  44     -45.620 -17.601  98.231  1.00 37.64           C
ATOM    350  O   GLY A  44     -44.862 -16.666  97.961  1.00 40.33           O
ATOM    351  N   LEU A  45     -45.870 -18.568  97.359  1.00 32.84           N
ATOM    352  CA  LEU A  45     -45.302 -18.533  96.019  1.00 31.46           C
ATOM    353  C   LEU A  45     -46.409 -18.152  95.047  1.00 32.57           C
```

```
ATOM    354  O   LEU A  45     -47.476 -18.773  95.054  1.00 37.03           O
ATOM    355  CB  LEU A  45     -44.665 -19.877  95.649  1.00 29.61           C
ATOM    356  CG  LEU A  45     -43.412 -20.297  96.434  1.00 28.20           C
ATOM    357  CD1 LEU A  45     -43.088 -21.788  96.284  1.00 22.57           C
ATOM    358  CD2 LEU A  45     -42.235 -19.474  95.976  1.00 25.94           C
ATOM    359  N   GLU A  46     -46.150 -17.152  94.201  1.00 27.39           N
ATOM    360  CA  GLU A  46     -47.092 -16.747  93.168  1.00 31.51           C
ATOM    361  C   GLU A  46     -46.444 -16.851  91.798  1.00 35.34           C
ATOM    362  O   GLU A  46     -45.360 -16.303  91.565  1.00 32.92           O
ATOM    363  CB  GLU A  46     -47.602 -15.323  93.347  1.00 29.82           C
ATOM    364  CG  GLU A  46     -47.130 -14.572  94.552  1.00 39.23           C
ATOM    365  CD  GLU A  46     -47.805 -13.180  94.638  1.00 55.69           C
ATOM    366  OE1 GLU A  46     -48.162 -12.613  93.554  1.00 51.35           O
ATOM    367  OE2 GLU A  46     -48.001 -12.680  95.784  1.00 52.13           O1-
ATOM    368  N   TRP A  47     -47.137 -17.524  90.893  1.00 29.44           N
ATOM    369  CA  TRP A  47     -46.647 -17.778  89.551  1.00 30.35           C
ATOM    370  C   TRP A  47     -46.982 -16.605  88.644  1.00 32.75           C
ATOM    371  O   TRP A  47     -48.143 -16.202  88.550  1.00 36.68           O
ATOM    372  CB  TRP A  47     -47.265 -19.068  89.037  1.00 24.36           C
ATOM    373  CG  TRP A  47     -46.961 -19.432  87.637  1.00 29.61           C
ATOM    374  CD1 TRP A  47     -45.883 -20.133  87.188  1.00 25.71           C
ATOM    375  CD2 TRP A  47     -47.784 -19.186  86.495  1.00 28.45           C
ATOM    376  NE1 TRP A  47     -45.979 -20.319  85.840  1.00 26.95           N
ATOM    377  CE2 TRP A  47     -47.136 -19.748  85.388  1.00 25.32           C
ATOM    378  CE3 TRP A  47     -49.001 -18.540  86.303  1.00 25.64           C
ATOM    379  CZ2 TRP A  47     -47.662 -19.687  84.112  1.00 26.63           C
ATOM    380  CZ3 TRP A  47     -49.517 -18.479  85.032  1.00 29.15           C
ATOM    381  CH2 TRP A  47     -48.853 -19.054  83.953  1.00 27.51           C
ATOM    382  N   PHE A  48     -45.966 -16.059  87.975  1.00 33.76           N
ATOM    383  CA  PHE A  48     -46.182 -14.896  87.119  1.00 32.37           C
ATOM    384  C   PHE A  48     -46.601 -15.253  85.708  1.00 32.57           C
ATOM    385  O   PHE A  48     -47.502 -14.615  85.160  1.00 39.41           O
ATOM    386  CB  PHE A  48     -44.925 -14.027  87.073  1.00 31.35           C
ATOM    387  CG  PHE A  48     -44.998 -12.843  87.979  1.00 30.88           C
ATOM    388  CD2 PHE A  48     -44.484 -11.622  87.593  1.00 32.09           C
ATOM    389  CD1 PHE A  48     -45.606 -12.952  89.221  1.00 31.12           C
ATOM    390  CE2 PHE A  48     -44.562 -10.519  88.440  1.00 34.85           C
ATOM    391  CE1 PHE A  48     -45.695 -11.855  90.073  1.00 34.60           C
ATOM    392  CZ  PHE A  48     -45.165 -10.639  89.683  1.00 36.89           C
ATOM    393  N   GLY A  49     -45.982 -16.255  85.111  1.00 31.20           N
ATOM    394  CA  GLY A  49     -46.195 -16.531  83.707  1.00 30.09           C
ATOM    395  C   GLY A  49     -45.089 -17.418  83.178  1.00 31.55           C
ATOM    396  O   GLY A  49     -44.201 -17.849  83.913  1.00 31.30           O
ATOM    397  N   GLU A  50     -45.176 -17.704  81.881  1.00 28.58           N
ATOM    398  CA  GLU A  50     -44.233 -18.608  81.247  1.00 27.28           C
ATOM    399  C   GLU A  50     -44.118 -18.247  79.773  1.00 31.68           C
ATOM    400  O   GLU A  50     -45.015 -17.630  79.199  1.00 32.98           O
ATOM    401  CB  GLU A  50     -44.669 -20.060  81.434  1.00 26.85           C
ATOM    402  CG  GLU A  50     -46.040 -20.348  80.874  1.00 29.78           C
ATOM    403  CD  GLU A  50     -46.438 -21.812  81.020  1.00 35.37           C
ATOM    404  OE1 GLU A  50     -47.350 -22.259  80.271  1.00 37.88           O
ATOM    405  OE2 GLU A  50     -45.834 -22.514  81.875  1.00 28.88           O
ATOM    406  N   ILE A  51     -42.989 -18.610  79.165  1.00 32.55           N
ATOM    407  CA  ILE A  51     -42.790 -18.425  77.735  1.00 28.12           C
ATOM    408  C   ILE A  51     -42.187 -19.702  77.167  1.00 34.07           C
ATOM    409  O   ILE A  51     -41.470 -20.426  77.867  1.00 29.86           O
ATOM    410  CB  ILE A  51     -41.917 -17.191  77.464  1.00 29.20           C
ATOM    411  CG1 ILE A  51     -41.860 -16.866  75.954  1.00 32.21           C
ATOM    412  CG2 ILE A  51     -40.574 -17.350  78.147  1.00 26.55           C
ATOM    413  CD1 ILE A  51     -41.585 -15.399  75.639  1.00 26.20           C
ATOM    414  N   SER A  52     -42.453 -19.969  75.876  1.00 37.40           N
ATOM    415  CA  SER A  52     -42.398 -21.343  75.378  1.00 41.14           C
ATOM    416  C   SER A  52     -41.162 -21.701  74.563  1.00 43.60           C
ATOM    417  O   SER A  52     -40.851 -22.904  74.473  1.00 56.16           O
ATOM    418  CB  SER A  52     -43.624 -21.655  74.508  1.00 44.90           C
ATOM    419  OG  SER A  52     -43.499 -21.091  73.211  1.00 42.47           O
ATOM    420  N   HIS A  53     -40.465 -20.709  73.992  1.00 38.93           N
ATOM    421  CA  HIS A  53     -39.361 -20.843  73.025  1.00 46.69           C
ATOM    422  C   HIS A  53     -39.838 -20.322  71.682  1.00 40.68           C
ATOM    423  O   HIS A  53     -39.045 -19.789  70.908  1.00 48.98           O
ATOM    424  CB  HIS A  53     -38.827 -22.278  72.833  1.00 47.29           C
```

```
ATOM    425  CG  HIS A  53     -37.623 -22.370  71.938  1.00 50.45           C
ATOM    426  ND1 HIS A  53     -36.332 -22.400  72.429  1.00 48.68           N
ATOM    427  CD2 HIS A  53     -37.510 -22.432  70.589  1.00 50.73           C
ATOM    428  CE1 HIS A  53     -35.477 -22.464  71.421  1.00 44.63           C
ATOM    429  NE2 HIS A  53     -36.166 -22.483  70.294  1.00 45.11           N
ATOM    430  N   SER A  54     -41.136 -20.418  71.427  1.00 43.19           N
ATOM    431  CA  SER A  54     -41.723 -19.986  70.163  1.00 37.71           C
ATOM    432  C   SER A  54     -41.978 -18.486  69.934  1.00 41.91           C
ATOM    433  O   SER A  54     -42.167 -18.132  68.783  1.00 58.83           O
ATOM    434  CB  SER A  54     -43.072 -20.685  69.930  1.00 41.65           C
ATOM    435  OG  SER A  54     -43.284 -21.786  70.799  1.00 58.13           O
ATOM    436  N   GLY A  55     -42.077 -17.595  70.928  1.00 41.19           N
ATOM    437  CA  GLY A  55     -42.199 -17.864  72.342  1.00 37.12           C
ATOM    438  C   GLY A  55     -43.565 -17.363  72.782  1.00 38.09           C
ATOM    439  O   GLY A  55     -43.782 -16.170  73.025  1.00 35.63           O
ATOM    440  N   SER A  56     -44.514 -18.290  72.843  1.00 35.38           N
ATOM    441  CA  SER A  56     -45.839 -17.960  73.328  1.00 36.92           C
ATOM    442  C   SER A  56     -45.838 -17.864  74.851  1.00 39.87           C
ATOM    443  O   SER A  56     -45.057 -18.536  75.536  1.00 38.19           O
ATOM    444  CB  SER A  56     -46.855 -19.002  72.851  1.00 43.51           C
ATOM    445  OG  SER A  56     -46.477 -20.320  73.214  1.00 52.12           O
ATOM    446  N   THR A  57     -46.745 -17.035  75.381  1.00 36.78           N
ATOM    447  CA  THR A  57     -46.758 -16.688  76.792  1.00 35.49           C
ATOM    448  C   THR A  57     -48.106 -17.037  77.412  1.00 36.54           C
ATOM    449  O   THR A  57     -49.129 -17.068  76.738  1.00 36.43           O
ATOM    450  CB  THR A  57     -46.464 -15.195  77.048  1.00 34.28           C
ATOM    451  OG1 THR A  57     -47.488 -14.390  76.463  1.00 34.38           O
ATOM    452  CG2 THR A  57     -45.110 -14.791  76.511  1.00 32.77           C
ATOM    453  N   ASN A  58     -48.081 -17.324  78.707  1.00 34.99           N
ATOM    454  CA  ASN A  58     -49.282 -17.540  79.497  1.00 35.60           C
ATOM    455  C   ASN A  58     -49.013 -16.847  80.812  1.00 38.61           C
ATOM    456  O   ASN A  58     -48.117 -17.271  81.548  1.00 38.39           O
ATOM    457  CB  ASN A  58     -49.562 -19.013  79.731  1.00 33.14           C
ATOM    458  CG  ASN A  58     -49.588 -19.785  78.459  1.00 38.06           C
ATOM    459  OD1 ASN A  58     -50.518 -19.669  77.673  1.00 42.44           O
ATOM    460  ND2 ASN A  58     -48.555 -20.583  78.234  1.00 37.72           N
ATOM    461  N   TYR A  59     -49.778 -15.800  81.101  1.00 35.54           N
ATOM    462  CA  TYR A  59     -49.557 -14.988  82.281  1.00 36.21           C
ATOM    463  C   TYR A  59     -50.617 -15.291  83.325  1.00 34.45           C
ATOM    464  O   TYR A  59     -51.674 -15.857  83.041  1.00 36.30           O
ATOM    465  CB  TYR A  59     -49.603 -13.498  81.943  1.00 35.28           C
ATOM    466  CG  TYR A  59     -48.633 -13.043  80.880  1.00 35.74           C
ATOM    467  CD1 TYR A  59     -47.259 -13.085  81.082  1.00 34.19           C
ATOM    468  CD2 TYR A  59     -49.101 -12.544  79.678  1.00 35.17           C
ATOM    469  CE1 TYR A  59     -46.383 -12.644  80.107  1.00 33.92           C
ATOM    470  CE2 TYR A  59     -48.241 -12.098  78.700  1.00 31.35           C
ATOM    471  CZ  TYR A  59     -46.888 -12.143  78.912  1.00 37.17           C
ATOM    472  OH  TYR A  59     -46.055 -11.690  77.915  1.00 33.15           O
ATOM    473  N   ASN A  60     -50.335 -14.882  84.531  1.00 37.70           N
ATOM    474  CA  ASN A  60     -51.356 -14.909  85.549  1.00 38.74           C
ATOM    475  C   ASN A  60     -52.356 -13.791  85.274  1.00 42.68           C
ATOM    476  O   ASN A  60     -51.962 -12.615  85.220  1.00 41.91           O
ATOM    477  CB  ASN A  60     -50.706 -14.771  86.911  1.00 35.36           C
ATOM    478  CG  ASN A  60     -51.663 -15.019  88.031  1.00 37.89           C
ATOM    479  OD1 ASN A  60     -52.874 -14.862  87.873  1.00 38.66           O
ATOM    480  ND2 ASN A  60     -51.142 -15.541  89.137  1.00 36.71           N
ATOM    481  N   PRO A  61     -53.642 -14.102  85.084  1.00 43.65           N
ATOM    482  CA  PRO A  61     -54.609 -13.045  84.741  1.00 37.57           C
ATOM    483  C   PRO A  61     -54.670 -11.924  85.762  1.00 40.30           C
ATOM    484  O   PRO A  61     -54.997 -10.786  85.405  1.00 42.33           O
ATOM    485  CB  PRO A  61     -55.931 -13.820  84.677  1.00 32.38           C
ATOM    486  CG  PRO A  61     -55.502 -15.207  84.249  1.00 39.32           C
ATOM    487  CD  PRO A  61     -54.273 -15.439  85.092  1.00 39.25           C
ATOM    488  N   SER A  62     -54.321 -12.218  87.016  1.00 40.22           N
ATOM    489  CA  SER A  62     -54.367 -11.233  88.092  1.00 39.59           C
ATOM    490  C   SER A  62     -53.386 -10.087  87.868  1.00 45.31           C
ATOM    491  O   SER A  62     -53.617  -8.957  88.319  1.00 43.39           O
ATOM    492  CB  SER A  62     -54.058 -11.920  89.419  1.00 40.43           C
ATOM    493  OG  SER A  62     -53.155 -11.129  90.177  1.00 48.57           O
ATOM    494  N   LEU A  63     -52.237 -10.383  87.272  1.00 45.35           N
ATOM    495  CA  LEU A  63     -51.297  -9.329  86.930  1.00 44.69           C
```

```
ATOM    496  C   LEU A  63     -51.894  -8.416  85.869  1.00 53.96           C
ATOM    497  O   LEU A  63     -51.658  -7.201  85.861  1.00 54.71           O
ATOM    498  CB  LEU A  63     -50.001  -9.971  86.440  1.00 43.57           C
ATOM    499  CG  LEU A  63     -49.158 -10.633  87.535  1.00 43.51           C
ATOM    500  CD1 LEU A  63     -47.844 -11.134  86.978  1.00 40.31           C
ATOM    501  CD2 LEU A  63     -48.888  -9.663  88.691  1.00 43.97           C
ATOM    502  N   LYS A  64     -52.663  -9.003  84.955  1.00 58.46           N
ATOM    503  CA  LYS A  64     -53.324  -8.320  83.854  1.00 58.94           C
ATOM    504  C   LYS A  64     -52.277  -7.745  82.912  1.00 51.96           C
ATOM    505  O   LYS A  64     -51.377  -8.460  82.452  1.00 48.34           O
ATOM    506  CB  LYS A  64     -54.274  -7.204  84.304  1.00 52.16           C
ATOM    507  CG  LYS A  64     -55.571  -7.258  83.486  1.00 62.77           C
ATOM    508  CD  LYS A  64     -56.400  -5.965  83.488  1.00 81.85           C
ATOM    509  CE  LYS A  64     -57.048  -5.593  84.810  1.00 81.71           C
ATOM    510  NZ  LYS A  64     -57.659  -4.226  84.694  1.00 73.63           N
ATOM    511  N   ALA A  65     -52.386  -6.444  82.659  1.00 41.71           N
ATOM    512  CA  ALA A  65     -51.539  -5.768  81.693  1.00 43.20           C
ATOM    513  C   ALA A  65     -50.168  -5.367  82.231  1.00 38.62           C
ATOM    514  O   ALA A  65     -49.389  -4.808  81.463  1.00 42.39           O
ATOM    515  CB  ALA A  65     -52.249  -4.540  81.128  1.00 46.41           C
ATOM    516  N   ARG A  66     -49.867  -5.542  83.523  1.00 38.64           N
ATOM    517  CA  ARG A  66     -48.595  -5.016  84.025  1.00 34.40           C
ATOM    518  C   ARG A  66     -47.377  -5.847  83.627  1.00 36.18           C
ATOM    519  O   ARG A  66     -46.249  -5.349  83.752  1.00 31.12           O
ATOM    520  CB  ARG A  66     -48.586  -4.863  85.546  1.00 33.68           C
ATOM    521  CG  ARG A  66     -49.764  -4.132  86.091  1.00 40.09           C
ATOM    522  CD  ARG A  66     -49.537  -3.649  87.519  1.00 40.22           C
ATOM    523  NE  ARG A  66     -49.265  -4.663  88.539  1.00 35.47           N
ATOM    524  CZ  ARG A  66     -48.148  -4.713  89.268  1.00 34.74           C
ATOM    525  NH1 ARG A  66     -47.168  -3.842  89.065  1.00 33.41           N1+
ATOM    526  NH2 ARG A  66     -48.004  -5.640  90.205  1.00 40.56           N
ATOM    527  N   VAL A  67     -47.559  -7.095  83.188  1.00 34.62           N
ATOM    528  CA  VAL A  67     -46.463  -8.049  83.084  1.00 36.24           C
ATOM    529  C   VAL A  67     -46.186  -8.411  81.626  1.00 36.09           C
ATOM    530  O   VAL A  67     -47.113  -8.575  80.828  1.00 36.24           O
ATOM    531  CB  VAL A  67     -46.782  -9.292  83.935  1.00 34.93           C
ATOM    532  CG1 VAL A  67     -47.992  -9.994  83.388  1.00 41.56           C
ATOM    533  CG2 VAL A  67     -45.596 -10.222  83.981  1.00 36.82           C
ATOM    534  N   THR A  68     -44.894  -8.531  81.289  1.00 35.40           N
ATOM    535  CA  THR A  68     -44.405  -8.998  79.998  1.00 33.94           C
ATOM    536  C   THR A  68     -43.267  -9.973  80.231  1.00 33.46           C
ATOM    537  O   THR A  68     -42.412  -9.739  81.087  1.00 34.05           O
ATOM    538  CB  THR A  68     -43.854  -7.882  79.090  1.00 37.93           C
ATOM    539  OG1 THR A  68     -44.745  -6.763  79.052  1.00 38.69           O
ATOM    540  CG2 THR A  68     -43.621  -8.423  77.672  1.00 27.13           C
ATOM    541  N   ILE A  69     -43.262 -11.064  79.471  1.00 35.17           N
ATOM    542  CA  ILE A  69     -42.163 -12.021  79.455  1.00 31.25           C
ATOM    543  C   ILE A  69     -41.710 -12.169  78.008  1.00 37.24           C
ATOM    544  O   ILE A  69     -42.541 -12.313  77.103  1.00 33.89           O
ATOM    545  CB  ILE A  69     -42.574 -13.382  80.051  1.00 27.84           C
ATOM    546  CG1 ILE A  69     -42.912 -13.212  81.523  1.00 31.71           C
ATOM    547  CG2 ILE A  69     -41.468 -14.407  79.896  1.00 25.74           C
ATOM    548  CD1 ILE A  69     -43.605 -14.385  82.110  1.00 30.41           C
ATOM    549  N   SER A  70     -40.401 -12.101  77.789  1.00 32.26           N
ATOM    550  CA  SER A  70     -39.826 -12.197  76.460  1.00 29.37           C
ATOM    551  C   SER A  70     -38.678 -13.195  76.500  1.00 33.52           C
ATOM    552  O   SER A  70     -38.103 -13.470  77.557  1.00 32.58           O
ATOM    553  CB  SER A  70     -39.322 -10.841  75.963  1.00 30.41           C
ATOM    554  OG  SER A  70     -38.395 -10.282  76.888  1.00 41.93           O
ATOM    555  N   ILE A  71     -38.333 -13.724  75.331  1.00 30.14           N
ATOM    556  CA  ILE A  71     -37.327 -14.761  75.222  1.00 29.53           C
ATOM    557  C   ILE A  71     -36.358 -14.414  74.097  1.00 34.98           C
ATOM    558  O   ILE A  71     -36.762 -13.926  73.035  1.00 33.60           O
ATOM    559  CB  ILE A  71     -37.992 -16.132  75.000  1.00 29.32           C
ATOM    560  CG1 ILE A  71     -37.001 -17.267  75.279  1.00 29.60           C
ATOM    561  CG2 ILE A  71     -38.575 -16.224  73.606  1.00 30.62           C
ATOM    562  CD1 ILE A  71     -37.644 -18.637  75.331  1.00 29.78           C
ATOM    563  N   ASP A  72     -35.076 -14.658  74.339  1.00 33.23           N
ATOM    564  CA  ASP A  72     -34.016 -14.453  73.355  1.00 32.69           C
ATOM    565  C   ASP A  72     -33.394 -15.828  73.138  1.00 36.12           C
ATOM    566  O   ASP A  72     -32.525 -16.242  73.910  1.00 37.95           O
```

```
ATOM    567  CB  ASP A  72     -33.008 -13.415  73.862  1.00 31.36           C
ATOM    568  CG  ASP A  72     -31.876 -13.113  72.861  1.00 47.78           C
ATOM    569  OD2 ASP A  72     -31.214 -12.051  73.040  1.00 43.89           O
ATOM    570  OD1 ASP A  72     -31.629 -13.924  71.921  1.00 48.56           O
ATOM    571  N   THR A  73     -33.847 -16.547  72.100  1.00 39.39           N
ATOM    572  CA  THR A  73     -33.375 -17.916  71.888  1.00 36.77           C
ATOM    573  C   THR A  73     -31.919 -17.989  71.429  1.00 43.07           C
ATOM    574  O   THR A  73     -31.301 -19.055  71.535  1.00 46.66           O
ATOM    575  CB  THR A  73     -34.251 -18.621  70.868  1.00 36.60           C
ATOM    576  OG1 THR A  73     -34.346 -17.803  69.699  1.00 47.78           O
ATOM    577  CG2 THR A  73     -35.625 -18.860  71.428  1.00 33.19           C
ATOM    578  N   SER A  74     -31.349 -16.886  70.949  1.00 40.76           N
ATOM    579  CA  SER A  74     -29.949 -16.891  70.549  1.00 43.57           C
ATOM    580  C   SER A  74     -29.032 -16.974  71.758  1.00 50.46           C
ATOM    581  O   SER A  74     -28.083 -17.779  71.784  1.00 52.51           O
ATOM    582  CB  SER A  74     -29.654 -15.639  69.744  1.00 48.36           C
ATOM    583  OG  SER A  74     -30.524 -15.613  68.635  1.00 60.90           O
ATOM    584  O   LYS A  75     -28.334 -16.929  76.160  1.00 39.85           O
ATOM    585  N   LYS A  75     -29.291 -16.123  72.754  1.00 40.62           N
ATOM    586  CA  LYS A  75     -28.494 -15.995  73.967  1.00 44.56           C
ATOM    587  C   LYS A  75     -28.929 -16.951  75.076  1.00 39.19           C
ATOM    588  CB  LYS A  75     -28.574 -14.552  74.490  1.00 42.65           C
ATOM    589  CG  LYS A  75     -28.087 -13.508  73.502  1.00 48.05           C
ATOM    590  CD  LYS A  75     -28.250 -12.099  74.045  1.00 49.13           C
ATOM    591  CE  LYS A  75     -28.043 -11.079  72.924  1.00 55.25           C
ATOM    592  NZ  LYS A  75     -27.500  -9.765  73.364  1.00 55.09           N
ATOM    593  N   ASN A  76     -29.936 -17.793  74.823  1.00 43.17           N
ATOM    594  CA  ASN A  76     -30.578 -18.625  75.845  1.00 36.87           C
ATOM    595  C   ASN A  76     -30.949 -17.780  77.073  1.00 35.94           C
ATOM    596  O   ASN A  76     -30.668 -18.130  78.221  1.00 33.33           O
ATOM    597  CB  ASN A  76     -29.696 -19.823  76.213  1.00 32.65           C
ATOM    598  CG  ASN A  76     -29.729 -20.940  75.144  1.00 41.58           C
ATOM    599  OD1 ASN A  76     -30.207 -20.738  74.016  1.00 42.66           O
ATOM    600  ND2 ASN A  76     -29.215 -22.117  75.500  1.00 36.55           N
ATOM    601  N   GLN A  77     -31.635 -16.668  76.813  1.00 29.24           N
ATOM    602  CA  GLN A  77     -32.064 -15.729  77.828  1.00 28.20           C
ATOM    603  C   GLN A  77     -33.578 -15.515  77.767  1.00 32.38           C
ATOM    604  O   GLN A  77     -34.233 -15.760  76.747  1.00 32.97           O
ATOM    605  CB  GLN A  77     -31.365 -14.391  77.668  1.00 31.15           C
ATOM    606  CG  GLN A  77     -29.894 -14.376  78.032  1.00 35.97           C
ATOM    607  CD  GLN A  77     -29.313 -12.956  77.951  1.00 39.65           C
ATOM    608  OE1 GLN A  77     -29.979 -12.017  77.502  1.00 40.22           O
ATOM    609  NE2 GLN A  77     -28.096 -12.792  78.433  1.00 41.23           N
ATOM    610  N   PHE A  78     -34.148 -15.096  78.891  1.00 24.83           N
ATOM    611  CA  PHE A  78     -35.544 -14.682  78.904  1.00 30.44           C
ATOM    612  C   PHE A  78     -35.711 -13.657  80.014  1.00 28.14           C
ATOM    613  O   PHE A  78     -34.863 -13.544  80.899  1.00 29.63           O
ATOM    614  CB  PHE A  78     -36.519 -15.877  79.038  1.00 27.85           C
ATOM    615  CG  PHE A  78     -36.399 -16.648  80.334  1.00 29.82           C
ATOM    616  CD1 PHE A  78     -35.434 -17.641  80.482  1.00 28.03           C
ATOM    617  CD2 PHE A  78     -37.290 -16.414  81.385  1.00 27.75           C
ATOM    618  CE1 PHE A  78     -35.334 -18.366  81.658  1.00 28.84           C
ATOM    619  CE2 PHE A  78     -37.201 -17.127  82.571  1.00 29.25           C
ATOM    620  CZ  PHE A  78     -36.224 -18.108  82.713  1.00 31.58           C
ATOM    621  N   SER A  79     -36.779 -12.866  79.933  1.00 27.98           N
ATOM    622  CA  SER A  79     -36.845 -11.640  80.717  1.00 29.89           C
ATOM    623  C   SER A  79     -38.230 -11.432  81.299  1.00 27.88           C
ATOM    624  O   SER A  79     -39.225 -11.992  80.827  1.00 27.43           O
ATOM    625  CB  SER A  79     -36.437 -10.410  79.881  1.00 27.31           C
ATOM    626  OG  SER A  79     -35.076 -10.523  79.495  1.00 33.81           O
ATOM    627  N   LEU A  80     -38.270 -10.585  82.327  1.00 24.79           N
ATOM    628  CA  LEU A  80     -39.503 -10.224  82.998  1.00 25.66           C
ATOM    629  C   LEU A  80     -39.605  -8.711  83.069  1.00 30.62           C
ATOM    630  O   LEU A  80     -38.669  -8.045  83.525  1.00 32.93           O
ATOM    631  CB  LEU A  80     -39.563 -10.806  84.409  1.00 30.64           C
ATOM    632  CG  LEU A  80     -40.803 -10.348  85.179  1.00 29.58           C
ATOM    633  CD2 LEU A  80     -40.702 -10.668  86.648  1.00 29.00           C
ATOM    634  CD1 LEU A  80     -42.002 -11.007  84.558  1.00 27.41           C
ATOM    635  N   LYS A  81     -40.750  -8.174  82.655  1.00 30.10           N
ATOM    636  CA  LYS A  81     -41.086  -6.769  82.845  1.00 30.96           C
ATOM    637  C   LYS A  81     -42.340  -6.677  83.705  1.00 30.22           C
```

```
ATOM    638  O   LYS A  81     -43.320  -7.382  83.453  1.00 32.80           O
ATOM    639  CB  LYS A  81     -41.299  -6.065  81.499  1.00 30.39           C
ATOM    640  CG  LYS A  81     -40.033  -5.832  80.708  1.00 30.35           C
ATOM    641  CD  LYS A  81     -39.381  -4.518  81.077  1.00 41.11           C
ATOM    642  CE  LYS A  81     -38.053  -4.352  80.368  1.00 43.35           C
ATOM    643  NZ  LYS A  81     -38.187  -4.617  78.920  1.00 51.59           N
ATOM    644  N   LEU A  82     -42.298  -5.837  84.739  1.00 30.39           N
ATOM    645  CA  LEU A  82     -43.450  -5.573  85.601  1.00 29.80           C
ATOM    646  C   LEU A  82     -43.573  -4.071  85.755  1.00 32.85           C
ATOM    647  O   LEU A  82     -42.697  -3.440  86.352  1.00 31.95           O
ATOM    648  CB  LEU A  82     -43.304  -6.239  86.968  1.00 32.00           C
ATOM    649  CG  LEU A  82     -44.442  -6.002  87.959  1.00 32.12           C
ATOM    650  CD1 LEU A  82     -45.711  -6.714  87.526  1.00 26.83           C
ATOM    651  CD2 LEU A  82     -44.016  -6.435  89.349  1.00 28.77           C
ATOM    652  N   ARG A  83     -44.645  -3.505  85.209  1.00 35.72           N
ATOM    653  CA  ARG A  83     -44.790  -2.062  85.113  1.00 33.38           C
ATOM    654  C   ARG A  83     -45.506  -1.514  86.344  1.00 34.77           C
ATOM    655  O   ARG A  83     -46.221  -2.234  87.051  1.00 37.08           O
ATOM    656  CB  ARG A  83     -45.556  -1.686  83.838  1.00 30.94           C
ATOM    657  CG  ARG A  83     -44.709  -1.827  82.572  1.00 31.53           C
ATOM    658  CD  ARG A  83     -45.526  -1.799  81.301  1.00 34.78           C
ATOM    659  NE  ARG A  83     -46.273  -3.036  81.049  1.00 36.35           N
ATOM    660  CZ  ARG A  83     -45.806  -4.149  80.484  1.00 32.43           C
ATOM    661  NH1 ARG A  83     -46.625  -5.178  80.327  1.00 35.09           N
ATOM    662  NH2 ARG A  83     -44.550  -4.257  80.084  1.00 29.31           N
ATOM    663  N   SER A  84     -45.335  -0.214  86.571  1.00 37.19           N
ATOM    664  CA  SER A  84     -46.105   0.534  87.573  1.00 35.36           C
ATOM    665  C   SER A  84     -46.068  -0.152  88.936  1.00 39.37           C
ATOM    666  O   SER A  84     -47.092  -0.470  89.546  1.00 39.10           O
ATOM    667  CB  SER A  84     -47.548   0.713  87.111  1.00 33.54           C
ATOM    668  OG  SER A  84     -47.598   1.374  85.864  1.00 48.40           O
ATOM    669  N   VAL A  85     -44.868  -0.296  89.432  1.00 35.87           N
ATOM    670  CA  VAL A  85     -44.588  -1.159  90.568  1.00 36.45           C
ATOM    671  C   VAL A  85     -44.889  -0.417  91.872  1.00 34.18           C
ATOM    672  O   VAL A  85     -44.767   0.807  91.943  1.00 36.97           O
ATOM    673  CB  VAL A  85     -43.117  -1.606  90.424  1.00 35.38           C
ATOM    674  CG1 VAL A  85     -42.214  -0.855  91.349  1.00 36.25           C
ATOM    675  CG2 VAL A  85     -42.981  -3.082  90.543  1.00 34.41           C
ATOM    676  N   THR A  86     -45.346  -1.130  92.907  1.00 36.49           N
ATOM    677  CA  THR A  86     -45.612  -0.502  94.212  1.00 32.44           C
ATOM    678  C   THR A  86     -44.908  -1.279  95.326  1.00 33.48           C
ATOM    679  O   THR A  86     -44.209  -2.271  95.087  1.00 34.30           O
ATOM    680  CB  THR A  86     -47.107  -0.413  94.556  1.00 32.14           C
ATOM    681  OG1 THR A  86     -47.526  -1.616  95.204  1.00 36.59           O
ATOM    682  CG2 THR A  86     -47.956  -0.200  93.321  1.00 27.41           C
ATOM    683  N   ALA A  87     -45.082  -0.810  96.565  1.00 35.31           N
ATOM    684  CA  ALA A  87     -44.442  -1.484  97.698  1.00 33.73           C
ATOM    685  C   ALA A  87     -44.927  -2.921  97.822  1.00 31.88           C
ATOM    686  O   ALA A  87     -44.184  -3.798  98.273  1.00 31.04           O
ATOM    687  CB  ALA A  87     -44.701  -0.719  98.996  1.00 25.59           C
ATOM    688  N   ALA A  88     -46.161  -3.186  97.408  1.00 30.13           N
ATOM    689  CA  ALA A  88     -46.689  -4.537  97.438  1.00 27.33           C
ATOM    690  C   ALA A  88     -45.962  -5.482  96.487  1.00 29.67           C
ATOM    691  O   ALA A  88     -46.226  -6.681  96.532  1.00 32.42           O
ATOM    692  CB  ALA A  88     -48.185  -4.510  97.113  1.00 20.61           C
ATOM    693  N   ASP A  89     -45.073  -4.987  95.628  1.00 29.86           N
ATOM    694  CA  ASP A  89     -44.275  -5.840  94.756  1.00 27.31           C
ATOM    695  C   ASP A  89     -42.892  -6.166  95.332  1.00 29.16           C
ATOM    696  O   ASP A  89     -42.057  -6.737  94.618  1.00 28.53           O
ATOM    697  CB  ASP A  89     -44.141  -5.200  93.359  1.00 31.57           C
ATOM    698  CG  ASP A  89     -45.504  -4.988  92.660  1.00 35.37           C
ATOM    699  OD1 ASP A  89     -46.204  -5.990  92.421  1.00 36.17           O
ATOM    700  OD2 ASP A  89     -45.880  -3.830  92.332  1.00 34.69           O1-
ATOM    701  N   THR A  90     -42.616  -5.798  96.590  1.00 31.96           N
ATOM    702  CA  THR A  90     -41.400  -6.246  97.270  1.00 27.24           C
ATOM    703  C   THR A  90     -41.440  -7.754  97.476  1.00 25.30           C
ATOM    704  O   THR A  90     -42.379  -8.277  98.074  1.00 30.54           O
ATOM    705  CB  THR A  90     -41.237  -5.541  98.604  1.00 25.80           C
ATOM    706  OG1 THR A  90     -40.966  -4.159  98.369  1.00 34.42           O
ATOM    707  CG2 THR A  90     -40.111  -6.162  99.391  1.00 23.83           C
ATOM    708  N   ALA A  91     -40.460  -8.455  96.928  1.00 26.62           N
```

```
ATOM    709  CA  ALA A  91     -40.455  -9.906  96.947  1.00 26.31           C
ATOM    710  C   ALA A  91     -39.136 -10.402  96.385  1.00 31.03           C
ATOM    711  O   ALA A  91     -38.386  -9.658  95.738  1.00 27.14           O
ATOM    712  CB  ALA A  91     -41.605 -10.497  96.134  1.00 25.43           C
ATOM    713  N   VAL A  92     -38.876 -11.680  96.632  1.00 31.34           N
ATOM    714  CA  VAL A  92     -37.860 -12.385  95.875  1.00 31.22           C
ATOM    715  C   VAL A  92     -38.510 -12.880  94.591  1.00 32.03           C
ATOM    716  O   VAL A  92     -39.615 -13.429  94.616  1.00 32.99           O
ATOM    717  CB  VAL A  92     -37.243 -13.525  96.695  1.00 25.83           C
ATOM    718  CG1 VAL A  92     -36.306 -14.333  95.817  1.00 27.86           C
ATOM    719  CG2 VAL A  92     -36.479 -12.962  97.892  1.00 20.30           C
ATOM    720  N   TYR A  93     -37.871 -12.596  93.460  1.00 31.17           N
ATOM    721  CA  TYR A  93     -38.321 -13.013  92.141  1.00 25.61           C
ATOM    722  C   TYR A  93     -37.385 -14.112  91.680  1.00 27.44           C
ATOM    723  O   TYR A  93     -36.167 -13.932  91.702  1.00 29.84           O
ATOM    724  CB  TYR A  93     -38.327 -11.832  91.166  1.00 24.64           C
ATOM    725  CG  TYR A  93     -39.424 -10.852  91.484  1.00 26.39           C
ATOM    726  CD1 TYR A  93     -39.346 -10.047  92.606  1.00 24.17           C
ATOM    727  CD2 TYR A  93     -40.556 -10.756  90.675  1.00 29.39           C
ATOM    728  CE1 TYR A  93     -40.360  -9.180  92.927  1.00 30.45           C
ATOM    729  CE2 TYR A  93     -41.573  -9.886  90.974  1.00 28.95           C
ATOM    730  CZ  TYR A  93     -41.470  -9.096  92.108  1.00 30.87           C
ATOM    731  OH  TYR A  93     -42.478  -8.228  92.442  1.00 29.44           O
ATOM    732  N   TYR A  94     -37.946 -15.271  91.356  1.00 27.38           N
ATOM    733  CA  TYR A  94     -37.195 -16.387  90.803  1.00 27.27           C
ATOM    734  C   TYR A  94     -37.582 -16.602  89.347  1.00 27.79           C
ATOM    735  O   TYR A  94     -38.728 -16.360  88.943  1.00 25.82           O
ATOM    736  CB  TYR A  94     -37.453 -17.695  91.544  1.00 24.75           C
ATOM    737  CG  TYR A  94     -37.170 -17.737  92.995  1.00 23.43           C
ATOM    738  CD1 TYR A  94     -35.885 -17.935  93.462  1.00 28.16           C
ATOM    739  CD2 TYR A  94     -38.199 -17.643  93.910  1.00 25.00           C
ATOM    740  CE1 TYR A  94     -35.621 -18.000  94.820  1.00 32.06           C
ATOM    741  CE2 TYR A  94     -37.955 -17.702  95.271  1.00 29.99           C
ATOM    742  CZ  TYR A  94     -36.666 -17.881  95.720  1.00 33.84           C
ATOM    743  OH  TYR A  94     -36.428 -17.954  97.069  1.00 39.80           O
ATOM    744  N   CYS A  95     -36.618 -17.046  88.560  1.00 23.05           N
ATOM    745  CA  CYS A  95     -36.940 -17.717  87.319  1.00 26.62           C
ATOM    746  C   CYS A  95     -36.809 -19.212  87.547  1.00 27.72           C
ATOM    747  O   CYS A  95     -36.050 -19.661  88.416  1.00 27.65           O
ATOM    748  CB  CYS A  95     -36.029 -17.289  86.177  1.00 33.36           C
ATOM    749  SG  CYS A  95     -34.315 -17.693  86.436  1.00 42.59           S
ATOM    750  N   ALA A  96     -37.549 -19.988  86.766  1.00 25.63           N
ATOM    751  CA  ALA A  96     -37.488 -21.432  86.941  1.00 24.92           C
ATOM    752  C   ALA A  96     -37.693 -22.118  85.603  1.00 23.67           C
ATOM    753  O   ALA A  96     -38.234 -21.545  84.650  1.00 22.72           O
ATOM    754  CB  ALA A  96     -38.514 -21.933  87.971  1.00 20.77           C
ATOM    755  N   ARG A  97     -37.232 -23.359  85.549  1.00 29.65           N
ATOM    756  CA  ARG A  97     -37.442 -24.222  84.397  1.00 27.16           C
ATOM    757  C   ARG A  97     -38.707 -25.049  84.601  1.00 25.26           C
ATOM    758  O   ARG A  97     -38.796 -25.837  85.543  1.00 26.21           O
ATOM    759  CB  ARG A  97     -36.241 -25.141  84.199  1.00 28.02           C
ATOM    760  CG  ARG A  97     -36.333 -25.943  82.927  1.00 30.37           C
ATOM    761  CD  ARG A  97     -35.057 -26.647  82.678  1.00 30.79           C
ATOM    762  NE  ARG A  97     -35.199 -28.067  82.916  1.00 37.06           N
ATOM    763  CZ  ARG A  97     -34.181 -28.869  83.182  1.00 41.04           C
ATOM    764  NH1 ARG A  97     -32.962 -28.358  83.257  1.00 44.36           N
ATOM    765  NH2 ARG A  97     -34.378 -30.172  83.387  1.00 43.81           N
ATOM    766  N   ASP A  98     -39.663 -24.894  83.701  1.00 28.03           N
ATOM    767  CA  ASP A  98     -40.928 -25.608  83.765  1.00 28.42           C
ATOM    768  C   ASP A  98     -40.781 -26.830  82.871  1.00 29.02           C
ATOM    769  O   ASP A  98     -40.568 -26.690  81.661  1.00 30.24           O
ATOM    770  CB  ASP A  98     -42.074 -24.693  83.315  1.00 28.02           C
ATOM    771  CG  ASP A  98     -43.460 -25.253  83.615  1.00 32.08           C
ATOM    772  OD2 ASP A  98     -44.210 -24.615  84.387  1.00 34.95           O
ATOM    773  OD1 ASP A  98     -43.837 -26.292  83.050  1.00 33.28           O
ATOM    774  N   TYR A  99     -40.940 -28.023  83.458  1.00 30.78           N
ATOM    775  CA  TYR A  99     -40.738 -29.329  82.815  1.00 30.04           C
ATOM    776  C   TYR A  99     -41.625 -30.324  83.561  1.00 33.93           C
ATOM    777  O   TYR A  99     -41.159 -31.204  84.293  1.00 38.31           O
ATOM    778  CB  TYR A  99     -39.272 -29.767  82.827  1.00 29.21           C
ATOM    779  CG  TYR A  99     -38.929 -30.840  81.794  1.00 34.85           C
```

```
ATOM    780  CD1 TYR A  99     -39.322 -30.698  80.458  1.00 35.04           C
ATOM    781  CD2 TYR A  99     -38.133 -31.940  82.127  1.00 32.30           C
ATOM    782  CE1 TYR A  99     -38.982 -31.651  79.496  1.00 36.24           C
ATOM    783  CE2 TYR A  99     -37.783 -32.896  81.172  1.00 28.54           C
ATOM    784  CZ  TYR A  99     -38.209 -32.749  79.865  1.00 35.98           C
ATOM    785  OH  TYR A  99     -37.874 -33.692  78.917  1.00 34.12           O
ATOM    786  N   GLY A 100     -42.933 -30.172  83.358  1.00 28.51           N
ATOM    787  CA  GLY A 100     -43.910 -30.735  84.262  1.00 24.10           C
ATOM    788  C   GLY A 100     -44.030 -29.821  85.465  1.00 27.81           C
ATOM    789  O   GLY A 100     -44.871 -28.922  85.491  1.00 27.49           O
ATOM    790  N   ALA A 101     -43.179 -30.038  86.462  1.00 27.49           N
ATOM    791  CA  ALA A 101     -43.007 -29.155  87.602  1.00 27.47           C
ATOM    792  C   ALA A 101     -41.783 -28.256  87.421  1.00 30.09           C
ATOM    793  O   ALA A 101     -41.094 -28.287  86.395  1.00 27.64           O
ATOM    794  CB  ALA A 101     -42.895 -29.967  88.884  1.00 25.99           C
ATOM    795  N   PHE A 102     -41.526 -27.427  88.434  1.00 23.58           N
ATOM    796  CA  PHE A 102     -40.378 -26.521  88.429  1.00 29.82           C
ATOM    797  C   PHE A 102     -39.181 -27.242  89.042  1.00 28.21           C
ATOM    798  O   PHE A 102     -39.007 -27.255  90.268  1.00 26.65           O
ATOM    799  CB  PHE A 102     -40.704 -25.241  89.185  1.00 24.30           C
ATOM    800  CG  PHE A 102     -41.831 -24.469  88.585  1.00 29.71           C
ATOM    801  CD1 PHE A 102     -41.705 -23.921  87.306  1.00 27.01           C
ATOM    802  CD2 PHE A 102     -43.012 -24.265  89.297  1.00 28.29           C
ATOM    803  CE1 PHE A 102     -42.719 -23.201  86.752  1.00 23.76           C
ATOM    804  CE2 PHE A 102     -44.047 -23.538  88.738  1.00 27.29           C
ATOM    805  CZ  PHE A 102     -43.897 -23.010  87.461  1.00 27.69           C
ATOM    806  N   ASP A 103     -38.333 -27.818  88.179  1.00 24.44           N
ATOM    807  CA  ASP A 103     -37.235 -28.648  88.657  1.00 28.27           C
ATOM    808  C   ASP A 103     -35.943 -27.887  88.873  1.00 27.03           C
ATOM    809  O   ASP A 103     -35.131 -28.306  89.693  1.00 37.49           O
ATOM    810  CB  ASP A 103     -36.989 -29.838  87.721  1.00 31.73           C
ATOM    811  CG  ASP A 103     -36.673 -29.436  86.302  1.00 39.51           C
ATOM    812  OD1 ASP A 103     -36.346 -28.251  86.038  1.00 36.08           O
ATOM    813  OD2 ASP A 103     -36.735 -30.340  85.438  1.00 44.53           O1-
ATOM    814  N   ILE A 104     -35.734 -26.768  88.205  1.00 32.07           N
ATOM    815  CA  ILE A 104     -34.562 -25.951  88.461  1.00 32.48           C
ATOM    816  C   ILE A 104     -35.014 -24.530  88.674  1.00 30.55           C
ATOM    817  O   ILE A 104     -35.832 -24.011  87.910  1.00 32.04           O
ATOM    818  CB  ILE A 104     -33.537 -25.999  87.318  1.00 33.95           C
ATOM    819  CG1 ILE A 104     -33.052 -27.421  87.124  1.00 31.05           C
ATOM    820  CG2 ILE A 104     -32.357 -25.103  87.642  1.00 29.90           C
ATOM    821  CD1 ILE A 104     -32.035 -27.491  86.097  1.00 37.82           C
ATOM    822  N   TRP A 105     -34.437 -23.891  89.678  1.00 30.90           N
ATOM    823  CA  TRP A 105     -34.761 -22.534  90.062  1.00 29.84           C
ATOM    824  C   TRP A 105     -33.493 -21.703  90.002  1.00 35.42           C
ATOM    825  O   TRP A 105     -32.384 -22.226  90.145  1.00 32.10           O
ATOM    826  CB  TRP A 105     -35.340 -22.469  91.479  1.00 30.72           C
ATOM    827  CG  TRP A 105     -36.660 -23.174  91.650  1.00 28.36           C
ATOM    828  CD1 TRP A 105     -36.900 -24.508  91.535  1.00 26.86           C
ATOM    829  CD2 TRP A 105     -37.906 -22.570  92.029  1.00 27.83           C
ATOM    830  NE1 TRP A 105     -38.221 -24.775  91.787  1.00 26.76           N
ATOM    831  CE2 TRP A 105     -38.862 -23.601  92.093  1.00 27.46           C
ATOM    832  CE3 TRP A 105     -38.306 -21.246  92.305  1.00 24.64           C
ATOM    833  CZ2 TRP A 105     -40.203 -23.359  92.425  1.00 26.14           C
ATOM    834  CZ3 TRP A 105     -39.632 -21.002  92.628  1.00 26.09           C
ATOM    835  CH2 TRP A 105     -40.569 -22.052  92.682  1.00 27.22           C
ATOM    836  N   GLY A 106     -33.675 -20.409  89.739  1.00 36.95           N
ATOM    837  CA  GLY A 106     -32.621 -19.444  89.932  1.00 30.80           C
ATOM    838  C   GLY A 106     -32.355 -19.129  91.400  1.00 35.16           C
ATOM    839  O   GLY A 106     -33.108 -19.455  92.312  1.00 36.82           O
ATOM    840  N   GLN A 107     -31.218 -18.464  91.603  1.00 47.39           N
ATOM    841  CA  GLN A 107     -30.810 -17.934  92.899  1.00 36.74           C
ATOM    842  C   GLN A 107     -31.901 -17.089  93.533  1.00 39.96           C
ATOM    843  O   GLN A 107     -32.042 -17.063  94.766  1.00 42.16           O
ATOM    844  CB  GLN A 107     -29.557 -17.093  92.676  1.00 42.92           C
ATOM    845  CG  GLN A 107     -29.167 -17.061  91.154  1.00 49.03           C
ATOM    846  CD  GLN A 107     -28.508 -15.762  90.696  1.00 54.29           C
ATOM    847  OE1 GLN A 107     -28.954 -14.661  91.047  1.00 58.14           O
ATOM    848  NE2 GLN A 107     -27.442 -15.886  89.898  1.00 50.79           N
ATOM    849  N   GLY A 108     -32.681 -16.410  92.707  1.00 31.86           N
ATOM    850  CA  GLY A 108     -33.598 -15.378  93.128  1.00 27.03           C
```

```
ATOM    851  C   GLY A 108     -32.949 -14.010  93.074  1.00 30.24           C
ATOM    852  O   GLY A 108     -31.729 -13.864  93.142  1.00 37.43           O
ATOM    853  N   THR A 109     -33.797 -12.994  92.950  1.00 25.96           N
ATOM    854  CA  THR A 109     -33.387 -11.598  92.963  1.00 27.32           C
ATOM    855  C   THR A 109     -34.249 -10.910  94.000  1.00 31.41           C
ATOM    856  O   THR A 109     -35.475 -10.935  93.890  1.00 32.07           O
ATOM    857  CB  THR A 109     -33.582 -10.910  91.604  1.00 34.49           C
ATOM    858  OG1 THR A 109     -32.815 -11.575  90.587  1.00 40.25           O
ATOM    859  CG2 THR A 109     -33.151  -9.449  91.696  1.00 26.29           C
ATOM    860  N   MET A 110     -33.618 -10.317  95.010  1.00 34.98           N
ATOM    861  CA  MET A 110     -34.341  -9.610  96.058  1.00 32.57           C
ATOM    862  C   MET A 110     -34.744  -8.234  95.546  1.00 36.42           C
ATOM    863  O   MET A 110     -33.881  -7.407  95.236  1.00 38.21           O
ATOM    864  CB  MET A 110     -33.471  -9.495  97.301  1.00 32.17           C
ATOM    865  CG  MET A 110     -34.222  -9.231  98.593  1.00 40.32           C
ATOM    866  SD  MET A 110     -33.067  -9.017  99.988  1.00 67.95           S
ATOM    867  CE  MET A 110     -31.758 -10.224  99.627  1.00 33.01           C
ATOM    868  N   VAL A 111     -36.046  -7.977  95.455  1.00 33.03           N
ATOM    869  CA  VAL A 111     -36.549  -6.745  94.860  1.00 33.46           C
ATOM    870  C   VAL A 111     -37.261  -5.962  95.940  1.00 32.80           C
ATOM    871  O   VAL A 111     -38.250  -6.441  96.502  1.00 34.50           O
ATOM    872  CB  VAL A 111     -37.500  -7.004  93.679  1.00 34.14           C
ATOM    873  CG1 VAL A 111     -38.216  -5.736  93.323  1.00 25.66           C
ATOM    874  CG2 VAL A 111     -36.748  -7.559  92.470  1.00 30.59           C
ATOM    875  N   THR A 112     -36.777  -4.756  96.211  1.00 33.30           N
ATOM    876  CA  THR A 112     -37.383  -3.856  97.176  1.00 31.95           C
ATOM    877  C   THR A 112     -37.950  -2.664  96.425  1.00 36.12           C
ATOM    878  O   THR A 112     -37.249  -2.038  95.621  1.00 37.45           O
ATOM    879  CB  THR A 112     -36.362  -3.387  98.207  1.00 31.08           C
ATOM    880  OG1 THR A 112     -35.660  -4.523  98.708  1.00 33.39           O
ATOM    881  CG2 THR A 112     -37.042  -2.661  99.366  1.00 29.77           C
ATOM    882  N   VAL A 113     -39.210  -2.344  96.684  1.00 31.43           N
ATOM    883  CA  VAL A 113     -39.827  -1.173  96.089  1.00 36.35           C
ATOM    884  C   VAL A 113     -40.215  -0.226  97.216  1.00 36.75           C
ATOM    885  O   VAL A 113     -41.039  -0.569  98.072  1.00 39.18           O
ATOM    886  CB  VAL A 113     -41.043  -1.550  95.234  1.00 34.86           C
ATOM    887  CG1 VAL A 113     -41.651  -0.305  94.602  1.00 34.99           C
ATOM    888  CG2 VAL A 113     -40.631  -2.533  94.188  1.00 34.01           C
ATOM    889  N   SER A 114     -39.653   0.974  97.192  1.00 36.38           N
ATOM    890  CA  SER A 114     -39.797   1.848  98.340  1.00 36.28           C
ATOM    891  C   SER A 114     -39.395   3.273  97.977  1.00 40.12           C
ATOM    892  O   SER A 114     -38.525   3.507  97.123  1.00 40.70           O
ATOM    893  CB  SER A 114     -38.954   1.341  99.507  1.00 31.28           C
ATOM    894  OG  SER A 114     -38.863   2.336 100.505  1.00 39.09           O
ATOM    895  N   SER A 115     -40.017   4.217  98.672  1.00 38.69           N
ATOM    896  CA  SER A 115     -39.621   5.613  98.576  1.00 42.10           C
ATOM    897  C   SER A 115     -38.296   5.892  99.267  1.00 46.74           C
ATOM    898  O   SER A 115     -37.675   6.920  98.973  1.00 42.92           O
ATOM    899  CB  SER A 115     -40.717   6.490  99.162  1.00 39.28           C
ATOM    900  OG  SER A 115     -41.885   6.392  98.349  1.00 47.59           O
ATOM    901  N   ALA A 116     -37.853   5.008 100.168  1.00 39.54           N
ATOM    902  CA  ALA A 116     -36.656   5.257 100.954  1.00 35.81           C
ATOM    903  C   ALA A 116     -35.417   5.270 100.067  1.00 37.57           C
ATOM    904  O   ALA A 116     -35.411   4.730  98.963  1.00 38.65           O
ATOM    905  CB  ALA A 116     -36.507   4.199 102.035  1.00 35.27           C
ATOM    906  N   SER A 117     -34.347   5.880 100.571  1.00 38.00           N
ATOM    907  CA  SER A 117     -33.079   5.924  99.855  1.00 40.96           C
ATOM    908  C   SER A 117     -32.040   5.082 100.572  1.00 39.82           C
ATOM    909  O   SER A 117     -32.108   4.893 101.790  1.00 40.84           O
ATOM    910  CB  SER A 117     -32.561   7.352  99.715  1.00 38.33           C
ATOM    911  OG  SER A 117     -33.448   8.084  98.896  1.00 52.15           O
ATOM    912  N   THR A 118     -31.078   4.576  99.803  1.00 34.77           N
ATOM    913  CA  THR A 118     -30.059   3.709 100.378  1.00 35.77           C
ATOM    914  C   THR A 118     -29.387   4.392 101.560  1.00 40.75           C
ATOM    915  O   THR A 118     -29.127   5.595 101.535  1.00 45.66           O
ATOM    916  CB  THR A 118     -29.030   3.346  99.320  1.00 33.58           C
ATOM    917  OG1 THR A 118     -29.662   2.534  98.320  1.00 42.35           O
ATOM    918  CG2 THR A 118     -27.854   2.607  99.941  1.00 35.40           C
ATOM    919  N   LYS A 119     -29.152   3.629 102.621  1.00 37.56           N
ATOM    920  CA  LYS A 119     -28.635   4.215 103.848  1.00 36.23           C
ATOM    921  C   LYS A 119     -28.000   3.126 104.697  1.00 36.78           C
```

```
ATOM    922  O   LYS A 119     -28.629   2.100 104.959  1.00 31.04           O
ATOM    923  CB  LYS A 119     -29.742   4.904 104.631  1.00 36.08           C
ATOM    924  CG  LYS A 119     -29.224   5.571 105.867  1.00 32.45           C
ATOM    925  CD  LYS A 119     -30.331   6.005 106.761  1.00 36.11           C
ATOM    926  CE  LYS A 119     -29.719   6.656 107.950  1.00 41.55           C
ATOM    927  NZ  LYS A 119     -28.719   5.693 108.485  1.00 40.27           N1+
ATOM    928  N   GLY A 120     -26.761   3.351 105.115  1.00 32.34           N
ATOM    929  CA  GLY A 120     -26.058   2.407 105.937  1.00 32.74           C
ATOM    930  C   GLY A 120     -26.563   2.417 107.364  1.00 33.41           C
ATOM    931  O   GLY A 120     -27.264   3.331 107.801  1.00 34.70           O
ATOM    932  N   PRO A 121     -26.210   1.393 108.120  1.00 31.38           N
ATOM    933  CA  PRO A 121     -26.705   1.283 109.493  1.00 36.27           C
ATOM    934  C   PRO A 121     -25.863   2.075 110.478  1.00 29.36           C
ATOM    935  O   PRO A 121     -24.723   2.442 110.213  1.00 28.70           O
ATOM    936  CB  PRO A 121     -26.592  -0.217 109.784  1.00 32.75           C
ATOM    937  CG  PRO A 121     -25.450  -0.653 108.950  1.00 31.60           C
ATOM    938  CD  PRO A 121     -25.485   0.190 107.692  1.00 31.22           C
ATOM    939  N   SER A 122     -26.481   2.365 111.614  1.00 28.35           N
ATOM    940  CA  SER A 122     -25.790   2.748 112.834  1.00 27.65           C
ATOM    941  C   SER A 122     -25.766   1.529 113.743  1.00 28.89           C
ATOM    942  O   SER A 122     -26.780   0.843 113.874  1.00 33.72           O
ATOM    943  CB  SER A 122     -26.490   3.915 113.528  1.00 27.60           C
ATOM    944  OG  SER A 122     -26.537   5.035 112.665  1.00 32.84           O
ATOM    945  N   VAL A 123     -24.615   1.239 114.341  1.00 30.13           N
ATOM    946  CA  VAL A 123     -24.439   0.062 115.188  1.00 29.26           C
ATOM    947  C   VAL A 123     -24.266   0.513 116.638  1.00 28.50           C
ATOM    948  O   VAL A 123     -23.290   1.188 116.982  1.00 36.71           O
ATOM    949  CB  VAL A 123     -23.257  -0.800 114.713  1.00 29.30           C
ATOM    950  CG1 VAL A 123     -23.161  -2.079 115.535  1.00 32.16           C
ATOM    951  CG2 VAL A 123     -23.421  -1.143 113.243  1.00 29.73           C
ATOM    952  N   PHE A 124     -25.204   0.154 117.477  1.00 29.11           N
ATOM    953  CA  PHE A 124     -25.117   0.453 118.892  1.00 30.43           C
ATOM    954  C   PHE A 124     -24.914  -0.818 119.710  1.00 30.05           C
ATOM    955  O   PHE A 124     -25.432  -1.871 119.341  1.00 28.55           O
ATOM    956  CB  PHE A 124     -26.387   1.149 119.375  1.00 29.02           C
ATOM    957  CG  PHE A 124     -26.765   2.328 118.559  1.00 31.89           C
ATOM    958  CD1 PHE A 124     -25.952   3.448 118.525  1.00 37.36           C
ATOM    959  CD2 PHE A 124     -27.948   2.345 117.848  1.00 33.36           C
ATOM    960  CE1 PHE A 124     -26.309   4.550 117.784  1.00 33.03           C
ATOM    961  CE2 PHE A 124     -28.307   3.451 117.112  1.00 32.67           C
ATOM    962  CZ  PHE A 124     -27.486   4.548 117.085  1.00 31.27           C
ATOM    963  N   PRO A 125     -24.212  -0.744 120.845  1.00 34.75           N
ATOM    964  CA  PRO A 125     -23.997  -1.942 121.663  1.00 33.50           C
ATOM    965  C   PRO A 125     -25.209  -2.306 122.514  1.00 33.10           C
ATOM    966  O   PRO A 125     -25.956  -1.452 122.991  1.00 31.28           O
ATOM    967  CB  PRO A 125     -22.808  -1.549 122.546  1.00 27.55           C
ATOM    968  CG  PRO A 125     -22.913  -0.105 122.656  1.00 24.38           C
ATOM    969  CD  PRO A 125     -23.459   0.407 121.378  1.00 30.67           C
ATOM    970  N   LEU A 126     -25.395  -3.609 122.688  1.00 29.05           N
ATOM    971  CA  LEU A 126     -26.264  -4.145 123.724  1.00 31.66           C
ATOM    972  C   LEU A 126     -25.315  -4.627 124.801  1.00 33.65           C
ATOM    973  O   LEU A 126     -24.728  -5.701 124.688  1.00 37.65           O
ATOM    974  CB  LEU A 126     -27.167  -5.249 123.195  1.00 30.81           C
ATOM    975  CG  LEU A 126     -27.997  -4.672 122.052  1.00 29.82           C
ATOM    976  CD1 LEU A 126     -28.827  -5.730 121.357  1.00 26.48           C
ATOM    977  CD2 LEU A 126     -28.860  -3.574 122.603  1.00 30.33           C
ATOM    978  N   ALA A 127     -25.143  -3.805 125.835  1.00 38.61           N
ATOM    979  CA  ALA A 127     -24.053  -4.011 126.768  1.00 36.09           C
ATOM    980  C   ALA A 127     -24.399  -5.128 127.738  1.00 40.57           C
ATOM    981  O   ALA A 127     -25.510  -5.137 128.289  1.00 36.21           O
ATOM    982  CB  ALA A 127     -23.763  -2.733 127.529  1.00 35.02           C
ATOM    983  N   PRO A 128     -23.478  -6.062 127.986  1.00 38.34           N
ATOM    984  CA  PRO A 128     -23.759  -7.137 128.941  1.00 45.51           C
ATOM    985  C   PRO A 128     -24.091  -6.569 130.309  1.00 56.56           C
ATOM    986  O   PRO A 128     -23.360  -5.736 130.865  1.00 52.82           O
ATOM    987  CB  PRO A 128     -22.463  -7.953 128.968  1.00 43.58           C
ATOM    988  CG  PRO A 128     -21.433  -7.043 128.440  1.00 45.25           C
ATOM    989  CD  PRO A 128     -22.124  -6.162 127.441  1.00 39.79           C
ATOM    990  N   SER A 129     -25.212  -7.049 130.837  1.00 66.36           N
ATOM    991  CA  SER A 129     -25.759  -6.677 132.128  1.00 72.65           C
ATOM    992  C   SER A 129     -24.673  -6.810 133.195  1.00 76.84           C
```

```
ATOM    993  O   SER A 129     -24.175  -7.914 133.453  1.00 78.41           O
ATOM    994  CB  SER A 129     -26.983  -7.568 132.406  1.00 69.58           C
ATOM    995  OG  SER A 129     -27.910  -7.001 133.309  1.00 70.69           O
ATOM    996  N   SER A 130     -24.252  -5.681 133.776  1.00 77.98           N
ATOM    997  CA  SER A 130     -23.377  -5.731 134.943  1.00 85.61           C
ATOM    998  C   SER A 130     -23.994  -6.604 136.037  1.00 90.91           C
ATOM    999  O   SER A 130     -23.273  -7.223 136.835  1.00 87.54           O
ATOM   1000  CB  SER A 130     -23.089  -4.307 135.444  1.00 90.00           C
ATOM   1001  OG  SER A 130     -24.274  -3.529 135.594  1.00 85.47           O
ATOM   1002  N   LYS A 131     -25.331  -6.708 136.043  1.00 95.09           N
ATOM   1003  CA  LYS A 131     -26.101  -7.524 136.974  1.00 92.61           C
ATOM   1004  C   LYS A 131     -26.337  -8.936 136.436  1.00 92.99           C
ATOM   1005  O   LYS A 131     -27.391  -9.540 136.695  1.00 88.38           O
ATOM   1006  CB  LYS A 131     -27.436  -6.839 137.284  1.00 84.94           C
ATOM   1007  CG  LYS A 131     -27.308  -5.523 138.053  1.00 86.39           C
ATOM   1008  CD  LYS A 131     -28.673  -4.977 138.437  1.00 85.07           C
ATOM   1009  CE  LYS A 131     -28.583  -4.070 139.646  1.00 74.74           C
ATOM   1010  NZ  LYS A 131     -29.939  -3.594 140.022  1.00 70.33           N1+
ATOM   1011  N   SER A 132     -25.386  -9.453 135.655  1.00 91.67           N
ATOM   1012  CA  SER A 132     -25.423 -10.837 135.210  1.00 89.98           C
ATOM   1013  C   SER A 132     -25.152 -11.744 136.398  1.00 95.97           C
ATOM   1014  O   SER A 132     -24.296 -11.439 137.237  1.00 97.89           O
ATOM   1015  CB  SER A 132     -24.366 -11.076 134.130  1.00 80.08           C
ATOM   1016  OG  SER A 132     -24.779 -10.567 132.876  1.00 75.09           O
ATOM   1017  N   THR A 133     -25.903 -12.846 136.495  1.00 96.88           N
ATOM   1018  CA  THR A 133     -25.589 -13.828 137.529  1.00 94.98           C
ATOM   1019  C   THR A 133     -24.133 -14.276 137.346  1.00 90.31           C
ATOM   1020  O   THR A 133     -23.836 -15.107 136.480  1.00 81.64           O
ATOM   1021  CB  THR A 133     -26.595 -15.001 137.481  1.00 90.13           C
ATOM   1022  OG1 THR A 133     -26.943 -15.313 136.117  1.00 86.99           O
ATOM   1023  CG2 THR A 133     -27.872 -14.664 138.271  1.00 77.20           C
ATOM   1024  N   SER A 134     -23.219 -13.722 138.160  1.00 93.80           N
ATOM   1025  CA  SER A 134     -21.784 -13.900 137.935  1.00 90.34           C
ATOM   1026  C   SER A 134     -21.364 -15.323 138.275  1.00 87.03           C
ATOM   1027  O   SER A 134     -21.597 -15.802 139.389  1.00 88.65           O
ATOM   1028  CB  SER A 134     -20.971 -12.892 138.748  1.00 81.79           C
ATOM   1029  OG  SER A 134     -19.872 -12.426 137.986  1.00 69.79           O
ATOM   1030  N   GLY A 135     -20.701 -15.981 137.329  1.00 83.14           N
ATOM   1031  CA  GLY A 135     -20.552 -17.418 137.366  1.00 79.97           C
ATOM   1032  C   GLY A 135     -21.634 -18.150 136.607  1.00 75.17           C
ATOM   1033  O   GLY A 135     -21.672 -19.387 136.643  1.00 70.13           O
ATOM   1034  N   GLY A 136     -22.531 -17.411 135.954  1.00 73.84           N
ATOM   1035  CA  GLY A 136     -23.577 -17.924 135.095  1.00 61.25           C
ATOM   1036  C   GLY A 136     -23.388 -17.420 133.676  1.00 63.22           C
ATOM   1037  O   GLY A 136     -22.265 -17.397 133.152  1.00 56.06           O
ATOM   1038  N   THR A 137     -24.476 -16.996 133.040  1.00 59.59           N
ATOM   1039  CA  THR A 137     -24.446 -16.674 131.626  1.00 48.48           C
ATOM   1040  C   THR A 137     -24.845 -15.227 131.387  1.00 51.06           C
ATOM   1041  O   THR A 137     -25.789 -14.712 132.002  1.00 56.26           O
ATOM   1042  CB  THR A 137     -25.342 -17.624 130.849  1.00 47.89           C
ATOM   1043  OG1 THR A 137     -24.756 -18.935 130.893  1.00 52.57           O
ATOM   1044  CG2 THR A 137     -25.461 -17.182 129.398  1.00 39.41           C
ATOM   1045  N   ALA A 138     -24.088 -14.574 130.510  1.00 44.74           N
ATOM   1046  CA  ALA A 138     -24.313 -13.195 130.117  1.00 41.78           C
ATOM   1047  C   ALA A 138     -24.782 -13.142 128.670  1.00 43.49           C
ATOM   1048  O   ALA A 138     -24.337 -13.933 127.833  1.00 41.75           O
ATOM   1049  CB  ALA A 138     -23.036 -12.369 130.273  1.00 44.03           C
ATOM   1050  N   ALA A 139     -25.689 -12.215 128.384  1.00 43.46           N
ATOM   1051  CA  ALA A 139     -26.067 -11.872 127.022  1.00 39.95           C
ATOM   1052  C   ALA A 139     -25.455 -10.522 126.665  1.00 35.35           C
ATOM   1053  O   ALA A 139     -25.393  -9.618 127.504  1.00 31.47           O
ATOM   1054  CB  ALA A 139     -27.593 -11.827 126.865  1.00 27.83           C
ATOM   1055  N   LEU A 140     -25.005 -10.399 125.419  1.00 30.62           N
ATOM   1056  CA  LEU A 140     -24.563  -9.129 124.863  1.00 32.63           C
ATOM   1057  C   LEU A 140     -24.915  -9.129 123.382  1.00 32.74           C
ATOM   1058  O   LEU A 140     -25.288 -10.161 122.824  1.00 33.31           O
ATOM   1059  CB  LEU A 140     -23.067  -8.925 125.098  1.00 36.31           C
ATOM   1060  CG  LEU A 140     -22.182 -10.012 124.493  1.00 33.45           C
ATOM   1061  CD1 LEU A 140     -21.538  -9.500 123.223  1.00 31.90           C
ATOM   1062  CD2 LEU A 140     -21.146 -10.511 125.497  1.00 33.92           C
ATOM   1063  N   GLY A 141     -24.839  -7.966 122.745  1.00 31.54           N
```

```
ATOM   1064  CA  GLY A 141     -25.151  -7.940 121.332  1.00 28.33           C
ATOM   1065  C   GLY A 141     -24.948  -6.589 120.690  1.00 27.25           C
ATOM   1066  O   GLY A 141     -24.461  -5.640 121.304  1.00 31.88           O
ATOM   1067  N   CYS A 142     -25.353  -6.529 119.428  1.00 25.30           N
ATOM   1068  CA  CYS A 142     -25.336  -5.319 118.623  1.00 28.40           C
ATOM   1069  C   CYS A 142     -26.729  -5.018 118.105  1.00 27.36           C
ATOM   1070  O   CYS A 142     -27.484  -5.930 117.757  1.00 27.52           O
ATOM   1071  CB  CYS A 142     -24.402  -5.447 117.435  1.00 30.69           C
ATOM   1072  SG  CYS A 142     -22.691  -5.228 117.879  1.00 51.18           S
ATOM   1073  N   LEU A 143     -27.056  -3.735 118.049  1.00 27.56           N
ATOM   1074  CA  LEU A 143     -28.293  -3.248 117.460  1.00 27.81           C
ATOM   1075  C   LEU A 143     -27.931  -2.565 116.145  1.00 27.63           C
ATOM   1076  O   LEU A 143     -27.155  -1.613 116.136  1.00 31.79           O
ATOM   1077  CB  LEU A 143     -28.985  -2.274 118.406  1.00 31.36           C
ATOM   1078  CG  LEU A 143     -30.346  -1.766 117.963  1.00 31.23           C
ATOM   1079  CD1 LEU A 143     -31.250  -2.954 117.862  1.00 28.10           C
ATOM   1080  CD2 LEU A 143     -30.899  -0.706 118.886  1.00 32.28           C
ATOM   1081  N   VAL A 144     -28.436  -3.083 115.036  1.00 30.74           N
ATOM   1082  CA  VAL A 144     -28.101  -2.590 113.702  1.00 27.82           C
ATOM   1083  C   VAL A 144     -29.311  -1.800 113.216  1.00 30.66           C
ATOM   1084  O   VAL A 144     -30.289  -2.381 112.744  1.00 30.67           O
ATOM   1085  CB  VAL A 144     -27.732  -3.744 112.769  1.00 28.14           C
ATOM   1086  CG1 VAL A 144     -27.347  -3.252 111.375  1.00 23.30           C
ATOM   1087  CG2 VAL A 144     -26.591  -4.541 113.411  1.00 25.34           C
ATOM   1088  N   LYS A 145     -29.269  -0.470 113.374  1.00 33.19           N
ATOM   1089  CA  LYS A 145     -30.446   0.383 113.245  1.00 31.94           C
ATOM   1090  C   LYS A 145     -30.392   1.292 112.020  1.00 34.55           C
ATOM   1091  O   LYS A 145     -29.322   1.758 111.612  1.00 32.70           O
ATOM   1092  CB  LYS A 145     -30.637   1.229 114.504  1.00 34.83           C
ATOM   1093  CG  LYS A 145     -32.055   1.752 114.654  1.00 39.24           C
ATOM   1094  CD  LYS A 145     -32.309   2.302 116.035  1.00 37.76           C
ATOM   1095  CE  LYS A 145     -33.802   2.550 116.282  1.00 47.55           C
ATOM   1096  NZ  LYS A 145     -34.483   3.453 115.296  1.00 48.57           N1+
ATOM   1097  N   ASP A 146     -31.564   1.494 111.414  1.00 35.65           N
ATOM   1098  CA  ASP A 146     -31.815   2.517 110.399  1.00 31.21           C
ATOM   1099  C   ASP A 146     -30.985   2.308 109.134  1.00 34.08           C
ATOM   1100  O   ASP A 146     -30.204   3.170 108.721  1.00 35.04           O
ATOM   1101  CB  ASP A 146     -31.568   3.919 110.960  1.00 31.93           C
ATOM   1102  CG  ASP A 146     -32.501   4.276 112.097  1.00 39.35           C
ATOM   1103  OD1 ASP A 146     -33.621   3.731 112.154  1.00 37.78           O
ATOM   1104  OD2 ASP A 146     -32.150   5.184 112.878  1.00 48.93           O1-
ATOM   1105  N   TYR A 147     -31.184   1.169 108.490  1.00 35.70           N
ATOM   1106  CA  TYR A 147     -30.527   0.965 107.205  1.00 32.13           C
ATOM   1107  C   TYR A 147     -31.548   0.662 106.127  1.00 30.25           C
ATOM   1108  O   TYR A 147     -32.711   0.385 106.401  1.00 34.62           O
ATOM   1109  CB  TYR A 147     -29.480  -0.146 107.270  1.00 29.22           C
ATOM   1110  CG  TYR A 147     -30.026  -1.497 107.584  1.00 31.09           C
ATOM   1111  CD1 TYR A 147     -30.476  -2.344 106.572  1.00 34.27           C
ATOM   1112  CD2 TYR A 147     -30.068  -1.953 108.896  1.00 31.93           C
ATOM   1113  CE1 TYR A 147     -30.965  -3.615 106.863  1.00 33.60           C
ATOM   1114  CE2 TYR A 147     -30.547  -3.216 109.201  1.00 34.30           C
ATOM   1115  CZ  TYR A 147     -30.998  -4.039 108.186  1.00 35.75           C
ATOM   1116  OH  TYR A 147     -31.474  -5.283 108.511  1.00 33.90           O
ATOM   1117  N   PHE A 148     -31.087   0.720 104.889  1.00 36.14           N
ATOM   1118  CA  PHE A 148     -31.931   0.444 103.740  1.00 36.37           C
ATOM   1119  C   PHE A 148     -31.063   0.353 102.506  1.00 35.17           C
ATOM   1120  O   PHE A 148     -30.171   1.168 102.324  1.00 40.37           O
ATOM   1121  CB  PHE A 148     -32.994   1.533 103.573  1.00 35.29           C
ATOM   1122  CG  PHE A 148     -33.914   1.300 102.429  1.00 38.94           C
ATOM   1123  CD2 PHE A 148     -33.582   1.733 101.154  1.00 37.28           C
ATOM   1124  CD1 PHE A 148     -35.116   0.633 102.619  1.00 43.66           C
ATOM   1125  CE2 PHE A 148     -34.431   1.509 100.090  1.00 40.33           C
ATOM   1126  CE1 PHE A 148     -35.980   0.405 101.558  1.00 40.99           C
ATOM   1127  CZ  PHE A 148     -35.632   0.843 100.288  1.00 41.29           C
ATOM   1128  N   PRO A 149     -31.317  -0.641 101.646  1.00 38.61           N
ATOM   1129  CA  PRO A 149     -32.320  -1.693 101.818  1.00 36.40           C
ATOM   1130  C   PRO A 149     -31.736  -2.913 102.534  1.00 32.84           C
ATOM   1131  O   PRO A 149     -30.607  -2.867 103.010  1.00 32.70           O
ATOM   1132  CB  PRO A 149     -32.679  -2.036 100.378  1.00 36.43           C
ATOM   1133  CG  PRO A 149     -31.331  -1.921  99.683  1.00 33.06           C
ATOM   1134  CD  PRO A 149     -30.649  -0.743 100.332  1.00 34.54           C
```

```
ATOM   1135  N   GLU A 150     -32.499  -3.995 102.601  1.00 33.19           N
ATOM   1136  CA  GLU A 150     -31.952  -5.302 102.970  1.00 32.31           C
ATOM   1137  C   GLU A 150     -30.980  -5.788 101.891  1.00 29.80           C
ATOM   1138  O   GLU A 150     -31.160  -5.456 100.713  1.00 29.74           O
ATOM   1139  CB  GLU A 150     -33.087  -6.301 103.166  1.00 28.58           C
ATOM   1140  CG  GLU A 150     -33.977  -6.000 104.360  1.00 29.38           C
ATOM   1141  CD  GLU A 150     -33.563  -6.767 105.602  1.00 39.48           C
ATOM   1142  OE1 GLU A 150     -34.378  -7.590 106.099  1.00 41.15           O
ATOM   1143  OE2 GLU A 150     -32.413  -6.566 106.065  1.00 41.49           O1-
ATOM   1144  N   PRO A 151     -29.992  -6.630 102.263  1.00 31.91           N
ATOM   1145  CA  PRO A 151     -29.735  -7.230 103.581  1.00 31.76           C
ATOM   1146  C   PRO A 151     -28.502  -6.701 104.317  1.00 35.19           C
ATOM   1147  O   PRO A 151     -27.684  -5.998 103.713  1.00 34.57           O
ATOM   1148  CB  PRO A 151     -29.510  -8.690 103.223  1.00 23.34           C
ATOM   1149  CG  PRO A 151     -28.788  -8.605 101.939  1.00 20.46           C
ATOM   1150  CD  PRO A 151     -29.218  -7.334 101.225  1.00 25.12           C
ATOM   1151  N   VAL A 152     -28.379  -7.046 105.602  1.00 30.30           N
ATOM   1152  CA  VAL A 152     -27.128  -6.911 106.335  1.00 29.66           C
ATOM   1153  C   VAL A 152     -26.726  -8.297 106.815  1.00 33.28           C
ATOM   1154  O   VAL A 152     -27.580  -9.147 107.078  1.00 31.82           O
ATOM   1155  CB  VAL A 152     -27.221  -5.959 107.550  1.00 31.08           C
ATOM   1156  CG1 VAL A 152     -27.344  -4.523 107.116  1.00 36.88           C
ATOM   1157  CG2 VAL A 152     -28.382  -6.349 108.403  1.00 32.42           C
ATOM   1158  N   THR A 153     -25.419  -8.509 106.967  1.00 32.49           N
ATOM   1159  CA  THR A 153     -24.873  -9.711 107.585  1.00 31.87           C
ATOM   1160  C   THR A 153     -24.123  -9.336 108.858  1.00 33.40           C
ATOM   1161  O   THR A 153     -23.517  -8.264 108.952  1.00 35.81           O
ATOM   1162  CB  THR A 153     -23.924 -10.442 106.644  1.00 27.89           C
ATOM   1163  OG1 THR A 153     -22.904  -9.528 106.239  1.00 36.53           O
ATOM   1164  CG2 THR A 153     -24.676 -10.910 105.408  1.00 29.45           C
ATOM   1165  N   VAL A 154     -24.189 -10.213 109.852  1.00 24.86           N
ATOM   1166  CA  VAL A 154     -23.508 -10.013 111.116  1.00 27.57           C
ATOM   1167  C   VAL A 154     -22.745 -11.281 111.472  1.00 29.28           C
ATOM   1168  O   VAL A 154     -23.316 -12.374 111.480  1.00 35.29           O
ATOM   1169  CB  VAL A 154     -24.499  -9.646 112.240  1.00 30.65           C
ATOM   1170  CG1 VAL A 154     -23.770  -9.393 113.542  1.00 30.74           C
ATOM   1171  CG2 VAL A 154     -25.312  -8.454 111.849  1.00 29.70           C
ATOM   1172  N   SER A 155     -21.463 -11.137 111.766  1.00 29.75           N
ATOM   1173  CA  SER A 155     -20.720 -12.183 112.446  1.00 32.79           C
ATOM   1174  C   SER A 155     -20.100 -11.604 113.711  1.00 36.14           C
ATOM   1175  O   SER A 155     -20.134 -10.393 113.961  1.00 34.64           O
ATOM   1176  CB  SER A 155     -19.648 -12.800 111.550  1.00 28.09           C
ATOM   1177  OG  SER A 155     -18.682 -11.839 111.164  1.00 32.25           O
ATOM   1178  N   TRP A 156     -19.522 -12.495 114.504  1.00 28.20           N
ATOM   1179  CA  TRP A 156     -18.940 -12.149 115.781  1.00 30.93           C
ATOM   1180  C   TRP A 156     -17.495 -12.610 115.807  1.00 35.40           C
ATOM   1181  O   TRP A 156     -17.202 -13.750 115.427  1.00 34.28           O
ATOM   1182  CB  TRP A 156     -19.731 -12.786 116.913  1.00 30.86           C
ATOM   1183  CG  TRP A 156     -20.988 -12.046 117.160  1.00 32.29           C
ATOM   1184  CD1 TRP A 156     -22.184 -12.252 116.553  1.00 32.31           C
ATOM   1185  CD2 TRP A 156     -21.168 -10.939 118.048  1.00 31.77           C
ATOM   1186  NE1 TRP A 156     -23.106 -11.348 117.012  1.00 33.15           N
ATOM   1187  CE2 TRP A 156     -22.508 -10.529 117.933  1.00 31.90           C
ATOM   1188  CE3 TRP A 156     -20.325 -10.253 118.929  1.00 33.09           C
ATOM   1189  CZ2 TRP A 156     -23.037  -9.477 118.679  1.00 29.54           C
ATOM   1190  CZ3 TRP A 156     -20.852  -9.197 119.665  1.00 34.64           C
ATOM   1191  CH2 TRP A 156     -22.199  -8.828 119.539  1.00 31.80           C
ATOM   1192  N   ASN A 157     -16.603 -11.723 116.262  1.00 28.12           N
ATOM   1193  CA  ASN A 157     -15.185 -12.020 116.346  1.00 27.84           C
ATOM   1194  C   ASN A 157     -14.675 -12.543 115.010  1.00 31.80           C
ATOM   1195  O   ASN A 157     -13.925 -13.515 114.956  1.00 33.84           O
ATOM   1196  CB  ASN A 157     -14.888 -13.031 117.461  1.00 29.77           C
ATOM   1197  CG  ASN A 157     -15.039 -12.460 118.845  1.00 26.46           C
ATOM   1198  OD1 ASN A 157     -15.346 -11.294 119.024  1.00 30.29           O
ATOM   1199  ND2 ASN A 157     -14.823 -13.294 119.842  1.00 33.06           N
ATOM   1200  N   SER A 158     -15.102 -11.898 113.922  1.00 31.97           N
ATOM   1201  CA  SER A 158     -14.661 -12.248 112.570  1.00 33.51           C
ATOM   1202  C   SER A 158     -14.956 -13.699 112.215  1.00 36.13           C
ATOM   1203  O   SER A 158     -14.224 -14.307 111.438  1.00 42.62           O
ATOM   1204  CB  SER A 158     -13.170 -11.972 112.375  1.00 28.57           C
ATOM   1205  OG  SER A 158     -12.839 -10.678 112.818  1.00 41.72           O
```

```
ATOM   1206  N   GLY A 159     -16.007 -14.278 112.791  1.00 36.17           N
ATOM   1207  CA  GLY A 159     -16.371 -15.654 112.532  1.00 30.18           C
ATOM   1208  C   GLY A 159     -15.840 -16.648 113.540  1.00 32.92           C
ATOM   1209  O   GLY A 159     -16.226 -17.823 113.497  1.00 29.97           O
ATOM   1210  N   ALA A 160     -14.960 -16.217 114.437  1.00 37.02           N
ATOM   1211  CA  ALA A 160     -14.420 -17.132 115.431  1.00 32.79           C
ATOM   1212  C   ALA A 160     -15.442 -17.476 116.505  1.00 34.92           C
ATOM   1213  O   ALA A 160     -15.345 -18.540 117.121  1.00 48.32           O
ATOM   1214  CB  ALA A 160     -13.164 -16.532 116.061  1.00 28.82           C
ATOM   1215  N   LEU A 161     -16.416 -16.617 116.751  1.00 35.16           N
ATOM   1216  CA  LEU A 161     -17.432 -16.878 117.759  1.00 33.95           C
ATOM   1217  C   LEU A 161     -18.713 -17.278 117.047  1.00 32.88           C
ATOM   1218  O   LEU A 161     -19.239 -16.519 116.234  1.00 35.85           O
ATOM   1219  CB  LEU A 161     -17.653 -15.658 118.648  1.00 30.18           C
ATOM   1220  CG  LEU A 161     -18.778 -15.719 119.683  1.00 35.02           C
ATOM   1221  CD1 LEU A 161     -18.826 -17.042 120.432  1.00 28.23           C
ATOM   1222  CD2 LEU A 161     -18.673 -14.517 120.661  1.00 33.30           C
ATOM   1223  N   THR A 162     -19.233 -18.450 117.394  1.00 39.79           N
ATOM   1224  CA  THR A 162     -20.298 -19.078 116.630  1.00 33.54           C
ATOM   1225  C   THR A 162     -21.336 -19.691 117.569  1.00 32.35           C
ATOM   1226  O   THR A 162     -22.541 -19.506 117.391  1.00 30.46           O
ATOM   1227  CB  THR A 162     -19.662 -20.099 115.669  1.00 33.49           C
ATOM   1228  OG1 THR A 162     -19.956 -19.724 114.318  1.00 27.42           O
ATOM   1229  CG2 THR A 162     -20.098 -21.543 115.959  1.00 34.98           C
ATOM   1230  N   SER A 163     -20.885 -20.391 118.598  1.00 34.58           N
ATOM   1231  CA  SER A 163     -21.813 -20.925 119.583  1.00 35.61           C
ATOM   1232  C   SER A 163     -22.538 -19.785 120.301  1.00 35.40           C
ATOM   1233  O   SER A 163     -21.925 -18.781 120.681  1.00 37.87           O
ATOM   1234  CB  SER A 163     -21.044 -21.799 120.578  1.00 35.71           C
ATOM   1235  OG  SER A 163     -21.864 -22.247 121.633  1.00 43.49           O
ATOM   1236  N   GLY A 164     -23.856 -19.911 120.442  1.00 28.98           N
ATOM   1237  CA  GLY A 164     -24.625 -18.958 121.206  1.00 25.01           C
ATOM   1238  C   GLY A 164     -25.128 -17.744 120.446  1.00 33.29           C
ATOM   1239  O   GLY A 164     -25.869 -16.946 121.031  1.00 33.20           O
ATOM   1240  N   VAL A 165     -24.754 -17.576 119.160  1.00 30.78           N
ATOM   1241  CA  VAL A 165     -25.156 -16.414 118.374  1.00 25.26           C
ATOM   1242  C   VAL A 165     -26.588 -16.586 117.885  1.00 31.13           C
ATOM   1243  O   VAL A 165     -26.998 -17.679 117.480  1.00 36.05           O
ATOM   1244  CB  VAL A 165     -24.189 -16.187 117.195  1.00 24.24           C
ATOM   1245  CG1 VAL A 165     -24.660 -15.030 116.320  1.00 26.94           C
ATOM   1246  CG2 VAL A 165     -22.806 -15.872 117.701  1.00 26.51           C
ATOM   1247  N   HIS A 166     -27.368 -15.507 117.975  1.00 30.95           N
ATOM   1248  CA  HIS A 166     -28.639 -15.358 117.275  1.00 27.16           C
ATOM   1249  C   HIS A 166     -28.634 -14.011 116.567  1.00 29.61           C
ATOM   1250  O   HIS A 166     -28.486 -12.968 117.218  1.00 28.82           O
ATOM   1251  CB  HIS A 166     -29.841 -15.434 118.225  1.00 26.50           C
ATOM   1252  CG  HIS A 166     -29.913 -16.697 119.017  1.00 29.14           C
ATOM   1253  ND1 HIS A 166     -30.069 -17.932 118.430  1.00 31.57           N
ATOM   1254  CD2 HIS A 166     -29.894 -16.914 120.349  1.00 29.50           C
ATOM   1255  CE1 HIS A 166     -30.123 -18.859 119.368  1.00 30.30           C
ATOM   1256  NE2 HIS A 166     -30.025 -18.267 120.541  1.00 29.10           N
ATOM   1257  N   THR A 167     -28.765 -14.030 115.242  1.00 32.27           N
ATOM   1258  CA  THR A 167     -29.023 -12.828 114.457  1.00 30.55           C
ATOM   1259  C   THR A 167     -30.473 -12.820 113.997  1.00 29.36           C
ATOM   1260  O   THR A 167     -30.914 -13.738 113.306  1.00 34.07           O
ATOM   1261  CB  THR A 167     -28.089 -12.737 113.264  1.00 24.74           C
ATOM   1262  OG1 THR A 167     -26.740 -12.697 113.745  1.00 35.43           O
ATOM   1263  CG2 THR A 167     -28.377 -11.481 112.509  1.00 23.22           C
ATOM   1264  N   PHE A 168     -31.182 -11.797 114.351  1.00 28.41           N
ATOM   1265  CA  PHE A 168     -32.626 -11.776 114.226  1.00 28.58           C
ATOM   1266  C   PHE A 168     -33.064 -11.245 112.869  1.00 30.77           C
ATOM   1267  O   PHE A 168     -32.304 -10.564 112.176  1.00 31.27           O
ATOM   1268  CB  PHE A 168     -33.222 -10.953 115.358  1.00 22.95           C
ATOM   1269  CG  PHE A 168     -33.164 -11.654 116.672  1.00 28.82           C
ATOM   1270  CD1 PHE A 168     -34.177 -12.526 117.052  1.00 30.01           C
ATOM   1271  CD2 PHE A 168     -32.089 -11.484 117.521  1.00 26.59           C
ATOM   1272  CE1 PHE A 168     -34.120 -13.192 118.269  1.00 26.13           C
ATOM   1273  CE2 PHE A 168     -32.034 -12.153 118.738  1.00 24.89           C
ATOM   1274  CZ  PHE A 168     -33.047 -12.999 119.109  1.00 25.58           C
ATOM   1275  N   PRO A 169     -34.268 -11.613 112.428  1.00 30.91           N
ATOM   1276  CA  PRO A 169     -34.825 -10.991 111.221  1.00 28.45           C
```

```
ATOM   1277  C   PRO A 169     -35.017  -9.500 111.445  1.00 30.28           C
ATOM   1278  O   PRO A 169     -35.392  -9.063 112.534  1.00 26.91           O
ATOM   1279  CB  PRO A 169     -36.166 -11.705 111.036  1.00 21.98           C
ATOM   1280  CG  PRO A 169     -36.064 -12.951 111.870  1.00 25.73           C
ATOM   1281  CD  PRO A 169     -35.157 -12.642 112.999  1.00 24.24           C
ATOM   1282  N   ALA A 170     -34.718  -8.713 110.419  1.00 29.94           N
ATOM   1283  CA  ALA A 170     -34.909  -7.277 110.530  1.00 28.66           C
ATOM   1284  C   ALA A 170     -36.397  -6.962 110.631  1.00 24.51           C
ATOM   1285  O   ALA A 170     -37.231  -7.715 110.147  1.00 20.86           O
ATOM   1286  CB  ALA A 170     -34.289  -6.564 109.326  1.00 28.82           C
ATOM   1287  N   VAL A 171     -36.725  -5.833 111.264  1.00 25.89           N
ATOM   1288  CA  VAL A 171     -38.070  -5.279 111.200  1.00 24.76           C
ATOM   1289  C   VAL A 171     -38.012  -4.012 110.358  1.00 28.48           C
ATOM   1290  O   VAL A 171     -36.997  -3.307 110.326  1.00 27.98           O
ATOM   1291  CB  VAL A 171     -38.700  -4.967 112.577  1.00 27.45           C
ATOM   1292  CG1 VAL A 171     -38.882  -6.245 113.387  1.00 27.65           C
ATOM   1293  CG2 VAL A 171     -37.913  -3.890 113.334  1.00 27.22           C
ATOM   1294  N   LEU A 172     -39.111  -3.745 109.653  1.00 25.17           N
ATOM   1295  CA  LEU A 172     -39.301  -2.534 108.867  1.00 27.51           C
ATOM   1296  C   LEU A 172     -40.092  -1.517 109.692  1.00 31.05           C
ATOM   1297  O   LEU A 172     -41.270  -1.730 109.995  1.00 33.68           O
ATOM   1298  CB  LEU A 172     -40.015  -2.862 107.565  1.00 27.53           C
ATOM   1299  CG  LEU A 172     -40.360  -1.652 106.713  1.00 31.73           C
ATOM   1300  CD1 LEU A 172     -39.092  -0.851 106.423  1.00 31.62           C
ATOM   1301  CD2 LEU A 172     -41.011  -2.118 105.405  1.00 28.68           C
ATOM   1302  N   GLN A 173     -39.439  -0.422 110.052  1.00 25.80           N
ATOM   1303  CA  GLN A 173     -40.029   0.612 110.877  1.00 31.71           C
ATOM   1304  C   GLN A 173     -40.841   1.595 110.033  1.00 34.79           C
ATOM   1305  O   GLN A 173     -40.706   1.669 108.805  1.00 31.87           O
ATOM   1306  CB  GLN A 173     -38.945   1.372 111.634  1.00 33.05           C
ATOM   1307  CG  GLN A 173     -37.969   0.495 112.392  1.00 33.17           C
ATOM   1308  CD  GLN A 173     -36.669   1.222 112.686  1.00 35.50           C
ATOM   1309  OE1 GLN A 173     -36.309   1.424 113.850  1.00 39.44           O
ATOM   1310  NE2 GLN A 173     -35.960   1.626 111.629  1.00 33.32           N
ATOM   1311  N   SER A 174     -41.681   2.378 110.726  1.00 34.71           N
ATOM   1312  CA  SER A 174     -42.563   3.323 110.049  1.00 30.21           C
ATOM   1313  C   SER A 174     -41.773   4.343 109.245  1.00 31.66           C
ATOM   1314  O   SER A 174     -42.322   4.937 108.314  1.00 34.94           O
ATOM   1315  CB  SER A 174     -43.461   4.017 111.063  1.00 31.49           C
ATOM   1316  OG  SER A 174     -42.708   4.905 111.882  1.00 40.96           O
ATOM   1317  N   SER A 175     -40.480   4.495 109.533  1.00 29.45           N
ATOM   1318  CA  SER A 175     -39.594   5.363 108.769  1.00 29.62           C
ATOM   1319  C   SER A 175     -39.270   4.831 107.374  1.00 37.39           C
ATOM   1320  O   SER A 175     -38.665   5.564 106.581  1.00 35.03           O
ATOM   1321  CB  SER A 175     -38.288   5.558 109.531  1.00 26.45           C
ATOM   1322  OG  SER A 175     -37.522   4.366 109.537  1.00 33.35           O
ATOM   1323  N   GLY A 176     -39.610   3.574 107.068  1.00 33.52           N
ATOM   1324  CA  GLY A 176     -39.139   2.922 105.865  1.00 26.71           C
ATOM   1325  C   GLY A 176     -37.767   2.308 105.988  1.00 28.94           C
ATOM   1326  O   GLY A 176     -37.323   1.632 105.061  1.00 33.48           O
ATOM   1327  N   LEU A 177     -37.105   2.482 107.118  1.00 31.53           N
ATOM   1328  CA  LEU A 177     -35.796   1.912 107.374  1.00 32.69           C
ATOM   1329  C   LEU A 177     -35.924   0.601 108.155  1.00 33.78           C
ATOM   1330  O   LEU A 177     -36.839   0.412 108.965  1.00 27.20           O
ATOM   1331  CB  LEU A 177     -34.937   2.932 108.138  1.00 30.37           C
ATOM   1332  CG  LEU A 177     -34.691   4.252 107.381  1.00 31.43           C
ATOM   1333  CD1 LEU A 177     -33.897   5.220 108.180  1.00 29.09           C
ATOM   1334  CD2 LEU A 177     -33.948   4.024 106.072  1.00 32.81           C
ATOM   1335  N   TYR A 178     -34.979  -0.299 107.915  1.00 32.33           N
ATOM   1336  CA  TYR A 178     -34.938  -1.580 108.601  1.00 31.28           C
ATOM   1337  C   TYR A 178     -34.061  -1.480 109.848  1.00 31.26           C
ATOM   1338  O   TYR A 178     -33.221  -0.589 109.975  1.00 30.90           O
ATOM   1339  CB  TYR A 178     -34.399  -2.679 107.681  1.00 30.14           C
ATOM   1340  CG  TYR A 178     -35.311  -3.040 106.535  1.00 29.91           C
ATOM   1341  CD2 TYR A 178     -35.140  -2.470 105.275  1.00 30.71           C
ATOM   1342  CD1 TYR A 178     -36.324  -3.960 106.703  1.00 28.37           C
ATOM   1343  CE2 TYR A 178     -35.966  -2.793 104.226  1.00 32.21           C
ATOM   1344  CE1 TYR A 178     -37.160  -4.287 105.667  1.00 29.97           C
ATOM   1345  CZ  TYR A 178     -36.984  -3.704 104.426  1.00 34.62           C
ATOM   1346  OH  TYR A 178     -37.822  -4.043 103.385  1.00 35.36           O
ATOM   1347  N   SER A 179     -34.265  -2.425 110.764  1.00 31.86           N
```

```
ATOM   1348  CA  SER A 179     -33.513  -2.503 112.007  1.00 29.05           C
ATOM   1349  C   SER A 179     -33.405  -3.960 112.453  1.00 30.76           C
ATOM   1350  O   SER A 179     -34.418  -4.660 112.534  1.00 31.95           O
ATOM   1351  CB  SER A 179     -34.185  -1.669 113.086  1.00 29.95           C
ATOM   1352  OG  SER A 179     -33.208  -1.108 113.936  1.00 40.38           O
ATOM   1353  N   LEU A 180     -32.192  -4.427 112.737  1.00 28.38           N
ATOM   1354  CA  LEU A 180     -32.044  -5.768 113.282  1.00 31.63           C
ATOM   1355  C   LEU A 180     -31.118  -5.768 114.492  1.00 29.92           C
ATOM   1356  O   LEU A 180     -30.388  -4.810 114.763  1.00 25.79           O
ATOM   1357  CB  LEU A 180     -31.555  -6.783 112.224  1.00 30.26           C
ATOM   1358  CG  LEU A 180     -30.143  -7.049 111.701  1.00 31.57           C
ATOM   1359  CD1 LEU A 180     -29.103  -7.464 112.770  1.00 28.74           C
ATOM   1360  CD2 LEU A 180     -30.291  -8.158 110.658  1.00 28.38           C
ATOM   1361  N   SER A 181     -31.159  -6.872 115.228  1.00 25.89           N
ATOM   1362  CA  SER A 181     -30.261  -7.060 116.348  1.00 29.69           C
ATOM   1363  C   SER A 181     -29.651  -8.454 116.283  1.00 34.25           C
ATOM   1364  O   SER A 181     -30.228  -9.383 115.710  1.00 28.49           O
ATOM   1365  CB  SER A 181     -30.972  -6.840 117.680  1.00 32.18           C
ATOM   1366  OG  SER A 181     -31.900  -7.868 117.927  1.00 34.51           O
ATOM   1367  N   SER A 182     -28.451  -8.572 116.852  1.00 34.33           N
ATOM   1368  CA  SER A 182     -27.720  -9.826 116.939  1.00 31.79           C
ATOM   1369  C   SER A 182     -27.166  -9.956 118.351  1.00 29.53           C
ATOM   1370  O   SER A 182     -26.634  -8.992 118.899  1.00 29.22           O
ATOM   1371  CB  SER A 182     -26.589  -9.875 115.889  1.00 28.22           C
ATOM   1372  OG  SER A 182     -25.793 -11.040 116.033  1.00 32.19           O
ATOM   1373  N   VAL A 183     -27.302 -11.140 118.946  1.00 31.33           N
ATOM   1374  CA  VAL A 183     -26.891 -11.353 120.329  1.00 32.43           C
ATOM   1375  C   VAL A 183     -26.090 -12.648 120.461  1.00 34.27           C
ATOM   1376  O   VAL A 183     -26.118 -13.530 119.599  1.00 34.59           O
ATOM   1377  CB  VAL A 183     -28.100 -11.386 121.290  1.00 34.07           C
ATOM   1378  CG1 VAL A 183     -28.915 -10.138 121.139  1.00 30.31           C
ATOM   1379  CG2 VAL A 183     -28.962 -12.619 121.027  1.00 34.20           C
ATOM   1380  N   VAL A 184     -25.370 -12.750 121.567  1.00 30.31           N
ATOM   1381  CA  VAL A 184     -24.615 -13.950 121.895  1.00 34.88           C
ATOM   1382  C   VAL A 184     -24.629 -14.101 123.409  1.00 36.21           C
ATOM   1383  O   VAL A 184     -24.549 -13.112 124.145  1.00 36.42           O
ATOM   1384  CB  VAL A 184     -23.172 -13.893 121.322  1.00 36.52           C
ATOM   1385  CG1 VAL A 184     -22.405 -12.622 121.770  1.00 28.53           C
ATOM   1386  CG2 VAL A 184     -22.413 -15.146 121.668  1.00 28.44           C
ATOM   1387  N   THR A 185     -24.800 -15.335 123.876  1.00 37.42           N
ATOM   1388  CA  THR A 185     -24.681 -15.649 125.290  1.00 33.86           C
ATOM   1389  C   THR A 185     -23.296 -16.235 125.522  1.00 36.91           C
ATOM   1390  O   THR A 185     -22.829 -17.074 124.744  1.00 36.01           O
ATOM   1391  CB  THR A 185     -25.772 -16.614 125.758  1.00 36.45           C
ATOM   1392  OG1 THR A 185     -25.864 -17.719 124.850  1.00 42.60           O
ATOM   1393  CG2 THR A 185     -27.110 -15.912 125.804  1.00 34.96           C
ATOM   1394  N   VAL A 186     -22.632 -15.755 126.567  1.00 40.17           N
ATOM   1395  CA  VAL A 186     -21.268 -16.144 126.917  1.00 38.85           C
ATOM   1396  C   VAL A 186     -21.196 -16.288 128.432  1.00 47.21           C
ATOM   1397  O   VAL A 186     -22.080 -15.806 129.155  1.00 45.09           O
ATOM   1398  CB  VAL A 186     -20.244 -15.102 126.425  1.00 36.70           C
ATOM   1399  CG1 VAL A 186     -20.351 -14.919 124.902  1.00 33.73           C
ATOM   1400  CG2 VAL A 186     -20.485 -13.768 127.107  1.00 35.85           C
ATOM   1401  N   PRO A 187     -20.161 -16.964 128.944  1.00 47.74           N
ATOM   1402  CA  PRO A 187     -20.031 -17.090 130.404  1.00 46.98           C
ATOM   1403  C   PRO A 187     -19.776 -15.738 131.058  1.00 48.85           C
ATOM   1404  O   PRO A 187     -19.016 -14.922 130.538  1.00 46.36           O
ATOM   1405  CB  PRO A 187     -18.830 -18.026 130.571  1.00 43.33           C
ATOM   1406  CG  PRO A 187     -18.751 -18.759 129.303  1.00 39.13           C
ATOM   1407  CD  PRO A 187     -19.170 -17.794 128.244  1.00 43.58           C
ATOM   1408  N   SER A 188     -20.423 -15.509 132.208  1.00 50.33           N
ATOM   1409  CA  SER A 188     -20.194 -14.283 132.972  1.00 47.34           C
ATOM   1410  C   SER A 188     -18.715 -14.066 133.275  1.00 55.46           C
ATOM   1411  O   SER A 188     -18.208 -12.942 133.158  1.00 49.43           O
ATOM   1412  CB  SER A 188     -21.001 -14.310 134.262  1.00 52.91           C
ATOM   1413  OG  SER A 188     -22.363 -14.112 133.973  1.00 59.47           O
ATOM   1414  N   SER A 189     -18.010 -15.127 133.685  1.00 55.39           N
ATOM   1415  CA  SER A 189     -16.590 -15.005 134.003  1.00 55.76           C
ATOM   1416  C   SER A 189     -15.769 -14.513 132.811  1.00 58.34           C
ATOM   1417  O   SER A 189     -14.681 -13.951 133.002  1.00 59.39           O
ATOM   1418  CB  SER A 189     -16.042 -16.351 134.478  1.00 56.17           C
```

```
ATOM   1419  OG  SER A 189     -16.101 -17.316 133.435  1.00 52.74           O
ATOM   1420  N   SER A 190     -16.276 -14.687 131.590  1.00 53.51           N
ATOM   1421  CA  SER A 190     -15.528 -14.312 130.396  1.00 56.22           C
ATOM   1422  C   SER A 190     -15.594 -12.816 130.086  1.00 54.08           C
ATOM   1423  O   SER A 190     -14.802 -12.330 129.265  1.00 51.28           O
ATOM   1424  CB  SER A 190     -16.020 -15.138 129.197  1.00 51.36           C
ATOM   1425  OG  SER A 190     -17.368 -14.852 128.863  1.00 46.74           O
ATOM   1426  N   LEU A 191     -16.523 -12.081 130.693  1.00 53.01           N
ATOM   1427  CA  LEU A 191     -16.577 -10.644 130.464  1.00 53.09           C
ATOM   1428  C   LEU A 191     -15.339  -9.981 131.058  1.00 54.27           C
ATOM   1429  O   LEU A 191     -14.790 -10.428 132.071  1.00 58.30           O
ATOM   1430  CB  LEU A 191     -17.839 -10.054 131.081  1.00 38.62           C
ATOM   1431  CG  LEU A 191     -19.093 -10.795 130.646  1.00 45.96           C
ATOM   1432  CD1 LEU A 191     -20.297 -10.313 131.431  1.00 42.60           C
ATOM   1433  CD2 LEU A 191     -19.308 -10.675 129.131  1.00 40.49           C
ATOM   1434  N   GLY A 192     -14.896  -8.905 130.421  1.00 50.04           N
ATOM   1435  CA  GLY A 192     -13.722  -8.196 130.886  1.00 59.39           C
ATOM   1436  C   GLY A 192     -12.384  -8.841 130.570  1.00 59.35           C
ATOM   1437  O   GLY A 192     -11.382  -8.120 130.468  1.00 65.09           O
ATOM   1438  N   THR A 193     -12.332 -10.163 130.376  1.00 50.42           N
ATOM   1439  CA  THR A 193     -11.152 -10.830 129.835  1.00 51.34           C
ATOM   1440  C   THR A 193     -11.269 -11.178 128.350  1.00 53.60           C
ATOM   1441  O   THR A 193     -10.257 -11.147 127.651  1.00 57.09           O
ATOM   1442  CB  THR A 193     -10.822 -12.109 130.622  1.00 56.32           C
ATOM   1443  OG1 THR A 193     -11.943 -12.512 131.418  1.00 57.77           O
ATOM   1444  CG2 THR A 193      -9.595 -11.892 131.523  1.00 48.53           C
ATOM   1445  N   GLN A 194     -12.451 -11.519 127.838  1.00 53.81           N
ATOM   1446  CA  GLN A 194     -12.619 -11.879 126.431  1.00 47.52           C
ATOM   1447  C   GLN A 194     -13.238 -10.716 125.660  1.00 45.35           C
ATOM   1448  O   GLN A 194     -14.169 -10.066 126.142  1.00 47.02           O
ATOM   1449  CB  GLN A 194     -13.512 -13.111 126.292  1.00 46.52           C
ATOM   1450  CG  GLN A 194     -13.761 -13.550 124.857  1.00 46.74           C
ATOM   1451  CD  GLN A 194     -12.496 -13.985 124.141  1.00 53.73           C
ATOM   1452  OE1 GLN A 194     -12.011 -13.301 123.239  1.00 52.18           O
ATOM   1453  NE2 GLN A 194     -11.967 -15.148 124.528  1.00 50.74           N
ATOM   1454  N   THR A 195     -12.745 -10.462 124.453  1.00 44.88           N
ATOM   1455  CA  THR A 195     -13.244  -9.345 123.657  1.00 46.31           C
ATOM   1456  C   THR A 195     -14.325  -9.802 122.680  1.00 43.67           C
ATOM   1457  O   THR A 195     -14.211 -10.862 122.057  1.00 41.58           O
ATOM   1458  CB  THR A 195     -12.104  -8.651 122.909  1.00 53.06           C
ATOM   1459  OG1 THR A 195     -11.441  -7.742 123.803  1.00 57.28           O
ATOM   1460  CG2 THR A 195     -12.631  -7.884 121.694  1.00 42.53           C
ATOM   1461  N   TYR A 196     -15.393  -9.007 122.579  1.00 43.78           N
ATOM   1462  CA  TYR A 196     -16.551  -9.321 121.750  1.00 36.48           C
ATOM   1463  C   TYR A 196     -16.798  -8.201 120.755  1.00 34.63           C
ATOM   1464  O   TYR A 196     -17.090  -7.066 121.139  1.00 34.38           O
ATOM   1465  CB  TYR A 196     -17.769  -9.564 122.621  1.00 32.34           C
ATOM   1466  CG  TYR A 196     -17.567 -10.773 123.470  1.00 38.36           C
ATOM   1467  CD1 TYR A 196     -17.517 -12.036 122.900  1.00 36.90           C
ATOM   1468  CD2 TYR A 196     -17.359 -10.655 124.830  1.00 39.09           C
ATOM   1469  CE1 TYR A 196     -17.316 -13.151 123.676  1.00 37.95           C
ATOM   1470  CE2 TYR A 196     -17.147 -11.755 125.605  1.00 39.61           C
ATOM   1471  CZ  TYR A 196     -17.129 -13.001 125.028  1.00 39.92           C
ATOM   1472  OH  TYR A 196     -16.921 -14.098 125.825  1.00 47.25           O
ATOM   1473  N   ILE A 197     -16.653  -8.516 119.478  1.00 35.82           N
ATOM   1474  CA  ILE A 197     -16.831  -7.548 118.405  1.00 36.37           C
ATOM   1475  C   ILE A 197     -17.841  -8.108 117.422  1.00 30.22           C
ATOM   1476  O   ILE A 197     -17.783  -9.287 117.065  1.00 32.67           O
ATOM   1477  CB  ILE A 197     -15.496  -7.222 117.702  1.00 32.39           C
ATOM   1478  CG1 ILE A 197     -14.528  -6.609 118.709  1.00 32.03           C
ATOM   1479  CG2 ILE A 197     -15.722  -6.302 116.521  1.00 28.21           C
ATOM   1480  CD1 ILE A 197     -13.138  -6.617 118.246  1.00 30.83           C
ATOM   1481  N   CYS A 198     -18.784  -7.287 117.016  1.00 34.51           N
ATOM   1482  CA  CYS A 198     -19.717  -7.687 115.984  1.00 35.67           C
ATOM   1483  C   CYS A 198     -19.346  -7.002 114.676  1.00 33.53           C
ATOM   1484  O   CYS A 198     -19.039  -5.805 114.645  1.00 32.08           O
ATOM   1485  CB  CYS A 198     -21.157  -7.379 116.404  1.00 36.62           C
ATOM   1486  SG  CYS A 198     -21.662  -5.699 116.191  1.00 46.42           S
ATOM   1487  N   ASN A 199     -19.373  -7.777 113.598  1.00 31.00           N
ATOM   1488  CA  ASN A 199     -18.952  -7.325 112.279  1.00 34.62           C
ATOM   1489  C   ASN A 199     -20.212  -7.179 111.438  1.00 30.03           C
```

```
ATOM   1490  O   ASN A 199     -20.926  -8.157 111.205  1.00 33.61           O
ATOM   1491  CB  ASN A 199     -17.969  -8.322 111.669  1.00 30.80           C
ATOM   1492  CG  ASN A 199     -16.998  -8.861 112.691  1.00 33.45           C
ATOM   1493  OD1 ASN A 199     -17.071 -10.028 113.087  1.00 30.25           O
ATOM   1494  ND2 ASN A 199     -16.090  -8.004 113.146  1.00 31.39           N
ATOM   1495  N   VAL A 200     -20.530  -5.961 111.036  1.00 25.18           N
ATOM   1496  CA  VAL A 200     -21.753  -5.699 110.295  1.00 31.02           C
ATOM   1497  C   VAL A 200     -21.346  -5.394 108.868  1.00 31.80           C
ATOM   1498  O   VAL A 200     -20.402  -4.632 108.642  1.00 32.16           O
ATOM   1499  CB  VAL A 200     -22.581  -4.546 110.896  1.00 26.09           C
ATOM   1500  CG1 VAL A 200     -23.862  -4.409 110.130  1.00 31.91           C
ATOM   1501  CG2 VAL A 200     -22.900  -4.792 112.348  1.00 27.12           C
ATOM   1502  N   ASN A 201     -22.022  -6.016 107.910  1.00 31.12           N
ATOM   1503  CA  ASN A 201     -21.800  -5.693 106.511  1.00 34.13           C
ATOM   1504  C   ASN A 201     -23.127  -5.341 105.866  1.00 32.42           C
ATOM   1505  O   ASN A 201     -24.065  -6.141 105.883  1.00 35.02           O
ATOM   1506  CB  ASN A 201     -21.122  -6.839 105.767  1.00 36.09           C
ATOM   1507  CG  ASN A 201     -20.557  -6.390 104.457  1.00 39.19           C
ATOM   1508  OD1 ASN A 201     -20.860  -5.296 104.000  1.00 43.01           O
ATOM   1509  ND2 ASN A 201     -19.730  -7.218 103.844  1.00 44.41           N
ATOM   1510  N   HIS A 202     -23.222  -4.123 105.361  1.00 34.15           N
ATOM   1511  CA  HIS A 202     -24.349  -3.682 104.561  1.00 33.64           C
ATOM   1512  C   HIS A 202     -23.801  -3.403 103.168  1.00 39.81           C
ATOM   1513  O   HIS A 202     -23.463  -2.264 102.836  1.00 37.99           O
ATOM   1514  CB  HIS A 202     -25.001  -2.473 105.147  1.00 31.71           C
ATOM   1515  CG  HIS A 202     -26.244  -2.052 104.425  1.00 37.75           C
ATOM   1516  ND1 HIS A 202     -26.419  -0.780 103.917  1.00 38.12           N
ATOM   1517  CD2 HIS A 202     -27.377  -2.735 104.129  1.00 32.94           C
ATOM   1518  CE1 HIS A 202     -27.607  -0.699 103.344  1.00 37.74           C
ATOM   1519  NE2 HIS A 202     -28.210  -1.871 103.463  1.00 34.91           N
ATOM   1520  N   LYS A 203     -23.690  -4.461 102.359  1.00 34.79           N
ATOM   1521  CA  LYS A 203     -23.249  -4.285 100.978  1.00 35.75           C
ATOM   1522  C   LYS A 203     -24.071  -3.261 100.195  1.00 39.45           C
ATOM   1523  O   LYS A 203     -23.482  -2.573  99.346  1.00 38.28           O
ATOM   1524  CB  LYS A 203     -23.166  -5.647 100.266  1.00 29.77           C
ATOM   1525  CG  LYS A 203     -21.879  -6.425 100.649  1.00 40.20           C
ATOM   1526  CD  LYS A 203     -20.652  -5.726  99.988  1.00 63.25           C
ATOM   1527  CE  LYS A 203     -19.279  -6.000 100.660  1.00 68.58           C
ATOM   1528  NZ  LYS A 203     -18.938  -7.439 100.898  1.00 69.85           N1+
ATOM   1529  N   PRO A 204     -25.392  -3.108 100.390  1.00 41.00           N
ATOM   1530  CA  PRO A 204     -26.120  -2.121  99.566  1.00 38.96           C
ATOM   1531  C   PRO A 204     -25.629  -0.681  99.705  1.00 40.45           C
ATOM   1532  O   PRO A 204     -25.839   0.114  98.782  1.00 44.07           O
ATOM   1533  CB  PRO A 204     -27.568  -2.272 100.043  1.00 36.97           C
ATOM   1534  CG  PRO A 204     -27.647  -3.652 100.563  1.00 35.26           C
ATOM   1535  CD  PRO A 204     -26.327  -3.952 101.168  1.00 33.30           C
ATOM   1536  N   SER A 205     -25.061  -0.287 100.845  1.00 42.01           N
ATOM   1537  CA  SER A 205     -24.455   1.034 100.993  1.00 40.43           C
ATOM   1538  C   SER A 205     -22.931   0.956 101.094  1.00 39.05           C
ATOM   1539  O   SER A 205     -22.279   1.963 101.369  1.00 37.64           O
ATOM   1540  CB  SER A 205     -25.052   1.778 102.195  1.00 35.25           C
ATOM   1541  OG  SER A 205     -24.659   1.213 103.424  1.00 36.65           O
ATOM   1542  N   ASN A 206     -22.354  -0.219 100.868  1.00 42.36           N
ATOM   1543  CA  ASN A 206     -20.919  -0.449 101.017  1.00 44.31           C
ATOM   1544  C   ASN A 206     -20.414   0.021 102.382  1.00 46.67           C
ATOM   1545  O   ASN A 206     -19.385   0.680 102.506  1.00 50.37           O
ATOM   1546  CB  ASN A 206     -20.146   0.208  99.880  1.00 49.52           C
ATOM   1547  CG  ASN A 206     -19.229  -0.766  99.187  1.00 61.70           C
ATOM   1548  OD1 ASN A 206     -19.323  -1.979  99.401  1.00 67.47           O
ATOM   1549  ND2 ASN A 206     -18.336  -0.253  98.352  1.00 70.26           N
ATOM   1550  N   THR A 207     -21.150  -0.352 103.423  1.00 45.98           N
ATOM   1551  CA  THR A 207     -20.861   0.041 104.792  1.00 36.87           C
ATOM   1552  C   THR A 207     -20.417  -1.180 105.574  1.00 37.03           C
ATOM   1553  O   THR A 207     -21.118  -2.192 105.590  1.00 41.13           O
ATOM   1554  CB  THR A 207     -22.100   0.626 105.457  1.00 42.00           C
ATOM   1555  OG1 THR A 207     -22.616   1.689 104.649  1.00 45.30           O
ATOM   1556  CG2 THR A 207     -21.767   1.132 106.876  1.00 42.01           C
ATOM   1557  N   LYS A 208     -19.263  -1.088 106.210  1.00 36.32           N
ATOM   1558  CA  LYS A 208     -18.793  -2.110 107.127  1.00 32.74           C
ATOM   1559  C   LYS A 208     -18.511  -1.465 108.478  1.00 34.61           C
ATOM   1560  O   LYS A 208     -18.088  -0.307 108.545  1.00 39.61           O
```

```
ATOM   1561  CB  LYS A 208     -17.552  -2.827 106.585  1.00 40.21           C
ATOM   1562  CG  LYS A 208     -17.865  -3.863 105.502  1.00 39.11           C
ATOM   1563  CD  LYS A 208     -16.707  -4.821 105.239  1.00 34.67           C
ATOM   1564  CE  LYS A 208     -15.518  -4.128 104.606  1.00 49.09           C
ATOM   1565  NZ  LYS A 208     -14.349  -5.076 104.456  1.00 57.65           N1+
ATOM   1566  N   VAL A 209     -18.846  -2.174 109.552  1.00 32.84           N
ATOM   1567  CA  VAL A 209     -18.671  -1.684 110.917  1.00 32.20           C
ATOM   1568  C   VAL A 209     -18.247  -2.844 111.797  1.00 34.40           C
ATOM   1569  O   VAL A 209     -18.906  -3.889 111.817  1.00 38.11           O
ATOM   1570  CB  VAL A 209     -19.960  -1.054 111.491  1.00 31.14           C
ATOM   1571  CG1 VAL A 209     -19.816  -0.826 112.974  1.00 27.96           C
ATOM   1572  CG2 VAL A 209     -20.276   0.252 110.810  1.00 26.07           C
ATOM   1573  N   ASP A 210     -17.195  -2.642 112.574  1.00 36.64           N
ATOM   1574  CA  ASP A 210     -16.821  -3.545 113.659  1.00 33.62           C
ATOM   1575  C   ASP A 210     -17.053  -2.791 114.962  1.00 30.39           C
ATOM   1576  O   ASP A 210     -16.490  -1.718 115.159  1.00 32.48           O
ATOM   1577  CB  ASP A 210     -15.360  -3.980 113.548  1.00 32.01           C
ATOM   1578  CG  ASP A 210     -15.084  -4.843 112.325  1.00 42.55           C
ATOM   1579  OD1 ASP A 210     -15.829  -5.839 112.124  1.00 46.60           O
ATOM   1580  OD2 ASP A 210     -14.119  -4.527 111.570  1.00 34.51           O1-
ATOM   1581  N   LYS A 211     -17.904  -3.319 115.827  1.00 34.41           N
ATOM   1582  CA  LYS A 211     -18.270  -2.654 117.073  1.00 28.87           C
ATOM   1583  C   LYS A 211     -17.832  -3.519 118.243  1.00 33.13           C
ATOM   1584  O   LYS A 211     -18.283  -4.661 118.374  1.00 31.45           O
ATOM   1585  CB  LYS A 211     -19.775  -2.409 117.155  1.00 30.56           C
ATOM   1586  CG  LYS A 211     -20.246  -1.799 118.460  1.00 33.07           C
ATOM   1587  CD  LYS A 211     -19.646  -0.430 118.618  1.00 36.20           C
ATOM   1588  CE  LYS A 211     -20.539   0.467 119.407  1.00 33.18           C
ATOM   1589  NZ  LYS A 211     -20.169   1.877 119.156  1.00 35.41           N1+
ATOM   1590  N   LYS A 212     -16.962  -2.972 119.094  1.00 35.68           N
ATOM   1591  CA  LYS A 212     -16.654  -3.617 120.354  1.00 28.26           C
ATOM   1592  C   LYS A 212     -17.806  -3.349 121.296  1.00 30.86           C
ATOM   1593  O   LYS A 212     -18.409  -2.271 121.278  1.00 33.51           O
ATOM   1594  CB  LYS A 212     -15.341  -3.112 120.955  1.00 31.23           C
ATOM   1595  CG  LYS A 212     -14.740  -4.080 121.984  1.00 38.53           C
ATOM   1596  CD  LYS A 212     -13.567  -3.503 122.778  1.00 42.63           C
ATOM   1597  CE  LYS A 212     -13.088  -4.492 123.847  1.00 44.88           C
ATOM   1598  NZ  LYS A 212     -12.001  -3.960 124.723  1.00 52.61           N1+
ATOM   1599  N   VAL A 213     -18.175  -4.376 122.039  1.00 30.30           N
ATOM   1600  CA  VAL A 213     -19.246  -4.322 123.012  1.00 34.60           C
ATOM   1601  C   VAL A 213     -18.589  -4.663 124.336  1.00 35.78           C
ATOM   1602  O   VAL A 213     -18.141  -5.795 124.530  1.00 39.34           O
ATOM   1603  CB  VAL A 213     -20.380  -5.300 122.667  1.00 36.86           C
ATOM   1604  CG1 VAL A 213     -21.521  -5.226 123.700  1.00 37.67           C
ATOM   1605  CG2 VAL A 213     -20.903  -5.028 121.278  1.00 27.28           C
ATOM   1606  N   GLU A 214     -18.489  -3.687 125.228  1.00 43.48           N
ATOM   1607  CA  GLU A 214     -17.839  -3.878 126.521  1.00 42.79           C
ATOM   1608  C   GLU A 214     -18.866  -3.868 127.636  1.00 39.79           C
ATOM   1609  O   GLU A 214     -19.925  -3.250 127.508  1.00 39.59           O
ATOM   1610  CB  GLU A 214     -16.795  -2.787 126.788  1.00 42.03           C
ATOM   1611  CG  GLU A 214     -15.715  -2.770 125.730  1.00 53.61           C
ATOM   1612  CD  GLU A 214     -14.732  -1.636 125.888  1.00 60.49           C
ATOM   1613  OE1 GLU A 214     -13.614  -1.878 126.391  1.00 64.12           O
ATOM   1614  OE2 GLU A 214     -15.085  -0.500 125.505  1.00 65.45           O1-
ATOM   1615  N   PRO A 215     -18.599  -4.573 128.724  1.00 42.19           N
ATOM   1616  CA  PRO A 215     -19.495  -4.496 129.882  1.00 47.10           C
ATOM   1617  C   PRO A 215     -19.546  -3.089 130.452  1.00 54.06           C
ATOM   1618  O   PRO A 215     -18.521  -2.414 130.566  1.00 56.58           O
ATOM   1619  CB  PRO A 215     -18.885  -5.492 130.874  1.00 49.68           C
ATOM   1620  CG  PRO A 215     -17.567  -5.950 130.264  1.00 48.26           C
ATOM   1621  CD  PRO A 215     -17.651  -5.695 128.809  1.00 45.54           C
ATOM   1622  N   LYS A 216     -20.760  -2.636 130.768  1.00 59.07           N
ATOM   1623  CA  LYS A 216     -21.008  -1.289 131.272  1.00 66.58           C
ATOM   1624  C   LYS A 216     -21.516  -1.355 132.710  1.00 80.80           C
ATOM   1625  O   LYS A 216     -22.468  -2.092 133.005  1.00 75.99           O
ATOM   1626  CB  LYS A 216     -22.036  -0.555 130.408  1.00 66.80           C
ATOM   1627  CG  LYS A 216     -22.360   0.859 130.899  1.00 73.54           C
ATOM   1628  CD  LYS A 216     -23.096   1.653 129.834  1.00 77.62           C
ATOM   1629  CE  LYS A 216     -23.325   3.092 130.255  1.00 75.50           C
ATOM   1630  NZ  LYS A 216     -23.769   3.921 129.103  1.00 65.88           N1+
ATOM   1631  N   SER A 217     -20.927  -0.528 133.580  1.00 90.64           N
```

```
ATOM   1632  CA  SER A 217     -21.323  -0.451 134.994  1.00 92.77           C
ATOM   1633  C   SER A 217     -22.109   0.829 135.282  1.00 85.80           C
ATOM   1634  O   SER A 217     -23.332   0.797 135.455  1.00 82.11           O
ATOM   1635  CB  SER A 217     -20.096  -0.528 135.915  1.00 84.71           C
ATOM   1636  OG  SER A 217     -19.239   0.585 135.722  1.00 86.75           O
TER
ATOM   1637  N   GLU B   1     -59.401 -19.548  88.941  1.00 32.61           N
ATOM   1638  CA  GLU B   1     -58.164 -20.286  89.135  1.00 32.73           C
ATOM   1639  C   GLU B   1     -58.344 -21.415  90.159  1.00 39.88           C
ATOM   1640  O   GLU B   1     -59.196 -21.331  91.040  1.00 39.29           O
ATOM   1641  CB  GLU B   1     -57.054 -19.366  89.613  1.00 32.87           C
ATOM   1642  CG  GLU B   1     -57.037 -19.224  91.116  1.00 33.91           C
ATOM   1643  CD  GLU B   1     -56.083 -18.160  91.599  1.00 44.88           C
ATOM   1644  OE1 GLU B   1     -56.022 -17.970  92.832  1.00 55.17           O
ATOM   1645  OE2 GLU B   1     -55.378 -17.536  90.763  1.00 44.77           O1-
ATOM   1646  N   ILE B   2     -57.536 -22.470  90.052  1.00 36.20           N
ATOM   1647  CA  ILE B   2     -57.589 -23.542  91.037  1.00 31.00           C
ATOM   1648  C   ILE B   2     -56.950 -23.074  92.339  1.00 27.84           C
ATOM   1649  O   ILE B   2     -55.774 -22.694  92.370  1.00 27.28           O
ATOM   1650  CB  ILE B   2     -56.893 -24.797  90.521  1.00 30.83           C
ATOM   1651  CG1 ILE B   2     -57.571 -25.303  89.259  1.00 24.03           C
ATOM   1652  CG2 ILE B   2     -56.832 -25.856  91.649  1.00 24.77           C
ATOM   1653  CD1 ILE B   2     -56.866 -26.508  88.716  1.00 24.00           C
ATOM   1654  N   VAL B   3     -57.718 -23.116  93.424  1.00 28.01           N
ATOM   1655  CA  VAL B   3     -57.227 -22.750  94.748  1.00 31.60           C
ATOM   1656  C   VAL B   3     -56.810 -24.011  95.498  1.00 30.30           C
ATOM   1657  O   VAL B   3     -57.580 -24.976  95.602  1.00 30.30           O
ATOM   1658  CB  VAL B   3     -58.287 -21.965  95.535  1.00 30.01           C
ATOM   1659  CG1 VAL B   3     -57.782 -21.724  96.916  1.00 23.45           C
ATOM   1660  CG2 VAL B   3     -58.637 -20.645  94.815  1.00 24.87           C
ATOM   1661  N   LEU B   4     -55.591 -24.017  96.006  1.00 27.66           N
ATOM   1662  CA  LEU B   4     -55.047 -25.168  96.709  1.00 27.72           C
ATOM   1663  C   LEU B   4     -54.941 -24.793  98.170  1.00 30.07           C
ATOM   1664  O   LEU B   4     -54.281 -23.805  98.509  1.00 34.25           O
ATOM   1665  CB  LEU B   4     -53.677 -25.570  96.165  1.00 31.34           C
ATOM   1666  CG  LEU B   4     -53.596 -26.025  94.711  1.00 30.78           C
ATOM   1667  CD1 LEU B   4     -52.155 -26.475  94.361  1.00 29.60           C
ATOM   1668  CD2 LEU B   4     -54.571 -27.161  94.511  1.00 23.79           C
ATOM   1669  N   THR B   5     -55.591 -25.568  99.026  1.00 26.39           N
ATOM   1670  CA  THR B   5     -55.586 -25.330 100.458  1.00 23.07           C
ATOM   1671  C   THR B   5     -54.765 -26.407 101.130  1.00 26.07           C
ATOM   1672  O   THR B   5     -55.089 -27.591 101.034  1.00 29.54           O
ATOM   1673  CB  THR B   5     -57.007 -25.330 101.019  1.00 23.58           C
ATOM   1674  OG1 THR B   5     -57.813 -24.424 100.256  1.00 25.83           O
ATOM   1675  CG2 THR B   5     -56.992 -24.892 102.458  1.00 18.31           C
ATOM   1676  N   GLN B   6     -53.731 -26.003 101.830  1.00 23.61           N
ATOM   1677  CA  GLN B   6     -52.920 -26.943 102.569  1.00 25.57           C
ATOM   1678  C   GLN B   6     -53.328 -26.929 104.024  1.00 24.28           C
ATOM   1679  O   GLN B   6     -53.585 -25.871 104.592  1.00 28.38           O
ATOM   1680  CB  GLN B   6     -51.432 -26.623 102.442  1.00 21.43           C
ATOM   1681  CG  GLN B   6     -50.866 -27.125 101.172  1.00 25.09           C
ATOM   1682  CD  GLN B   6     -49.406 -26.785 101.003  1.00 29.92           C
ATOM   1683  OE1 GLN B   6     -49.065 -25.856 100.258  1.00 30.10           O
ATOM   1684  NE2 GLN B   6     -48.529 -27.542 101.671  1.00 23.00           N
ATOM   1685  N   SER B   7     -53.388 -28.113 104.609  1.00 28.46           N
ATOM   1686  CA  SER B   7     -53.526 -28.273 106.046  1.00 32.14           C
ATOM   1687  C   SER B   7     -52.626 -29.410 106.541  1.00 32.52           C
ATOM   1688  O   SER B   7     -52.238 -30.294 105.774  1.00 31.45           O
ATOM   1689  CB  SER B   7     -54.960 -28.558 106.404  1.00 26.70           C
ATOM   1690  OG  SER B   7     -55.208 -29.883 106.045  1.00 39.01           O
ATOM   1691  N   PRO B   8     -52.242 -29.367 107.816  1.00 35.79           N
ATOM   1692  CA  PRO B   8     -52.444 -28.237 108.728  1.00 32.17           C
ATOM   1693  C   PRO B   8     -51.456 -27.142 108.349  1.00 33.18           C
ATOM   1694  O   PRO B   8     -50.550 -27.465 107.590  1.00 35.18           O
ATOM   1695  CB  PRO B   8     -52.119 -28.837 110.103  1.00 26.39           C
ATOM   1696  CG  PRO B   8     -51.061 -29.854 109.786  1.00 33.66           C
ATOM   1697  CD  PRO B   8     -51.426 -30.438 108.422  1.00 30.11           C
ATOM   1698  N   GLY B   9     -51.584 -25.920 108.877  1.00 35.12           N
ATOM   1699  CA  GLY B   9     -50.583 -24.899 108.603  1.00 25.91           C
ATOM   1700  C   GLY B   9     -49.249 -25.202 109.264  1.00 27.68           C
ATOM   1701  O   GLY B   9     -48.196 -25.015 108.661  1.00 27.97           O
```

```
ATOM   1702  N   THR B  10     -49.274 -25.726 110.487  1.00 26.27           N
ATOM   1703  CA  THR B  10     -48.056 -26.118 111.179  1.00 27.02           C
ATOM   1704  C   THR B  10     -48.197 -27.524 111.746  1.00 26.07           C
ATOM   1705  O   THR B  10     -49.251 -27.890 112.264  1.00 30.58           O
ATOM   1706  CB  THR B  10     -47.725 -25.143 112.310  1.00 26.29           C
ATOM   1707  OG1 THR B  10     -47.699 -23.812 111.789  1.00 30.87           O
ATOM   1708  CG2 THR B  10     -46.368 -25.480 112.929  1.00 18.58           C
ATOM   1709  N   LEU B  11     -47.117 -28.296 111.669  1.00 28.05           N
ATOM   1710  CA  LEU B  11     -47.057 -29.670 112.156  1.00 27.74           C
ATOM   1711  C   LEU B  11     -45.839 -29.819 113.059  1.00 29.19           C
ATOM   1712  O   LEU B  11     -44.706 -29.647 112.600  1.00 31.16           O
ATOM   1713  CB  LEU B  11     -46.954 -30.632 110.978  1.00 33.49           C
ATOM   1714  CG  LEU B  11     -47.842 -31.847 110.756  1.00 40.86           C
ATOM   1715  CD1 LEU B  11     -47.188 -32.642 109.625  1.00 33.69           C
ATOM   1716  CD2 LEU B  11     -47.976 -32.687 112.003  1.00 34.11           C
ATOM   1717  N   SER B  12     -46.055 -30.135 114.336  1.00 32.77           N
ATOM   1718  CA  SER B  12     -44.956 -30.381 115.271  1.00 30.27           C
ATOM   1719  C   SER B  12     -44.851 -31.873 115.562  1.00 30.86           C
ATOM   1720  O   SER B  12     -45.793 -32.475 116.083  1.00 35.59           O
ATOM   1721  CB  SER B  12     -45.145 -29.592 116.560  1.00 27.94           C
ATOM   1722  OG  SER B  12     -45.372 -28.227 116.236  1.00 38.87           O
ATOM   1723  N   LEU B  13     -43.694 -32.453 115.245  1.00 31.96           N
ATOM   1724  CA  LEU B  13     -43.453 -33.887 115.299  1.00 32.10           C
ATOM   1725  C   LEU B  13     -42.010 -34.098 115.707  1.00 30.66           C
ATOM   1726  O   LEU B  13     -41.159 -33.231 115.489  1.00 31.40           O
ATOM   1727  CB  LEU B  13     -43.690 -34.572 113.949  1.00 32.81           C
ATOM   1728  CG  LEU B  13     -45.087 -34.460 113.332  1.00 34.52           C
ATOM   1729  CD1 LEU B  13     -45.085 -35.018 111.924  1.00 32.83           C
ATOM   1730  CD2 LEU B  13     -46.110 -35.164 114.189  1.00 26.42           C
ATOM   1731  N   SER B  14     -41.745 -35.232 116.316  1.00 28.88           N
ATOM   1732  CA  SER B  14     -40.359 -35.534 116.639  1.00 32.75           C
ATOM   1733  C   SER B  14     -39.649 -36.161 115.442  1.00 28.56           C
ATOM   1734  O   SER B  14     -40.281 -36.766 114.580  1.00 31.22           O
ATOM   1735  CB  SER B  14     -40.292 -36.469 117.838  1.00 36.49           C
ATOM   1736  OG  SER B  14     -40.626 -35.749 119.019  1.00 44.98           O
ATOM   1737  N   PRO B  15     -38.341 -36.015 115.345  1.00 29.37           N
ATOM   1738  CA  PRO B  15     -37.609 -36.799 114.341  1.00 28.36           C
ATOM   1739  C   PRO B  15     -37.846 -38.290 114.566  1.00 33.54           C
ATOM   1740  O   PRO B  15     -37.877 -38.770 115.702  1.00 39.74           O
ATOM   1741  CB  PRO B  15     -36.149 -36.404 114.575  1.00 31.85           C
ATOM   1742  CG  PRO B  15     -36.230 -35.042 115.265  1.00 27.05           C
ATOM   1743  CD  PRO B  15     -37.481 -35.086 116.097  1.00 29.92           C
ATOM   1744  N   GLY B  16     -37.994 -39.032 113.467  1.00 34.12           N
ATOM   1745  CA  GLY B  16     -38.362 -40.428 113.500  1.00 30.27           C
ATOM   1746  C   GLY B  16     -39.837 -40.693 113.284  1.00 32.66           C
ATOM   1747  O   GLY B  16     -40.204 -41.796 112.862  1.00 38.35           O
ATOM   1748  N   GLU B  17     -40.690 -39.722 113.549  1.00 28.58           N
ATOM   1749  CA  GLU B  17     -42.105 -39.947 113.346  1.00 27.09           C
ATOM   1750  C   GLU B  17     -42.502 -39.762 111.878  1.00 32.66           C
ATOM   1751  O   GLU B  17     -41.728 -39.318 111.016  1.00 27.01           O
ATOM   1752  CB  GLU B  17     -42.923 -39.013 114.220  1.00 26.44           C
ATOM   1753  CG  GLU B  17     -42.896 -39.366 115.689  1.00 35.87           C
ATOM   1754  CD  GLU B  17     -43.872 -38.506 116.494  1.00 50.33           C
ATOM   1755  OE1 GLU B  17     -43.659 -37.269 116.602  1.00 47.95           O
ATOM   1756  OE2 GLU B  17     -44.862 -39.066 117.011  1.00 67.19           O1-
ATOM   1757  N   ARG B  18     -43.757 -40.098 111.626  1.00 28.24           N
ATOM   1758  CA  ARG B  18     -44.377 -40.060 110.321  1.00 29.25           C
ATOM   1759  C   ARG B  18     -45.174 -38.768 110.187  1.00 31.06           C
ATOM   1760  O   ARG B  18     -45.801 -38.322 111.151  1.00 28.90           O
ATOM   1761  CB  ARG B  18     -45.273 -41.278 110.169  1.00 28.93           C
ATOM   1762  CG  ARG B  18     -46.000 -41.420 108.875  1.00 35.84           C
ATOM   1763  CD  ARG B  18     -46.955 -42.591 109.004  1.00 33.74           C
ATOM   1764  NE  ARG B  18     -47.724 -42.806 107.792  1.00 42.81           N
ATOM   1765  CZ  ARG B  18     -47.249 -43.450 106.731  1.00 49.16           C
ATOM   1766  NH1 ARG B  18     -45.993 -43.927 106.747  1.00 44.51           N1+
ATOM   1767  NH2 ARG B  18     -48.021 -43.606 105.656  1.00 37.48           N
ATOM   1768  N   ALA B  19     -45.104 -38.148 109.001  1.00 30.81           N
ATOM   1769  CA  ALA B  19     -45.764 -36.880 108.699  1.00 27.46           C
ATOM   1770  C   ALA B  19     -46.674 -37.020 107.488  1.00 27.67           C
ATOM   1771  O   ALA B  19     -46.284 -37.594 106.466  1.00 29.51           O
ATOM   1772  CB  ALA B  19     -44.745 -35.775 108.431  1.00 26.69           C
```

```
ATOM   1773  N   THR B  20     -47.863 -36.437 107.576  1.00 23.65           N
ATOM   1774  CA  THR B  20     -48.833 -36.478 106.489  1.00 28.01           C
ATOM   1775  C   THR B  20     -49.374 -35.076 106.258  1.00 29.74           C
ATOM   1776  O   THR B  20     -49.974 -34.477 107.155  1.00 31.62           O
ATOM   1777  CB  THR B  20     -49.966 -37.477 106.791  1.00 31.91           C
ATOM   1778  OG1 THR B  20     -49.516 -38.802 106.486  1.00 38.10           O
ATOM   1779  CG2 THR B  20     -51.212 -37.192 105.973  1.00 31.11           C
ATOM   1780  N   LEU B  21     -49.163 -34.561 105.054  1.00 28.91           N
ATOM   1781  CA  LEU B  21     -49.541 -33.209 104.693  1.00 27.86           C
ATOM   1782  C   LEU B  21     -50.689 -33.322 103.711  1.00 27.21           C
ATOM   1783  O   LEU B  21     -50.742 -34.261 102.921  1.00 27.15           O
ATOM   1784  CB  LEU B  21     -48.377 -32.459 104.031  1.00 24.41           C
ATOM   1785  CG  LEU B  21     -46.975 -32.345 104.643  1.00 26.45           C
ATOM   1786  CD1 LEU B  21     -46.405 -30.957 104.460  1.00 27.98           C
ATOM   1787  CD2 LEU B  21     -46.871 -32.762 106.081  1.00 28.98           C
ATOM   1788  N   SER B  22     -51.620 -32.390 103.764  1.00 27.44           N
ATOM   1789  CA  SER B  22     -52.739 -32.439 102.843  1.00 27.56           C
ATOM   1790  C   SER B  22     -52.718 -31.231 101.926  1.00 29.41           C
ATOM   1791  O   SER B  22     -52.281 -30.148 102.321  1.00 23.55           O
ATOM   1792  CB  SER B  22     -54.067 -32.506 103.571  1.00 22.71           C
ATOM   1793  OG  SER B  22     -54.374 -33.869 103.733  1.00 40.86           O
ATOM   1794  N   CYS B  23     -53.188 -31.445 100.693  1.00 24.46           N
ATOM   1795  CA  CYS B  23     -53.456 -30.379  99.735  1.00 26.64           C
ATOM   1796  C   CYS B  23     -54.824 -30.660  99.146  1.00 26.09           C
ATOM   1797  O   CYS B  23     -55.034 -31.718  98.547  1.00 30.05           O
ATOM   1798  CB  CYS B  23     -52.392 -30.330  98.623  1.00 29.42           C
ATOM   1799  SG  CYS B  23     -52.509 -28.931  97.438  1.00 45.36           S
ATOM   1800  N   ARG B  24     -55.756 -29.740  99.326  1.00 26.38           N
ATOM   1801  CA  ARG B  24     -57.084 -29.874  98.762  1.00 25.14           C
ATOM   1802  C   ARG B  24     -57.249 -28.870  97.633  1.00 27.66           C
ATOM   1803  O   ARG B  24     -56.984 -27.677  97.815  1.00 27.74           O
ATOM   1804  CB  ARG B  24     -58.151 -29.702  99.834  1.00 25.05           C
ATOM   1805  CG  ARG B  24     -58.148 -30.888 100.781  1.00 39.63           C
ATOM   1806  CD  ARG B  24     -58.919 -30.636 102.071  1.00 56.87           C
ATOM   1807  NE  ARG B  24     -60.337 -30.971 101.921  1.00 70.81           N
ATOM   1808  CZ  ARG B  24     -60.899 -32.091 102.373  1.00 75.66           C
ATOM   1809  NH1 ARG B  24     -60.156 -32.994 103.017  1.00 74.34           N1+
ATOM   1810  NH2 ARG B  24     -62.204 -32.303 102.187  1.00 69.31           N
ATOM   1811  N   ALA B  25     -57.657 -29.371  96.465  1.00 25.97           N
ATOM   1812  CA  ALA B  25     -57.809 -28.586  95.252  1.00 24.73           C
ATOM   1813  C   ALA B  25     -59.271 -28.236  95.024  1.00 25.92           C
ATOM   1814  O   ALA B  25     -60.147 -29.102  95.093  1.00 27.92           O
ATOM   1815  CB  ALA B  25     -57.263 -29.344  94.042  1.00 25.78           C
ATOM   1816  N   SER B  26     -59.524 -26.969  94.744  1.00 28.48           N
ATOM   1817  CA  SER B  26     -60.840 -26.517  94.342  1.00 26.13           C
ATOM   1818  C   SER B  26     -60.758 -25.481  93.190  1.00 29.42           C
ATOM   1819  O   SER B  26     -60.242 -24.370  93.373  1.00 30.69           O
ATOM   1820  CB  SER B  26     -61.562 -25.932  95.549  1.00 24.33           C
ATOM   1821  OG  SER B  26     -62.823 -25.420  95.178  1.00 39.40           O
ATOM   1822  N   PRO B  27     -61.248 -25.837  91.994  1.00 27.29           N
ATOM   1823  CA  PRO B  27     -61.824 -27.118  91.541  1.00 25.37           C
ATOM   1824  C   PRO B  27     -60.819 -28.258  91.496  1.00 27.72           C
ATOM   1825  O   PRO B  27     -59.639 -28.025  91.702  1.00 28.26           O
ATOM   1826  CB  PRO B  27     -62.331 -26.806  90.123  1.00 22.36           C
ATOM   1827  CG  PRO B  27     -61.831 -25.420  89.788  1.00 21.74           C
ATOM   1828  CD  PRO B  27     -61.584 -24.724  91.085  1.00 22.47           C
ATOM   1829  N   SER B  28     -61.284 -29.468  91.201  1.00 29.06           N
ATOM   1830  CA  SER B  28     -60.424 -30.643  91.235  1.00 29.98           C
ATOM   1831  C   SER B  28     -59.291 -30.567  90.206  1.00 31.92           C
ATOM   1832  O   SER B  28     -59.390 -29.898  89.174  1.00 33.40           O
ATOM   1833  CB  SER B  28     -61.256 -31.892  90.993  1.00 30.66           C
ATOM   1834  OG  SER B  28     -62.051 -32.132  92.124  1.00 36.68           O
ATOM   1835  N   VAL B  29     -58.219 -31.314  90.488  1.00 29.10           N
ATOM   1836  CA  VAL B  29     -57.081 -31.501  89.588  1.00 27.86           C
ATOM   1837  C   VAL B  29     -57.110 -32.960  89.140  1.00 34.14           C
ATOM   1838  O   VAL B  29     -56.339 -33.796  89.630  1.00 31.49           O
ATOM   1839  CB  VAL B  29     -55.739 -31.126  90.270  1.00 26.93           C
ATOM   1840  CG1 VAL B  29     -54.536 -31.343  89.352  1.00 31.84           C
ATOM   1841  CG2 VAL B  29     -55.741 -29.679  90.699  1.00 27.83           C
ATOM   1842  N   ASN B  30     -58.040 -33.287  88.234  1.00 37.48           N
ATOM   1843  CA  ASN B  30     -58.225 -34.670  87.784  1.00 33.93           C
```

```
ATOM   1844  C   ASN B  30     -57.128 -35.163  86.860  1.00 28.81           C
ATOM   1845  O   ASN B  30     -57.130 -36.351  86.526  1.00 35.16           O
ATOM   1846  CB  ASN B  30     -59.573 -34.847  87.088  1.00 30.66           C
ATOM   1847  CG  ASN B  30     -60.750 -34.648  88.034  1.00 32.10           C
ATOM   1848  OD1 ASN B  30     -60.735 -35.110  89.179  1.00 36.69           O
ATOM   1849  ND2 ASN B  30     -61.763 -33.952  87.564  1.00 29.33           N
ATOM   1850  N   SER B  31     -56.223 -34.293  86.406  1.00 30.18           N
ATOM   1851  CA  SER B  31     -55.082 -34.759  85.625  1.00 28.46           C
ATOM   1852  C   SER B  31     -54.004 -35.394  86.484  1.00 30.09           C
ATOM   1853  O   SER B  31     -53.192 -36.163  85.956  1.00 25.87           O
ATOM   1854  CB  SER B  31     -54.464 -33.608  84.839  1.00 28.04           C
ATOM   1855  OG  SER B  31     -54.110 -32.544  85.699  1.00 28.97           O
ATOM   1856  N   GLY B  32     -54.026 -35.129  87.797  1.00 30.79           N
ATOM   1857  CA  GLY B  32     -52.930 -35.453  88.685  1.00 23.28           C
ATOM   1858  C   GLY B  32     -51.708 -34.581  88.501  1.00 25.51           C
ATOM   1859  O   GLY B  32     -50.636 -34.931  88.982  1.00 24.92           O
ATOM   1860  N   TYR B  33     -51.838 -33.436  87.830  1.00 25.51           N
ATOM   1861  CA  TYR B  33     -50.697 -32.549  87.607  1.00 22.85           C
ATOM   1862  C   TYR B  33     -50.468 -31.718  88.875  1.00 28.41           C
ATOM   1863  O   TYR B  33     -50.739 -30.514  88.938  1.00 24.46           O
ATOM   1864  CB  TYR B  33     -50.934 -31.657  86.394  1.00 25.72           C
ATOM   1865  CG  TYR B  33     -50.986 -32.351  85.031  1.00 27.40           C
ATOM   1866  CD1 TYR B  33     -50.607 -33.684  84.869  1.00 25.12           C
ATOM   1867  CD2 TYR B  33     -51.398 -31.651  83.901  1.00 25.37           C
ATOM   1868  CE1 TYR B  33     -50.659 -34.306  83.618  1.00 27.61           C
ATOM   1869  CE2 TYR B  33     -51.443 -32.256  82.647  1.00 28.75           C
ATOM   1870  CZ  TYR B  33     -51.073 -33.582  82.505  1.00 31.43           C
ATOM   1871  OH  TYR B  33     -51.108 -34.164  81.251  1.00 25.68           O
ATOM   1872  N   LEU B  34     -49.964 -32.400  89.908  1.00 26.49           N
ATOM   1873  CA  LEU B  34     -49.740 -31.801  91.217  1.00 25.62           C
ATOM   1874  C   LEU B  34     -48.316 -32.075  91.697  1.00 25.75           C
ATOM   1875  O   LEU B  34     -47.893 -33.228  91.789  1.00 27.99           O
ATOM   1876  CB  LEU B  34     -50.742 -32.328  92.239  1.00 25.15           C
ATOM   1877  CG  LEU B  34     -50.732 -31.388  93.436  1.00 22.33           C
ATOM   1878  CD1 LEU B  34     -52.055 -30.748  93.532  1.00 24.71           C
ATOM   1879  CD2 LEU B  34     -50.401 -32.127  94.682  1.00 22.19           C
ATOM   1880  N   ALA B  35     -47.595 -31.021  92.035  1.00 26.54           N
ATOM   1881  CA  ALA B  35     -46.221 -31.114  92.497  1.00 27.18           C
ATOM   1882  C   ALA B  35     -46.154 -30.759  93.973  1.00 25.51           C
ATOM   1883  O   ALA B  35     -47.050 -30.117  94.516  1.00 24.44           O
ATOM   1884  CB  ALA B  35     -45.293 -30.186  91.706  1.00 20.44           C
ATOM   1885  N   TRP B  36     -45.088 -31.214  94.621  1.00 23.22           N
ATOM   1886  CA  TRP B  36     -44.790 -30.852  95.995  1.00 26.05           C
ATOM   1887  C   TRP B  36     -43.368 -30.316  96.037  1.00 25.42           C
ATOM   1888  O   TRP B  36     -42.462 -30.896  95.429  1.00 26.45           O
ATOM   1889  CB  TRP B  36     -44.935 -32.050  96.966  1.00 23.50           C
ATOM   1890  CG  TRP B  36     -46.328 -32.470  97.286  1.00 23.73           C
ATOM   1891  CD1 TRP B  36     -47.071 -33.413  96.633  1.00 26.66           C
ATOM   1892  CD2 TRP B  36     -47.144 -32.006  98.375  1.00 28.12           C
ATOM   1893  NE1 TRP B  36     -48.304 -33.549  97.229  1.00 24.58           N
ATOM   1894  CE2 TRP B  36     -48.374 -32.709  98.306  1.00 26.57           C
ATOM   1895  CE3 TRP B  36     -46.951 -31.079  99.407  1.00 20.21           C
ATOM   1896  CZ2 TRP B  36     -49.407 -32.506  99.222  1.00 22.88           C
ATOM   1897  CZ3 TRP B  36     -47.970 -30.872 100.294  1.00 23.52           C
ATOM   1898  CH2 TRP B  36     -49.190 -31.584 100.203  1.00 24.77           C
ATOM   1899  N   TYR B  37     -43.173 -29.219  96.764  1.00 25.12           N
ATOM   1900  CA  TYR B  37     -41.858 -28.628  96.947  1.00 23.85           C
ATOM   1901  C   TYR B  37     -41.551 -28.525  98.427  1.00 27.32           C
ATOM   1902  O   TYR B  37     -42.446 -28.279  99.247  1.00 28.76           O
ATOM   1903  CB  TYR B  37     -41.764 -27.229  96.341  1.00 25.99           C
ATOM   1904  CG  TYR B  37     -42.052 -27.217  94.879  1.00 25.68           C
ATOM   1905  CD2 TYR B  37     -41.025 -27.346  93.944  1.00 27.12           C
ATOM   1906  CD1 TYR B  37     -43.346 -27.106  94.426  1.00 20.71           C
ATOM   1907  CE2 TYR B  37     -41.296 -27.349  92.584  1.00 23.06           C
ATOM   1908  CE1 TYR B  37     -43.622 -27.112  93.088  1.00 25.67           C
ATOM   1909  CZ  TYR B  37     -42.598 -27.241  92.170  1.00 22.19           C
ATOM   1910  OH  TYR B  37     -42.911 -27.244  90.831  1.00 28.45           O
ATOM   1911  N   GLN B  38     -40.267 -28.679  98.742  1.00 24.78           N
ATOM   1912  CA  GLN B  38     -39.708 -28.428 100.061  1.00 26.12           C
ATOM   1913  C   GLN B  38     -38.871 -27.147 100.017  1.00 23.99           C
ATOM   1914  O   GLN B  38     -38.168 -26.890  99.034  1.00 22.68           O
```

```
ATOM   1915  CB  GLN B  38     -38.852 -29.619 100.509  1.00 24.24           C
ATOM   1916  CG  GLN B  38     -38.144 -29.399 101.826  1.00 22.10           C
ATOM   1917  CD  GLN B  38     -37.108 -30.460 102.113  1.00 26.91           C
ATOM   1918  OE1 GLN B  38     -36.023 -30.439 101.532  1.00 33.75           O
ATOM   1919  NE2 GLN B  38     -37.418 -31.376 103.032  1.00 24.91           N
ATOM   1920  N   GLN B  39     -38.944 -26.339 101.072  1.00 19.06           N
ATOM   1921  CA  GLN B  39     -38.193 -25.085 101.113  1.00 24.00           C
ATOM   1922  C   GLN B  39     -37.632 -24.846 102.498  1.00 23.43           C
ATOM   1923  O   GLN B  39     -38.389 -24.722 103.462  1.00 21.25           O
ATOM   1924  CB  GLN B  39     -39.043 -23.881 100.719  1.00 25.47           C
ATOM   1925  CG  GLN B  39     -38.226 -22.610 100.620  1.00 25.34           C
ATOM   1926  CD  GLN B  39     -39.027 -21.423 100.161  1.00 31.02           C
ATOM   1927  OE1 GLN B  39     -40.183 -21.244 100.538  1.00 34.04           O
ATOM   1928  NE2 GLN B  39     -38.418 -20.601  99.334  1.00 33.16           N
ATOM   1929  N   LYS B  40     -36.319 -24.712 102.575  1.00 25.20           N
ATOM   1930  CA  LYS B  40     -35.694 -24.322 103.822  1.00 25.84           C
ATOM   1931  C   LYS B  40     -35.497 -22.813 103.870  1.00 27.20           C
ATOM   1932  O   LYS B  40     -35.478 -22.145 102.827  1.00 26.37           O
ATOM   1933  CB  LYS B  40     -34.382 -25.077 103.991  1.00 27.92           C
ATOM   1934  CG  LYS B  40     -34.624 -26.487 104.544  1.00 30.32           C
ATOM   1935  CD  LYS B  40     -33.459 -27.416 104.259  1.00 42.40           C
ATOM   1936  CE  LYS B  40     -33.761 -28.834 104.704  1.00 39.36           C
ATOM   1937  NZ  LYS B  40     -33.984 -28.911 106.185  1.00 42.39           N1+
ATOM   1938  N   PRO B  41     -35.419 -22.231 105.072  1.00 28.86           N
ATOM   1939  CA  PRO B  41     -35.467 -20.757 105.192  1.00 27.65           C
ATOM   1940  C   PRO B  41     -34.345 -20.077 104.416  1.00 27.79           C
ATOM   1941  O   PRO B  41     -33.168 -20.420 104.558  1.00 30.55           O
ATOM   1942  CB  PRO B  41     -35.331 -20.523 106.701  1.00 25.62           C
ATOM   1943  CG  PRO B  41     -35.861 -21.785 107.321  1.00 23.53           C
ATOM   1944  CD  PRO B  41     -35.415 -22.885 106.393  1.00 22.03           C
ATOM   1945  N   GLY B  42     -34.724 -19.113 103.577  1.00 30.24           N
ATOM   1946  CA  GLY B  42     -33.743 -18.444 102.750  1.00 26.94           C
ATOM   1947  C   GLY B  42     -33.131 -19.294 101.657  1.00 34.34           C
ATOM   1948  O   GLY B  42     -32.033 -18.976 101.191  1.00 29.82           O
ATOM   1949  N   GLN B  43     -33.790 -20.388 101.254  1.00 29.49           N
ATOM   1950  CA  GLN B  43     -33.330 -21.236 100.164  1.00 29.08           C
ATOM   1951  C   GLN B  43     -34.400 -21.299  99.086  1.00 26.57           C
ATOM   1952  O   GLN B  43     -35.578 -21.019  99.329  1.00 28.43           O
ATOM   1953  CB  GLN B  43     -32.994 -22.665 100.622  1.00 33.38           C
ATOM   1954  CG  GLN B  43     -32.182 -22.796 101.894  1.00 31.30           C
ATOM   1955  CD  GLN B  43     -30.769 -22.262 101.737  1.00 45.21           C
ATOM   1956  OE1 GLN B  43     -30.173 -22.361 100.665  1.00 48.17           O
ATOM   1957  NE2 GLN B  43     -30.215 -21.713 102.818  1.00 50.07           N
ATOM   1958  N   THR B  44     -33.988 -21.698  97.895  1.00 28.06           N
ATOM   1959  CA  THR B  44     -34.976 -21.828  96.832  1.00 32.50           C
ATOM   1960  C   THR B  44     -35.755 -23.142  97.000  1.00 29.43           C
ATOM   1961  O   THR B  44     -35.282 -24.077  97.652  1.00 28.21           O
ATOM   1962  CB  THR B  44     -34.303 -21.769  95.453  1.00 28.68           C
ATOM   1963  OG1 THR B  44     -33.844 -23.064  95.087  1.00 33.54           O
ATOM   1964  CG2 THR B  44     -33.095 -20.847  95.473  1.00 35.23           C
ATOM   1965  N   PRO B  45     -36.982 -23.217  96.495  1.00 29.94           N
ATOM   1966  CA  PRO B  45     -37.745 -24.456  96.658  1.00 27.80           C
ATOM   1967  C   PRO B  45     -37.021 -25.614  95.982  1.00 24.29           C
ATOM   1968  O   PRO B  45     -36.256 -25.428  95.042  1.00 28.45           O
ATOM   1969  CB  PRO B  45     -39.079 -24.140  95.967  1.00 26.59           C
ATOM   1970  CG  PRO B  45     -39.175 -22.670  95.983  1.00 23.14           C
ATOM   1971  CD  PRO B  45     -37.774 -22.177  95.813  1.00 27.43           C
ATOM   1972  N   ARG B  46     -37.249 -26.817  96.485  1.00 24.84           N
ATOM   1973  CA  ARG B  46     -36.741 -28.036  95.863  1.00 27.05           C
ATOM   1974  C   ARG B  46     -37.920 -28.935  95.516  1.00 28.13           C
ATOM   1975  O   ARG B  46     -38.743 -29.258  96.385  1.00 27.30           O
ATOM   1976  CB  ARG B  46     -35.754 -28.763  96.782  1.00 27.57           C
ATOM   1977  CG  ARG B  46     -35.323 -30.144  96.305  1.00 35.27           C
ATOM   1978  CD  ARG B  46     -34.354 -30.799  97.302  1.00 42.68           C
ATOM   1979  NE  ARG B  46     -33.035 -30.146  97.316  1.00 59.78           N
ATOM   1980  CZ  ARG B  46     -32.623 -29.218  98.197  1.00 64.38           C
ATOM   1981  NH1 ARG B  46     -33.408 -28.780  99.199  1.00 56.48           N1+
ATOM   1982  NH2 ARG B  46     -31.399 -28.715  98.076  1.00 61.89           N
ATOM   1983  N   LEU B  47     -38.007 -29.318  94.244  1.00 28.50           N
ATOM   1984  CA  LEU B  47     -39.058 -30.216  93.781  1.00 25.28           C
ATOM   1985  C   LEU B  47     -38.930 -31.576  94.455  1.00 25.95           C
```

```
ATOM   1986  O   LEU B  47     -37.851 -32.175  94.457  1.00 30.65           O
ATOM   1987  CB  LEU B  47     -38.970 -30.365  92.262  1.00 27.11           C
ATOM   1988  CG  LEU B  47     -39.935 -31.368  91.643  1.00 27.81           C
ATOM   1989  CD1 LEU B  47     -41.357 -30.870  91.856  1.00 21.28           C
ATOM   1990  CD2 LEU B  47     -39.622 -31.533  90.175  1.00 24.15           C
ATOM   1991  N   LEU B  48     -40.027 -32.055  95.040  1.00 22.73           N
ATOM   1992  CA  LEU B  48     -40.056 -33.353  95.715  1.00 28.05           C
ATOM   1993  C   LEU B  48     -40.844 -34.397  94.953  1.00 30.46           C
ATOM   1994  O   LEU B  48     -40.406 -35.548  94.862  1.00 28.89           O
ATOM   1995  CB  LEU B  48     -40.685 -33.237  97.112  1.00 29.74           C
ATOM   1996  CG  LEU B  48     -40.032 -32.529  98.287  1.00 28.54           C
ATOM   1997  CD1 LEU B  48     -40.954 -32.632  99.462  1.00 25.93           C
ATOM   1998  CD2 LEU B  48     -38.712 -33.198  98.616  1.00 30.43           C
ATOM   1999  N   ILE B  49     -42.012 -33.999  94.435  1.00 26.40           N
ATOM   2000  CA  ILE B  49     -42.988 -34.879  93.804  1.00 26.75           C
ATOM   2001  C   ILE B  49     -43.560 -34.161  92.594  1.00 24.70           C
ATOM   2002  O   ILE B  49     -43.809 -32.958  92.648  1.00 22.99           O
ATOM   2003  CB  ILE B  49     -44.129 -35.264  94.780  1.00 26.52           C
ATOM   2004  CG1 ILE B  49     -43.583 -35.980  96.018  1.00 21.26           C
ATOM   2005  CG2 ILE B  49     -45.215 -36.049  94.058  1.00 20.52           C
ATOM   2006  CD1 ILE B  49     -43.212 -37.429  95.770  1.00 22.03           C
ATOM   2007  N   PHE B  50     -43.749 -34.888  91.491  1.00 26.33           N
ATOM   2008  CA  PHE B  50     -44.548 -34.395  90.375  1.00 26.42           C
ATOM   2009  C   PHE B  50     -45.564 -35.460  89.959  1.00 30.44           C
ATOM   2010  O   PHE B  50     -45.467 -36.634  90.342  1.00 27.91           O
ATOM   2011  CB  PHE B  50     -43.678 -33.982  89.184  1.00 21.93           C
ATOM   2012  CG  PHE B  50     -42.877 -35.114  88.610  1.00 30.11           C
ATOM   2013  CD1 PHE B  50     -43.407 -35.919  87.609  1.00 27.24           C
ATOM   2014  CD2 PHE B  50     -41.599 -35.383  89.079  1.00 28.83           C
ATOM   2015  CE1 PHE B  50     -42.682 -36.965  87.085  1.00 34.14           C
ATOM   2016  CE2 PHE B  50     -40.865 -36.430  88.547  1.00 34.66           C
ATOM   2017  CZ  PHE B  50     -41.409 -37.230  87.553  1.00 31.45           C
ATOM   2018  N   GLY B  51     -46.579 -35.022  89.216  1.00 29.06           N
ATOM   2019  CA  GLY B  51     -47.640 -35.920  88.790  1.00 23.55           C
ATOM   2020  C   GLY B  51     -48.357 -36.601  89.926  1.00 28.78           C
ATOM   2021  O   GLY B  51     -48.771 -37.758  89.789  1.00 31.77           O
ATOM   2022  N   ALA B  52     -48.497 -35.913  91.057  1.00 27.54           N
ATOM   2023  CA  ALA B  52     -49.180 -36.389  92.253  1.00 27.65           C
ATOM   2024  C   ALA B  52     -48.403 -37.468  92.995  1.00 27.89           C
ATOM   2025  O   ALA B  52     -48.422 -37.465  94.231  1.00 25.68           O
ATOM   2026  CB  ALA B  52     -50.589 -36.907  91.927  1.00 24.96           C
ATOM   2027  N   SER B  53     -47.679 -38.358  92.289  1.00 24.53           N
ATOM   2028  CA  SER B  53     -47.036 -39.468  93.002  1.00 27.35           C
ATOM   2029  C   SER B  53     -45.606 -39.792  92.588  1.00 30.40           C
ATOM   2030  O   SER B  53     -44.970 -40.616  93.257  1.00 31.18           O
ATOM   2031  CB  SER B  53     -47.855 -40.745  92.844  1.00 27.15           C
ATOM   2032  OG  SER B  53     -48.178 -40.933  91.485  1.00 33.66           O
ATOM   2033  N   SER B  54     -45.082 -39.207  91.526  1.00 27.47           N
ATOM   2034  CA  SER B  54     -43.758 -39.568  91.050  1.00 28.53           C
ATOM   2035  C   SER B  54     -42.717 -38.787  91.833  1.00 28.97           C
ATOM   2036  O   SER B  54     -42.754 -37.552  91.877  1.00 29.74           O
ATOM   2037  CB  SER B  54     -43.621 -39.289  89.556  1.00 27.68           C
ATOM   2038  OG  SER B  54     -44.449 -40.156  88.815  1.00 33.67           O
ATOM   2039  N   ARG B  55     -41.795 -39.519  92.432  1.00 27.26           N
ATOM   2040  CA  ARG B  55     -40.657 -38.955  93.138  1.00 32.14           C
ATOM   2041  C   ARG B  55     -39.710 -38.275  92.152  1.00 30.42           C
ATOM   2042  O   ARG B  55     -39.438 -38.817  91.084  1.00 34.35           O
ATOM   2043  CB  ARG B  55     -39.955 -40.099  93.864  1.00 28.20           C
ATOM   2044  CG  ARG B  55     -39.168 -39.786  95.061  1.00 33.52           C
ATOM   2045  CD  ARG B  55     -38.583 -41.090  95.651  1.00 37.14           C
ATOM   2046  NE  ARG B  55     -39.581 -41.791  96.442  1.00 41.03           N
ATOM   2047  CZ  ARG B  55     -40.134 -42.948  96.118  1.00 41.47           C
ATOM   2048  NH1 ARG B  55     -41.056 -43.474  96.923  1.00 39.94           N1+
ATOM   2049  NH2 ARG B  55     -39.756 -43.579  95.009  1.00 39.66           N
ATOM   2050  N   ALA B  56     -39.246 -37.068  92.483  1.00 32.10           N
ATOM   2051  CA  ALA B  56     -38.216 -36.416  91.686  1.00 34.96           C
ATOM   2052  C   ALA B  56     -36.843 -37.013  91.987  1.00 37.35           C
ATOM   2053  O   ALA B  56     -36.647 -37.718  92.975  1.00 43.05           O
ATOM   2054  CB  ALA B  56     -38.183 -34.911  91.952  1.00 30.18           C
ATOM   2055  N   THR B  57     -35.892 -36.740  91.111  1.00 37.37           N
ATOM   2056  CA  THR B  57     -34.521 -37.183  91.324  1.00 38.34           C
```

```
ATOM   2057  C   THR B  57     -33.836 -36.270  92.313  1.00 39.91           C
ATOM   2058  O   THR B  57     -34.179 -35.087  92.386  1.00 46.64           O
ATOM   2059  CB  THR B  57     -33.716 -37.185  90.020  1.00 45.59           C
ATOM   2060  OG1 THR B  57     -34.516 -36.612  88.969  1.00 40.75           O
ATOM   2061  CG2 THR B  57     -33.271 -38.620  89.674  1.00 44.70           C
ATOM   2062  N   GLY B  58     -32.937 -36.780  93.143  1.00 39.76           N
ATOM   2063  CA  GLY B  58     -32.957 -38.118  93.653  1.00 35.82           C
ATOM   2064  C   GLY B  58     -33.485 -37.854  95.061  1.00 40.59           C
ATOM   2065  O   GLY B  58     -32.728 -37.724  96.021  1.00 37.19           O
ATOM   2066  N   ILE B  59     -34.798 -37.704  95.160  1.00 33.85           N
ATOM   2067  CA  ILE B  59     -35.455 -37.513  96.450  1.00 31.14           C
ATOM   2068  C   ILE B  59     -35.518 -38.865  97.158  1.00 38.31           C
ATOM   2069  O   ILE B  59     -35.890 -39.859  96.524  1.00 35.35           O
ATOM   2070  CB  ILE B  59     -36.855 -36.904  96.264  1.00 29.49           C
ATOM   2071  CG1 ILE B  59     -36.817 -35.375  96.109  1.00 29.46           C
ATOM   2072  CG2 ILE B  59     -37.756 -37.240  97.420  1.00 30.78           C
ATOM   2073  CD1 ILE B  59     -35.937 -34.826  95.062  1.00 37.31           C
ATOM   2074  N   PRO B  60     -35.097 -38.960  98.459  1.00 38.88           N
ATOM   2075  CA  PRO B  60     -35.157 -40.238  99.191  1.00 33.20           C
ATOM   2076  C   PRO B  60     -36.530 -40.890  99.128  1.00 36.41           C
ATOM   2077  O   PRO B  60     -37.527 -40.200  98.889  1.00 37.79           O
ATOM   2078  CB  PRO B  60     -34.831 -39.817 100.629  1.00 34.92           C
ATOM   2079  CG  PRO B  60     -34.076 -38.600 100.501  1.00 30.53           C
ATOM   2080  CD  PRO B  60     -34.609 -37.876  99.320  1.00 31.01           C
ATOM   2081  N   ASP B  61     -36.626 -42.202  99.320  1.00 33.86           N
ATOM   2082  CA  ASP B  61     -37.968 -42.778  99.248  1.00 38.89           C
ATOM   2083  C   ASP B  61     -38.762 -42.694 100.558  1.00 33.94           C
ATOM   2084  O   ASP B  61     -39.868 -43.244 100.610  1.00 36.31           O
ATOM   2085  CB  ASP B  61     -37.897 -44.220  98.751  1.00 43.25           C
ATOM   2086  CG  ASP B  61     -36.955 -45.052  99.542  1.00 47.58           C
ATOM   2087  OD1 ASP B  61     -36.741 -44.735 100.731  1.00 49.56           O
ATOM   2088  OD2 ASP B  61     -36.427 -46.029  98.972  1.00 65.96           O1-
ATOM   2089  N   ARG B  62     -38.222 -42.061 101.609  1.00 32.55           N
ATOM   2090  CA  ARG B  62     -39.015 -41.532 102.717  1.00 32.36           C
ATOM   2091  C   ARG B  62     -40.241 -40.805 102.198  1.00 29.63           C
ATOM   2092  O   ARG B  62     -41.318 -40.850 102.794  1.00 30.70           O
ATOM   2093  CB  ARG B  62     -38.243 -40.501 103.536  1.00 35.05           C
ATOM   2094  CG  ARG B  62     -37.041 -40.958 104.180  1.00 36.82           C
ATOM   2095  CD  ARG B  62     -36.754 -40.043 105.334  1.00 38.78           C
ATOM   2096  NE  ARG B  62     -36.191 -38.739 105.001  1.00 39.12           N
ATOM   2097  CZ  ARG B  62     -35.001 -38.571 104.422  1.00 39.01           C
ATOM   2098  NH1 ARG B  62     -34.289 -39.630 104.056  1.00 36.63           N1+
ATOM   2099  NH2 ARG B  62     -34.530 -37.352 104.195  1.00 33.11           N
ATOM   2100  N   PHE B  63     -40.042 -40.074 101.115  1.00 31.12           N
ATOM   2101  CA  PHE B  63     -41.075 -39.242 100.534  1.00 35.11           C
ATOM   2102  C   PHE B  63     -41.916 -40.080  99.586  1.00 34.68           C
ATOM   2103  O   PHE B  63     -41.373 -40.790  98.729  1.00 30.34           O
ATOM   2104  CB  PHE B  63     -40.444 -38.054  99.803  1.00 27.94           C
ATOM   2105  CG  PHE B  63     -39.701 -37.135 100.713  1.00 28.72           C
ATOM   2106  CD1 PHE B  63     -38.408 -37.425 101.099  1.00 31.44           C
ATOM   2107  CD2 PHE B  63     -40.308 -36.008 101.227  1.00 30.94           C
ATOM   2108  CE1 PHE B  63     -37.731 -36.592 101.968  1.00 33.00           C
ATOM   2109  CE2 PHE B  63     -39.630 -35.178 102.097  1.00 29.25           C
ATOM   2110  CZ  PHE B  63     -38.344 -35.471 102.464  1.00 27.63           C
ATOM   2111  N   SER B  64     -43.235 -40.023  99.775  1.00 30.03           N
ATOM   2112  CA  SER B  64     -44.181 -40.581  98.819  1.00 30.73           C
ATOM   2113  C   SER B  64     -45.432 -39.715  98.844  1.00 27.36           C
ATOM   2114  O   SER B  64     -45.684 -38.974  99.796  1.00 25.57           O
ATOM   2115  CB  SER B  64     -44.501 -42.064  99.109  1.00 28.95           C
ATOM   2116  OG  SER B  64     -45.445 -42.217 100.156  1.00 29.24           O
ATOM   2117  N   ALA B  65     -46.221 -39.806  97.784  1.00 26.92           N
ATOM   2118  CA  ALA B  65     -47.407 -38.974  97.723  1.00 30.37           C
ATOM   2119  C   ALA B  65     -48.448 -39.670  96.870  1.00 30.47           C
ATOM   2120  O   ALA B  65     -48.134 -40.578  96.096  1.00 31.92           O
ATOM   2121  CB  ALA B  65     -47.087 -37.583  97.157  1.00 26.67           C
ATOM   2122  N   SER B  66     -49.692 -39.216  97.007  1.00 27.32           N
ATOM   2123  CA  SER B  66     -50.792 -39.781  96.242  1.00 30.42           C
ATOM   2124  C   SER B  66     -51.978 -38.825  96.278  1.00 27.86           C
ATOM   2125  O   SER B  66     -51.955 -37.788  96.938  1.00 30.99           O
ATOM   2126  CB  SER B  66     -51.165 -41.164  96.778  1.00 32.05           C
ATOM   2127  OG  SER B  66     -51.732 -41.026  98.065  1.00 42.20           O
```

```
ATOM   2128  N   GLY B  67     -53.025 -39.190  95.559  1.00 32.79           N
ATOM   2129  CA  GLY B  67     -54.256 -38.435  95.552  1.00 28.74           C
ATOM   2130  C   GLY B  67     -54.669 -38.125  94.138  1.00 34.13           C
ATOM   2131  O   GLY B  67     -53.835 -38.175  93.223  1.00 38.32           O
ATOM   2132  N   SER B  68     -55.943 -37.795  93.936  1.00 35.14           N
ATOM   2133  CA  SER B  68     -56.352 -37.221  92.663  1.00 35.12           C
ATOM   2134  C   SER B  68     -57.678 -36.522  92.863  1.00 35.78           C
ATOM   2135  O   SER B  68     -58.409 -36.804  93.810  1.00 40.40           O
ATOM   2136  CB  SER B  68     -56.473 -38.268  91.551  1.00 42.92           C
ATOM   2137  OG  SER B  68     -56.634 -37.637  90.276  1.00 47.38           O
ATOM   2138  N   GLY B  69     -57.990 -35.635  91.924  1.00 38.09           N
ATOM   2139  CA  GLY B  69     -59.167 -34.812  91.999  1.00 27.17           C
ATOM   2140  C   GLY B  69     -59.015 -33.747  93.048  1.00 30.94           C
ATOM   2141  O   GLY B  69     -58.281 -32.775  92.867  1.00 32.99           O
ATOM   2142  N   ALA B  70     -59.712 -33.901  94.161  1.00 36.50           N
ATOM   2143  CA  ALA B  70     -59.738 -32.812  95.113  1.00 33.81           C
ATOM   2144  C   ALA B  70     -58.726 -32.974  96.231  1.00 32.23           C
ATOM   2145  O   ALA B  70     -58.401 -31.980  96.877  1.00 32.47           O
ATOM   2146  CB  ALA B  70     -61.137 -32.661  95.704  1.00 27.91           C
ATOM   2147  N   ASP B  71     -58.216 -34.184  96.471  1.00 28.53           N
ATOM   2148  CA  ASP B  71     -57.431 -34.467  97.669  1.00 32.89           C
ATOM   2149  C   ASP B  71     -56.068 -35.055  97.343  1.00 29.82           C
ATOM   2150  O   ASP B  71     -55.966 -36.028  96.596  1.00 32.00           O
ATOM   2151  CB  ASP B  71     -58.176 -35.394  98.631  1.00 29.01           C
ATOM   2152  CG  ASP B  71     -59.067 -34.621  99.579  1.00 49.76           C
ATOM   2153  OD1 ASP B  71     -58.492 -34.037 100.529  1.00 51.82           O
ATOM   2154  OD2 ASP B  71     -60.313 -34.586  99.395  1.00 55.52           O1-
ATOM   2155  N   PHE B  72     -55.023 -34.452  97.915  1.00 28.01           N
ATOM   2156  CA  PHE B  72     -53.651 -34.911  97.756  1.00 26.76           C
ATOM   2157  C   PHE B  72     -52.964 -34.963  99.110  1.00 24.59           C
ATOM   2158  O   PHE B  72     -53.217 -34.129  99.987  1.00 27.45           O
ATOM   2159  CB  PHE B  72     -52.889 -34.002  96.778  1.00 29.56           C
ATOM   2160  CG  PHE B  72     -53.477 -34.000  95.391  1.00 29.36           C
ATOM   2161  CD1 PHE B  72     -54.491 -33.128  95.058  1.00 29.76           C
ATOM   2162  CD2 PHE B  72     -53.050 -34.917  94.441  1.00 28.24           C
ATOM   2163  CE1 PHE B  72     -55.056 -33.152  93.790  1.00 33.06           C
ATOM   2164  CE2 PHE B  72     -53.606 -34.935  93.163  1.00 29.21           C
ATOM   2165  CZ  PHE B  72     -54.619 -34.058  92.846  1.00 27.62           C
ATOM   2166  N   THR B  73     -52.117 -35.955  99.300  1.00 20.91           N
ATOM   2167  CA  THR B  73     -51.335 -36.002 100.516  1.00 24.42           C
ATOM   2168  C   THR B  73     -49.884 -36.323 100.180  1.00 25.69           C
ATOM   2169  O   THR B  73     -49.583 -37.044  99.216  1.00 24.83           O
ATOM   2170  CB  THR B  73     -51.917 -37.002 101.553  1.00 23.96           C
ATOM   2171  OG1 THR B  73     -51.922 -38.307 101.005  1.00 31.75           O
ATOM   2172  CG2 THR B  73     -53.357 -36.634 101.919  1.00 29.11           C
ATOM   2173  N   LEU B  74     -48.989 -35.720 100.963  1.00 25.80           N
ATOM   2174  CA  LEU B  74     -47.565 -36.023 100.955  1.00 26.02           C
ATOM   2175  C   LEU B  74     -47.252 -36.738 102.262  1.00 25.39           C
ATOM   2176  O   LEU B  74     -47.701 -36.303 103.322  1.00 25.96           O
ATOM   2177  CB  LEU B  74     -46.730 -34.747 100.811  1.00 22.71           C
ATOM   2178  CG  LEU B  74     -45.217 -34.943 100.997  1.00 27.97           C
ATOM   2179  CD1 LEU B  74     -44.602 -35.660  99.806  1.00 23.58           C
ATOM   2180  CD2 LEU B  74     -44.486 -33.635 101.264  1.00 25.42           C
ATOM   2181  N   THR B  75     -46.551 -37.866 102.182  1.00 25.21           N
ATOM   2182  CA  THR B  75     -46.187 -38.649 103.358  1.00 24.77           C
ATOM   2183  C   THR B  75     -44.676 -38.773 103.458  1.00 29.94           C
ATOM   2184  O   THR B  75     -44.012 -39.180 102.496  1.00 30.23           O
ATOM   2185  CB  THR B  75     -46.830 -40.040 103.345  1.00 27.93           C
ATOM   2186  OG1 THR B  75     -48.185 -39.936 103.785  1.00 33.93           O
ATOM   2187  CG2 THR B  75     -46.105 -40.998 104.261  1.00 32.07           C
ATOM   2188  N   ILE B  76     -44.145 -38.402 104.621  1.00 29.36           N
ATOM   2189  CA  ILE B  76     -42.760 -38.649 105.003  1.00 29.13           C
ATOM   2190  C   ILE B  76     -42.807 -39.727 106.074  1.00 29.72           C
ATOM   2191  O   ILE B  76     -43.436 -39.537 107.122  1.00 30.62           O
ATOM   2192  CB  ILE B  76     -42.070 -37.369 105.508  1.00 26.60           C
ATOM   2193  CG1 ILE B  76     -42.336 -36.210 104.551  1.00 32.41           C
ATOM   2194  CG2 ILE B  76     -40.581 -37.563 105.617  1.00 24.68           C
ATOM   2195  CD1 ILE B  76     -41.949 -34.861 105.118  1.00 27.44           C
ATOM   2196  N   SER B  77     -42.195 -40.878 105.798  1.00 31.29           N
ATOM   2197  CA  SER B  77     -42.453 -42.041 106.645  1.00 34.52           C
ATOM   2198  C   SER B  77     -41.647 -42.001 107.937  1.00 36.39           C
```

```
ATOM   2199  O   SER B  77     -42.148 -42.404 108.994  1.00 42.84           O
ATOM   2200  CB  SER B  77     -42.183 -43.327 105.871  1.00 28.00           C
ATOM   2201  OG  SER B  77     -40.838 -43.394 105.441  1.00 30.78           O
ATOM   2202  N   ARG B  78     -40.419 -41.502 107.873  1.00 29.86           N
ATOM   2203  CA  ARG B  78     -39.567 -41.274 109.032  1.00 29.69           C
ATOM   2204  C   ARG B  78     -38.973 -39.882 108.882  1.00 32.92           C
ATOM   2205  O   ARG B  78     -38.317 -39.601 107.879  1.00 33.41           O
ATOM   2206  CB  ARG B  78     -38.467 -42.342 109.133  1.00 39.68           C
ATOM   2207  CG  ARG B  78     -37.255 -41.895 109.982  1.00 45.90           C
ATOM   2208  CD  ARG B  78     -36.191 -42.997 110.245  1.00 50.49           C
ATOM   2209  NE  ARG B  78     -35.401 -42.741 111.473  1.00 56.24           N
ATOM   2210  CZ  ARG B  78     -35.796 -43.031 112.717  1.00 51.76           C
ATOM   2211  NH1 ARG B  78     -35.013 -42.754 113.768  1.00 42.94           N1+
ATOM   2212  NH2 ARG B  78     -36.989 -43.591 112.915  1.00 53.21           N
ATOM   2213  N   LEU B  79     -39.284 -38.987 109.813  1.00 33.51           N
ATOM   2214  CA  LEU B  79     -38.785 -37.612 109.757  1.00 30.48           C
ATOM   2215  C   LEU B  79     -37.289 -37.545 110.092  1.00 31.79           C
ATOM   2216  O   LEU B  79     -36.893 -37.791 111.233  1.00 34.10           O
ATOM   2217  CB  LEU B  79     -39.590 -36.756 110.722  1.00 29.33           C
ATOM   2218  CG  LEU B  79     -40.492 -35.683 110.136  1.00 29.23           C
ATOM   2219  CD1 LEU B  79     -40.779 -35.916 108.706  1.00 23.33           C
ATOM   2220  CD2 LEU B  79     -41.769 -35.681 110.920  1.00 27.74           C
ATOM   2221  N   GLU B  80     -36.439 -37.169 109.109  1.00 32.68           N
ATOM   2222  CA  GLU B  80     -35.028 -36.892 109.360  1.00 33.86           C
ATOM   2223  C   GLU B  80     -34.836 -35.408 109.665  1.00 35.88           C
ATOM   2224  O   GLU B  80     -35.701 -34.593 109.339  1.00 34.51           O
ATOM   2225  CB  GLU B  80     -34.186 -37.294 108.144  1.00 36.87           C
ATOM   2226  CG  GLU B  80     -34.116 -38.792 107.876  1.00 36.11           C
ATOM   2227  CD  GLU B  80     -33.480 -39.579 109.018  1.00 45.93           C
ATOM   2228  OE1 GLU B  80     -33.946 -40.719 109.264  1.00 47.66           O
ATOM   2229  OE2 GLU B  80     -32.553 -39.050 109.696  1.00 47.84           O1-
ATOM   2230  N   PRO B  81     -33.719 -35.014 110.302  1.00 38.88           N
ATOM   2231  CA  PRO B  81     -33.544 -33.588 110.659  1.00 34.21           C
ATOM   2232  C   PRO B  81     -33.719 -32.635 109.488  1.00 36.66           C
ATOM   2233  O   PRO B  81     -34.340 -31.574 109.634  1.00 35.85           O
ATOM   2234  CB  PRO B  81     -32.112 -33.540 111.209  1.00 41.16           C
ATOM   2235  CG  PRO B  81     -31.881 -34.922 111.747  1.00 43.24           C
ATOM   2236  CD  PRO B  81     -32.600 -35.843 110.790  1.00 43.50           C
ATOM   2237  N   GLU B  82     -33.190 -32.994 108.325  1.00 33.34           N
ATOM   2238  CA  GLU B  82     -33.310 -32.225 107.093  1.00 34.68           C
ATOM   2239  C   GLU B  82     -34.704 -32.235 106.492  1.00 36.53           C
ATOM   2240  O   GLU B  82     -34.861 -31.767 105.360  1.00 32.72           O
ATOM   2241  CB  GLU B  82     -32.363 -32.799 106.059  1.00 37.11           C
ATOM   2242  CG  GLU B  82     -32.783 -34.160 105.573  1.00 41.97           C
ATOM   2243  CD  GLU B  82     -31.777 -35.240 105.930  1.00 51.14           C
ATOM   2244  OE1 GLU B  82     -31.259 -35.252 107.093  1.00 45.81           O
ATOM   2245  OE2 GLU B  82     -31.522 -36.080 105.032  1.00 60.52           O1-
ATOM   2246  N   ASP B  83     -35.691 -32.835 107.151  1.00 36.25           N
ATOM   2247  CA  ASP B  83     -37.045 -32.856 106.622  1.00 30.47           C
ATOM   2248  C   ASP B  83     -37.924 -31.782 107.227  1.00 26.07           C
ATOM   2249  O   ASP B  83     -39.029 -31.554 106.726  1.00 22.59           O
ATOM   2250  CB  ASP B  83     -37.673 -34.235 106.815  1.00 28.20           C
ATOM   2251  CG  ASP B  83     -36.966 -35.300 105.987  1.00 37.30           C
ATOM   2252  OD1 ASP B  83     -36.200 -34.897 105.068  1.00 38.14           O
ATOM   2253  OD2 ASP B  83     -37.177 -36.519 106.234  1.00 37.91           O1-
ATOM   2254  N   PHE B  84     -37.420 -31.069 108.221  1.00 22.98           N
ATOM   2255  CA  PHE B  84     -38.174 -30.025 108.897  1.00 27.33           C
ATOM   2256  C   PHE B  84     -37.971 -28.727 108.122  1.00 28.99           C
ATOM   2257  O   PHE B  84     -36.861 -28.182 108.083  1.00 25.03           O
ATOM   2258  CB  PHE B  84     -37.721 -29.926 110.346  1.00 27.37           C
ATOM   2259  CG  PHE B  84     -37.992 -31.172 111.114  1.00 29.16           C
ATOM   2260  CD2 PHE B  84     -39.193 -31.337 111.794  1.00 27.59           C
ATOM   2261  CD1 PHE B  84     -37.076 -32.213 111.100  1.00 25.70           C
ATOM   2262  CE2 PHE B  84     -39.456 -32.507 112.497  1.00 31.00           C
ATOM   2263  CE1 PHE B  84     -37.334 -33.386 111.793  1.00 31.57           C
ATOM   2264  CZ  PHE B  84     -38.527 -33.529 112.505  1.00 32.40           C
ATOM   2265  N   ALA B  85     -39.048 -28.257 107.494  1.00 26.46           N
ATOM   2266  CA  ALA B  85     -39.022 -27.288 106.408  1.00 23.46           C
ATOM   2267  C   ALA B  85     -40.457 -26.866 106.126  1.00 23.53           C
ATOM   2268  O   ALA B  85     -41.404 -27.329 106.771  1.00 22.25           O
ATOM   2269  CB  ALA B  85     -38.376 -27.893 105.154  1.00 21.86           C
```

```
ATOM   2270  N   VAL B  86     -40.617 -26.039 105.105  1.00 23.47           N
ATOM   2271  CA  VAL B  86     -41.936 -25.680 104.600  1.00 23.19           C
ATOM   2272  C   VAL B  86     -42.201 -26.477 103.330  1.00 22.81           C
ATOM   2273  O   VAL B  86     -41.314 -26.672 102.500  1.00 22.61           O
ATOM   2274  CB  VAL B  86     -42.053 -24.162 104.366  1.00 25.35           C
ATOM   2275  CG1 VAL B  86     -43.330 -23.837 103.664  1.00 26.56           C
ATOM   2276  CG2 VAL B  86     -42.014 -23.424 105.700  1.00 19.36           C
ATOM   2277  N   TYR B  87     -43.417 -26.967 103.188  1.00 23.96           N
ATOM   2278  CA  TYR B  87     -43.798 -27.738 102.021  1.00 25.43           C
ATOM   2279  C   TYR B  87     -44.915 -27.002 101.304  1.00 27.51           C
ATOM   2280  O   TYR B  87     -45.806 -26.452 101.949  1.00 24.76           O
ATOM   2281  CB  TYR B  87     -44.216 -29.157 102.418  1.00 22.13           C
ATOM   2282  CG  TYR B  87     -43.036 -29.940 102.943  1.00 26.73           C
ATOM   2283  CD1 TYR B  87     -42.575 -29.754 104.253  1.00 22.18           C
ATOM   2284  CD2 TYR B  87     -42.355 -30.833 102.129  1.00 22.28           C
ATOM   2285  CE1 TYR B  87     -41.484 -30.435 104.729  1.00 21.84           C
ATOM   2286  CE2 TYR B  87     -41.256 -31.533 102.612  1.00 25.81           C
ATOM   2287  CZ  TYR B  87     -40.816 -31.334 103.906  1.00 22.45           C
ATOM   2288  OH  TYR B  87     -39.716 -32.037 104.374  1.00 18.88           O
ATOM   2289  N   PHE B  88     -44.823 -26.949  99.973  1.00 25.00           N
ATOM   2290  CA  PHE B  88     -45.780 -26.258  99.124  1.00 26.03           C
ATOM   2291  C   PHE B  88     -46.299 -27.240  98.077  1.00 30.78           C
ATOM   2292  O   PHE B  88     -45.519 -28.026  97.519  1.00 30.24           O
ATOM   2293  CB  PHE B  88     -45.131 -25.063  98.406  1.00 27.78           C
ATOM   2294  CG  PHE B  88     -44.809 -23.887  99.307  1.00 31.23           C
ATOM   2295  CD1 PHE B  88     -45.802 -23.008  99.730  1.00 30.25           C
ATOM   2296  CD2 PHE B  88     -43.494 -23.634  99.690  1.00 30.31           C
ATOM   2297  CE1 PHE B  88     -45.493 -21.904 100.539  1.00 30.57           C
ATOM   2298  CE2 PHE B  88     -43.185 -22.549 100.489  1.00 34.11           C
ATOM   2299  CZ  PHE B  88     -44.197 -21.678 100.917  1.00 34.33           C
ATOM   2300  N   CYS B  89     -47.603 -27.210  97.808  1.00 25.66           N
ATOM   2301  CA  CYS B  89     -48.130 -27.930  96.660  1.00 24.07           C
ATOM   2302  C   CYS B  89     -48.355 -26.953  95.513  1.00 23.52           C
ATOM   2303  O   CYS B  89     -48.402 -25.739  95.708  1.00 21.13           O
ATOM   2304  CB  CYS B  89     -49.416 -28.709  96.998  1.00 21.36           C
ATOM   2305  SG  CYS B  89     -50.748 -27.800  97.719  1.00 30.20           S
ATOM   2306  N   GLN B  90     -48.451 -27.502  94.302  1.00 22.98           N
ATOM   2307  CA  GLN B  90     -48.547 -26.702  93.085  1.00 23.61           C
ATOM   2308  C   GLN B  90     -49.265 -27.514  92.017  1.00 24.59           C
ATOM   2309  O   GLN B  90     -48.979 -28.703  91.859  1.00 24.95           O
ATOM   2310  CB  GLN B  90     -47.153 -26.272  92.588  1.00 23.03           C
ATOM   2311  CG  GLN B  90     -47.199 -25.382  91.346  1.00 24.92           C
ATOM   2312  CD  GLN B  90     -46.481 -25.971  90.137  1.00 26.13           C
ATOM   2313  OE1 GLN B  90     -45.402 -26.556  90.261  1.00 32.43           O
ATOM   2314  NE2 GLN B  90     -47.093 -25.847  88.969  1.00 23.23           N
ATOM   2315  N   GLN B  91     -50.221 -26.897  91.319  1.00 22.59           N
ATOM   2316  CA  GLN B  91     -50.911 -27.567  90.224  1.00 24.25           C
ATOM   2317  C   GLN B  91     -50.510 -26.926  88.899  1.00 25.92           C
ATOM   2318  O   GLN B  91     -50.206 -25.731  88.830  1.00 24.83           O
ATOM   2319  CB  GLN B  91     -52.449 -27.564  90.405  1.00 19.74           C
ATOM   2320  CG  GLN B  91     -53.125 -26.219  90.299  1.00 21.60           C
ATOM   2321  CD  GLN B  91     -53.417 -25.811  88.871  1.00 24.32           C
ATOM   2322  OE1 GLN B  91     -53.515 -26.657  87.975  1.00 23.50           O
ATOM   2323  NE2 GLN B  91     -53.561 -24.499  88.648  1.00 23.44           N
ATOM   2324  N   TYR B  92     -50.462 -27.737  87.850  1.00 24.33           N
ATOM   2325  CA  TYR B  92     -50.099 -27.241  86.524  1.00 26.73           C
ATOM   2326  C   TYR B  92     -51.027 -27.842  85.493  1.00 27.55           C
ATOM   2327  O   TYR B  92     -50.626 -28.137  84.362  1.00 29.60           O
ATOM   2328  CB  TYR B  92     -48.610 -27.501  86.194  1.00 23.03           C
ATOM   2329  CG  TYR B  92     -48.133 -28.903  86.494  1.00 22.43           C
ATOM   2330  CD1 TYR B  92     -47.776 -29.257  87.789  1.00 22.77           C
ATOM   2331  CD2 TYR B  92     -48.036 -29.874  85.496  1.00 22.32           C
ATOM   2332  CE1 TYR B  92     -47.349 -30.533  88.095  1.00 22.69           C
ATOM   2333  CE2 TYR B  92     -47.589 -31.154  85.788  1.00 21.88           C
ATOM   2334  CZ  TYR B  92     -47.254 -31.478  87.096  1.00 23.71           C
ATOM   2335  OH  TYR B  92     -46.820 -32.729  87.444  1.00 20.44           O
ATOM   2336  N   GLU B  93     -52.289 -28.031  85.880  1.00 27.99           N
ATOM   2337  CA  GLU B  93     -53.312 -28.512  84.958  1.00 30.82           C
ATOM   2338  C   GLU B  93     -53.999 -27.364  84.244  1.00 31.11           C
ATOM   2339  O   GLU B  93     -54.182 -27.424  83.026  1.00 30.30           O
ATOM   2340  CB  GLU B  93     -54.360 -29.364  85.691  1.00 30.98           C
```

```
ATOM   2341  CG  GLU B  93     -55.690 -29.496  84.939  1.00 25.68           C
ATOM   2342  CD  GLU B  93     -56.678 -30.425  85.629  1.00 33.12           C
ATOM   2343  OE1 GLU B  93     -56.247 -31.498  86.123  1.00 31.54           O
ATOM   2344  OE2 GLU B  93     -57.889 -30.090  85.680  1.00 32.74           O1-
ATOM   2345  N   SER B  94     -54.366 -26.310  84.970  1.00 30.35           N
ATOM   2346  CA  SER B  94     -55.097 -25.199  84.378  1.00 32.23           C
ATOM   2347  C   SER B  94     -54.388 -23.888  84.703  1.00 28.38           C
ATOM   2348  O   SER B  94     -54.044 -23.617  85.861  1.00 23.42           O
ATOM   2349  CB  SER B  94     -56.556 -25.171  84.862  1.00 32.62           C
ATOM   2350  OG  SER B  94     -57.144 -23.891  84.656  1.00 44.26           O
ATOM   2351  N   SER B  95     -54.180 -23.077  83.678  1.00 29.26           N
ATOM   2352  CA  SER B  95     -53.498 -21.814  83.854  1.00 28.94           C
ATOM   2353  C   SER B  95     -54.464 -20.862  84.524  1.00 28.67           C
ATOM   2354  O   SER B  95     -55.645 -20.897  84.219  1.00 29.79           O
ATOM   2355  CB  SER B  95     -53.015 -21.271  82.514  1.00 23.10           C
ATOM   2356  OG  SER B  95     -52.370 -20.022  82.690  1.00 38.38           O
ATOM   2357  N   PRO B  96     -53.976 -20.029  85.458  1.00 27.09           N
ATOM   2358  CA  PRO B  96     -52.599 -19.892  85.956  1.00 26.26           C
ATOM   2359  C   PRO B  96     -52.131 -21.034  86.857  1.00 27.92           C
ATOM   2360  O   PRO B  96     -52.933 -21.550  87.627  1.00 31.29           O
ATOM   2361  CB  PRO B  96     -52.658 -18.601  86.768  1.00 25.28           C
ATOM   2362  CG  PRO B  96     -54.047 -18.557  87.258  1.00 27.55           C
ATOM   2363  CD  PRO B  96     -54.892 -19.111  86.148  1.00 23.84           C
ATOM   2364  N   TRP B  97     -50.858 -21.419  86.786  1.00 26.30           N
ATOM   2365  CA  TRP B  97     -50.330 -22.305  87.811  1.00 26.57           C
ATOM   2366  C   TRP B  97     -50.524 -21.661  89.178  1.00 25.80           C
ATOM   2367  O   TRP B  97     -50.307 -20.460  89.358  1.00 25.76           O
ATOM   2368  CB  TRP B  97     -48.847 -22.617  87.594  1.00 25.63           C
ATOM   2369  CG  TRP B  97     -48.411 -23.337  86.309  1.00 28.94           C
ATOM   2370  CD1 TRP B  97     -47.124 -23.541  85.926  1.00 29.48           C
ATOM   2371  CD2 TRP B  97     -49.229 -23.928  85.264  1.00 29.78           C
ATOM   2372  NE1 TRP B  97     -47.073 -24.216  84.733  1.00 32.61           N
ATOM   2373  CE2 TRP B  97     -48.344 -24.459  84.296  1.00 28.86           C
ATOM   2374  CE3 TRP B  97     -50.608 -24.072  85.061  1.00 29.91           C
ATOM   2375  CZ2 TRP B  97     -48.789 -25.116  83.134  1.00 31.43           C
ATOM   2376  CZ3 TRP B  97     -51.054 -24.724  83.902  1.00 28.75           C
ATOM   2377  CH2 TRP B  97     -50.140 -25.232  82.951  1.00 31.01           C
ATOM   2378  N   THR B  98     -50.931 -22.460  90.148  1.00 21.99           N
ATOM   2379  CA  THR B  98     -51.167 -21.932  91.472  1.00 23.81           C
ATOM   2380  C   THR B  98     -50.474 -22.819  92.488  1.00 23.94           C
ATOM   2381  O   THR B  98     -50.148 -23.973  92.215  1.00 25.95           O
ATOM   2382  CB  THR B  98     -52.674 -21.787  91.782  1.00 26.18           C
ATOM   2383  OG1 THR B  98     -53.374 -23.006  91.498  1.00 23.15           O
ATOM   2384  CG2 THR B  98     -53.270 -20.618  90.969  1.00 24.44           C
ATOM   2385  N   PHE B  99     -50.184 -22.209  93.633  1.00 28.63           N
ATOM   2386  CA  PHE B  99     -49.511 -22.803  94.776  1.00 26.82           C
ATOM   2387  C   PHE B  99     -50.436 -22.773  95.988  1.00 29.46           C
ATOM   2388  O   PHE B  99     -51.311 -21.912  96.089  1.00 31.15           O
ATOM   2389  CB  PHE B  99     -48.236 -22.020  95.121  1.00 27.58           C
ATOM   2390  CG  PHE B  99     -47.123 -22.166  94.115  1.00 26.17           C
ATOM   2391  CD1 PHE B  99     -46.212 -23.210  94.213  1.00 21.23           C
ATOM   2392  CD2 PHE B  99     -46.970 -21.236  93.096  1.00 26.56           C
ATOM   2393  CE1 PHE B  99     -45.179 -23.346  93.313  1.00 23.45           C
ATOM   2394  CE2 PHE B  99     -45.935 -21.362  92.177  1.00 28.21           C
ATOM   2395  CZ  PHE B  99     -45.028 -22.420  92.291  1.00 25.30           C
ATOM   2396  N   GLY B 100     -50.252 -23.722  96.909  1.00 29.01           N
ATOM   2397  CA  GLY B 100     -50.849 -23.604  98.224  1.00 26.65           C
ATOM   2398  C   GLY B 100     -50.062 -22.660  99.136  1.00 32.15           C
ATOM   2399  O   GLY B 100     -48.953 -22.224  98.831  1.00 30.70           O
ATOM   2400  N   GLN B 101     -50.651 -22.339 100.291  1.00 32.09           N
ATOM   2401  CA  GLN B 101     -49.953 -21.455 101.219  1.00 27.63           C
ATOM   2402  C   GLN B 101     -48.788 -22.134 101.926  1.00 31.28           C
ATOM   2403  O   GLN B 101     -47.993 -21.430 102.555  1.00 31.67           O
ATOM   2404  CB  GLN B 101     -50.888 -20.871 102.296  1.00 31.00           C
ATOM   2405  CG  GLN B 101     -52.371 -21.297 102.285  1.00 41.04           C
ATOM   2406  CD  GLN B 101     -52.581 -22.771 102.623  1.00 41.89           C
ATOM   2407  OE1 GLN B 101     -52.927 -23.567 101.736  1.00 36.09           O
ATOM   2408  NE2 GLN B 101     -52.365 -23.147 103.900  1.00 37.62           N
ATOM   2409  N   GLY B 102     -48.665 -23.453 101.858  1.00 26.43           N
ATOM   2410  CA  GLY B 102     -47.548 -24.085 102.535  1.00 24.50           C
ATOM   2411  C   GLY B 102     -47.895 -24.678 103.898  1.00 27.19           C
```

```
ATOM   2412  O   GLY B 102     -48.800 -24.215 104.600  1.00 27.42           O
ATOM   2413  N   THR B 103     -47.158 -25.724 104.283  1.00 24.40           N
ATOM   2414  CA  THR B 103     -47.207 -26.276 105.634  1.00 27.22           C
ATOM   2415  C   THR B 103     -45.806 -26.259 106.239  1.00 25.76           C
ATOM   2416  O   THR B 103     -44.857 -26.746 105.621  1.00 27.96           O
ATOM   2417  CB  THR B 103     -47.752 -27.718 105.647  1.00 28.05           C
ATOM   2418  OG1 THR B 103     -49.120 -27.729 105.232  1.00 31.71           O
ATOM   2419  CG2 THR B 103     -47.654 -28.348 107.061  1.00 25.08           C
ATOM   2420  N   LYS B 104     -45.673 -25.709 107.442  1.00 22.08           N
ATOM   2421  CA  LYS B 104     -44.409 -25.758 108.159  1.00 26.19           C
ATOM   2422  C   LYS B 104     -44.360 -27.021 109.014  1.00 27.07           C
ATOM   2423  O   LYS B 104     -45.205 -27.212 109.889  1.00 28.44           O
ATOM   2424  CB  LYS B 104     -44.212 -24.523 109.032  1.00 25.21           C
ATOM   2425  CG  LYS B 104     -42.846 -24.510 109.709  1.00 26.78           C
ATOM   2426  CD  LYS B 104     -42.677 -23.365 110.699  1.00 30.43           C
ATOM   2427  CE  LYS B 104     -41.301 -23.463 111.391  1.00 45.22           C
ATOM   2428  NZ  LYS B 104     -40.967 -22.316 112.301  1.00 44.27           N1+
ATOM   2429  N   VAL B 105     -43.366 -27.869 108.779  1.00 25.76           N
ATOM   2430  CA  VAL B 105     -43.119 -29.033 109.624  1.00 29.32           C
ATOM   2431  C   VAL B 105     -42.005 -28.664 110.597  1.00 27.51           C
ATOM   2432  O   VAL B 105     -40.841 -28.516 110.211  1.00 25.98           O
ATOM   2433  CB  VAL B 105     -42.757 -30.283 108.813  1.00 24.39           C
ATOM   2434  CG1 VAL B 105     -42.488 -31.445 109.776  1.00 26.12           C
ATOM   2435  CG2 VAL B 105     -43.868 -30.636 107.890  1.00 21.86           C
ATOM   2436  N   GLU B 106     -42.367 -28.533 111.863  1.00 31.16           N
ATOM   2437  CA  GLU B 106     -41.473 -28.092 112.919  1.00 28.93           C
ATOM   2438  C   GLU B 106     -41.144 -29.242 113.875  1.00 33.11           C
ATOM   2439  O   GLU B 106     -41.922 -30.197 114.030  1.00 30.26           O
ATOM   2440  CB  GLU B 106     -42.130 -26.943 113.669  1.00 31.52           C
ATOM   2441  CG  GLU B 106     -41.324 -26.435 114.830  1.00 41.69           C
ATOM   2442  CD  GLU B 106     -42.170 -26.121 116.028  1.00 37.31           C
ATOM   2443  OE1 GLU B 106     -42.903 -27.027 116.485  1.00 37.32           O
ATOM   2444  OE2 GLU B 106     -42.102 -24.963 116.492  1.00 39.39           O1-
ATOM   2445  N   ILE B 107     -39.971 -29.149 114.495  1.00 26.80           N
ATOM   2446  CA  ILE B 107     -39.486 -30.168 115.421  1.00 28.39           C
ATOM   2447  C   ILE B 107     -40.205 -30.038 116.755  1.00 32.03           C
ATOM   2448  O   ILE B 107     -40.118 -29.003 117.420  1.00 27.69           O
ATOM   2449  CB  ILE B 107     -37.974 -30.050 115.622  1.00 26.88           C
ATOM   2450  CG1 ILE B 107     -37.240 -30.423 114.344  1.00 27.26           C
ATOM   2451  CG2 ILE B 107     -37.552 -30.898 116.793  1.00 26.83           C
ATOM   2452  CD1 ILE B 107     -35.799 -30.043 114.347  1.00 30.15           C
ATOM   2453  N   LYS B 108     -40.866 -31.106 117.182  1.00 31.78           N
ATOM   2454  CA  LYS B 108     -41.455 -31.110 118.512  1.00 32.40           C
ATOM   2455  C   LYS B 108     -40.382 -31.497 119.529  1.00 32.97           C
ATOM   2456  O   LYS B 108     -39.654 -32.475 119.336  1.00 33.78           O
ATOM   2457  CB  LYS B 108     -42.649 -32.069 118.567  1.00 34.38           C
ATOM   2458  CG  LYS B 108     -43.460 -32.006 119.864  1.00 35.60           C
ATOM   2459  CD  LYS B 108     -44.379 -33.223 120.000  1.00 34.87           C
ATOM   2460  CE  LYS B 108     -45.671 -32.857 120.690  1.00 39.16           C
ATOM   2461  NZ  LYS B 108     -45.560 -31.457 121.228  1.00 41.36           N1+
ATOM   2462  N   ARG B 109     -40.270 -30.720 120.604  1.00 30.43           N
ATOM   2463  CA  ARG B 109     -39.298 -30.996 121.651  1.00 27.95           C
ATOM   2464  C   ARG B 109     -39.942 -30.659 122.985  1.00 29.25           C
ATOM   2465  O   ARG B 109     -41.117 -30.284 123.040  1.00 33.46           O
ATOM   2466  CB  ARG B 109     -37.993 -30.224 121.445  1.00 27.54           C
ATOM   2467  CG  ARG B 109     -38.128 -28.705 121.378  1.00 29.91           C
ATOM   2468  CD  ARG B 109     -36.873 -28.023 121.928  1.00 26.11           C
ATOM   2469  NE  ARG B 109     -36.853 -28.173 123.386  1.00 32.71           N
ATOM   2470  CZ  ARG B 109     -35.751 -28.189 124.126  1.00 27.84           C
ATOM   2471  NH1 ARG B 109     -35.827 -28.351 125.449  1.00 24.67           N1+
ATOM   2472  NH2 ARG B 109     -34.577 -28.039 123.536  1.00 23.42           N
ATOM   2473  N   THR B 110     -39.191 -30.838 124.073  1.00 27.37           N
ATOM   2474  CA  THR B 110     -39.762 -30.554 125.385  1.00 28.62           C
ATOM   2475  C   THR B 110     -39.775 -29.056 125.631  1.00 29.53           C
ATOM   2476  O   THR B 110     -38.878 -28.311 125.203  1.00 26.75           O
ATOM   2477  CB  THR B 110     -39.006 -31.227 126.546  1.00 27.19           C
ATOM   2478  OG1 THR B 110     -37.641 -30.803 126.570  1.00 31.87           O
ATOM   2479  CG2 THR B 110     -39.052 -32.727 126.445  1.00 25.84           C
ATOM   2480  N   VAL B 111     -40.796 -28.630 126.367  1.00 31.89           N
ATOM   2481  CA  VAL B 111     -40.905 -27.236 126.752  1.00 33.07           C
ATOM   2482  C   VAL B 111     -39.618 -26.751 127.407  1.00 31.48           C
```

```
ATOM   2483  O   VAL B 111     -38.982 -27.463 128.195  1.00 31.62           O
ATOM   2484  CB  VAL B 111     -42.112 -27.056 127.683  1.00 30.76           C
ATOM   2485  CG1 VAL B 111     -42.176 -25.612 128.149  1.00 27.34           C
ATOM   2486  CG2 VAL B 111     -43.381 -27.478 126.949  1.00 24.38           C
ATOM   2487  N   ALA B 112     -39.223 -25.532 127.044  1.00 29.57           N
ATOM   2488  CA  ALA B 112     -38.047 -24.863 127.582  1.00 25.09           C
ATOM   2489  C   ALA B 112     -38.425 -23.405 127.788  1.00 30.16           C
ATOM   2490  O   ALA B 112     -38.831 -22.734 126.835  1.00 27.80           O
ATOM   2491  CB  ALA B 112     -36.844 -24.984 126.639  1.00 23.34           C
ATOM   2492  N   ALA B 113     -38.318 -22.928 129.029  1.00 32.01           N
ATOM   2493  CA  ALA B 113     -38.663 -21.549 129.326  1.00 28.03           C
ATOM   2494  C   ALA B 113     -37.579 -20.640 128.768  1.00 29.40           C
ATOM   2495  O   ALA B 113     -36.412 -21.035 128.710  1.00 31.93           O
ATOM   2496  CB  ALA B 113     -38.799 -21.325 130.830  1.00 23.97           C
ATOM   2497  N   PRO B 114     -37.934 -19.422 128.353  1.00 27.52           N
ATOM   2498  CA  PRO B 114     -36.911 -18.489 127.860  1.00 27.42           C
ATOM   2499  C   PRO B 114     -36.095 -17.920 129.004  1.00 27.03           C
ATOM   2500  O   PRO B 114     -36.590 -17.719 130.108  1.00 29.23           O
ATOM   2501  CB  PRO B 114     -37.731 -17.386 127.186  1.00 27.64           C
ATOM   2502  CG  PRO B 114     -39.012 -17.376 127.998  1.00 27.54           C
ATOM   2503  CD  PRO B 114     -39.274 -18.806 128.403  1.00 24.48           C
ATOM   2504  N   SER B 115     -34.835 -17.635 128.730  1.00 27.91           N
ATOM   2505  CA  SER B 115     -34.092 -16.739 129.592  1.00 25.63           C
ATOM   2506  C   SER B 115     -34.236 -15.331 129.028  1.00 25.72           C
ATOM   2507  O   SER B 115     -34.238 -15.130 127.814  1.00 27.20           O
ATOM   2508  CB  SER B 115     -32.628 -17.157 129.726  1.00 24.15           C
ATOM   2509  OG  SER B 115     -32.139 -17.720 128.535  1.00 40.34           O
ATOM   2510  N   VAL B 116     -34.430 -14.371 129.922  1.00 26.54           N
ATOM   2511  CA  VAL B 116     -34.857 -13.023 129.579  1.00 28.89           C
ATOM   2512  C   VAL B 116     -33.762 -12.037 129.979  1.00 26.93           C
ATOM   2513  O   VAL B 116     -33.243 -12.093 131.094  1.00 31.62           O
ATOM   2514  CB  VAL B 116     -36.203 -12.695 130.259  1.00 28.35           C
ATOM   2515  CG1 VAL B 116     -36.709 -11.313 129.860  1.00 28.35           C
ATOM   2516  CG2 VAL B 116     -37.212 -13.740 129.882  1.00 18.89           C
ATOM   2517  N   PHE B 117     -33.406 -11.151 129.063  1.00 25.01           N
ATOM   2518  CA  PHE B 117     -32.424 -10.118 129.311  1.00 25.46           C
ATOM   2519  C   PHE B 117     -32.963  -8.826 128.726  1.00 28.62           C
ATOM   2520  O   PHE B 117     -33.533  -8.832 127.632  1.00 31.30           O
ATOM   2521  CB  PHE B 117     -31.081 -10.413 128.650  1.00 25.62           C
ATOM   2522  CG  PHE B 117     -30.536 -11.799 128.892  1.00 29.84           C
ATOM   2523  CD1 PHE B 117     -30.935 -12.876 128.093  1.00 24.22           C
ATOM   2524  CD2 PHE B 117     -29.542 -12.015 129.835  1.00 31.65           C
ATOM   2525  CE1 PHE B 117     -30.405 -14.136 128.283  1.00 22.90           C
ATOM   2526  CE2 PHE B 117     -28.998 -13.290 130.013  1.00 29.63           C
ATOM   2527  CZ  PHE B 117     -29.430 -14.339 129.234  1.00 24.06           C
ATOM   2528  N   ILE B 118     -32.755  -7.717 129.428  1.00 28.33           N
ATOM   2529  CA  ILE B 118     -33.211  -6.409 128.973  1.00 27.52           C
ATOM   2530  C   ILE B 118     -31.997  -5.501 128.878  1.00 27.02           C
ATOM   2531  O   ILE B 118     -31.130  -5.541 129.750  1.00 28.87           O
ATOM   2532  CB  ILE B 118     -34.280  -5.811 129.911  1.00 29.46           C
ATOM   2533  CG1 ILE B 118     -34.774  -4.480 129.347  1.00 30.76           C
ATOM   2534  CG2 ILE B 118     -33.752  -5.639 131.343  1.00 25.68           C
ATOM   2535  CD1 ILE B 118     -35.736  -3.775 130.229  1.00 29.17           C
ATOM   2536  N   PHE B 119     -31.925  -4.700 127.811  1.00 28.09           N
ATOM   2537  CA  PHE B 119     -30.765  -3.875 127.503  1.00 24.90           C
ATOM   2538  C   PHE B 119     -31.149  -2.406 127.478  1.00 29.17           C
ATOM   2539  O   PHE B 119     -32.037  -2.018 126.706  1.00 31.62           O
ATOM   2540  CB  PHE B 119     -30.163  -4.224 126.148  1.00 26.03           C
ATOM   2541  CG  PHE B 119     -29.643  -5.603 126.045  1.00 29.01           C
ATOM   2542  CD1 PHE B 119     -28.383  -5.913 126.505  1.00 26.67           C
ATOM   2543  CD2 PHE B 119     -30.400  -6.594 125.430  1.00 30.15           C
ATOM   2544  CE1 PHE B 119     -27.897  -7.200 126.403  1.00 29.34           C
ATOM   2545  CE2 PHE B 119     -29.927  -7.882 125.314  1.00 25.71           C
ATOM   2546  CZ  PHE B 119     -28.670  -8.191 125.806  1.00 29.15           C
ATOM   2547  N   PRO B 120     -30.468  -1.550 128.231  1.00 34.18           N
ATOM   2548  CA  PRO B 120     -30.747  -0.106 128.152  1.00 34.68           C
ATOM   2549  C   PRO B 120     -30.251   0.460 126.834  1.00 34.50           C
ATOM   2550  O   PRO B 120     -29.378  -0.140 126.188  1.00 36.34           O
ATOM   2551  CB  PRO B 120     -29.963   0.474 129.339  1.00 33.20           C
ATOM   2552  CG  PRO B 120     -29.568  -0.746 130.190  1.00 37.48           C
ATOM   2553  CD  PRO B 120     -29.417  -1.862 129.212  1.00 32.46           C
```

```
ATOM   2554  N   PRO B 121     -30.761   1.616 126.402  1.00 35.15           N
ATOM   2555  CA  PRO B 121     -30.200   2.248 125.203  1.00 34.06           C
ATOM   2556  C   PRO B 121     -28.766   2.697 125.452  1.00 32.75           C
ATOM   2557  O   PRO B 121     -28.410   3.117 126.551  1.00 34.53           O
ATOM   2558  CB  PRO B 121     -31.138   3.436 124.958  1.00 30.93           C
ATOM   2559  CG  PRO B 121     -31.733   3.718 126.279  1.00 29.12           C
ATOM   2560  CD  PRO B 121     -31.870   2.404 126.965  1.00 30.02           C
ATOM   2561  N   SER B 122     -27.930   2.583 124.431  1.00 35.60           N
ATOM   2562  CA  SER B 122     -26.558   3.043 124.576  1.00 40.70           C
ATOM   2563  C   SER B 122     -26.517   4.570 124.585  1.00 42.19           C
ATOM   2564  O   SER B 122     -27.311   5.239 123.913  1.00 40.94           O
ATOM   2565  CB  SER B 122     -25.677   2.503 123.437  1.00 38.69           C
ATOM   2566  OG  SER B 122     -25.921   3.200 122.223  1.00 33.97           O
ATOM   2567  N   ASP B 123     -25.550   5.120 125.328  1.00 41.84           N
ATOM   2568  CA  ASP B 123     -25.391   6.569 125.357  1.00 44.12           C
ATOM   2569  C   ASP B 123     -25.119   7.126 123.965  1.00 48.91           C
ATOM   2570  O   ASP B 123     -25.453   8.285 123.682  1.00 47.81           O
ATOM   2571  CB  ASP B 123     -24.267   6.968 126.311  1.00 47.34           C
ATOM   2572  CG  ASP B 123     -24.693   6.950 127.779  1.00 59.18           C
ATOM   2573  OD1 ASP B 123     -25.864   7.272 128.086  1.00 59.74           O
ATOM   2574  OD2 ASP B 123     -23.839   6.640 128.638  1.00 65.74           O1-
ATOM   2575  N   GLU B 124     -24.542   6.312 123.079  1.00 44.91           N
ATOM   2576  CA  GLU B 124     -24.273   6.776 121.722  1.00 48.45           C
ATOM   2577  C   GLU B 124     -25.559   7.001 120.919  1.00 48.55           C
ATOM   2578  O   GLU B 124     -25.649   7.962 120.145  1.00 48.61           O
ATOM   2579  CB  GLU B 124     -23.360   5.788 121.014  1.00 46.13           C
ATOM   2580  CG  GLU B 124     -22.949   6.279 119.661  1.00 52.72           C
ATOM   2581  CD  GLU B 124     -22.264   5.209 118.846  1.00 59.55           C
ATOM   2582  OE1 GLU B 124     -22.167   5.408 117.608  1.00 50.04           O
ATOM   2583  OE2 GLU B 124     -21.850   4.175 119.443  1.00 55.47           O1-
ATOM   2584  N   GLN B 125     -26.574   6.143 121.093  1.00 46.17           N
ATOM   2585  CA  GLN B 125     -27.839   6.369 120.391  1.00 41.17           C
ATOM   2586  C   GLN B 125     -28.632   7.506 121.018  1.00 44.73           C
ATOM   2587  O   GLN B 125     -29.391   8.187 120.315  1.00 41.05           O
ATOM   2588  CB  GLN B 125     -28.687   5.095 120.366  1.00 36.73           C
ATOM   2589  CG  GLN B 125     -30.012   5.222 119.593  1.00 33.48           C
ATOM   2590  CD  GLN B 125     -31.023   4.118 119.918  1.00 37.11           C
ATOM   2591  OE1 GLN B 125     -30.936   3.430 120.947  1.00 35.61           O
ATOM   2592  NE2 GLN B 125     -31.976   3.925 119.016  1.00 41.82           N
ATOM   2593  N   LEU B 126     -28.493   7.704 122.337  1.00 43.68           N
ATOM   2594  CA  LEU B 126     -29.168   8.813 123.006  1.00 45.10           C
ATOM   2595  C   LEU B 126     -28.719  10.152 122.434  1.00 49.62           C
ATOM   2596  O   LEU B 126     -29.526  11.085 122.313  1.00 49.20           O
ATOM   2597  CB  LEU B 126     -28.906   8.751 124.510  1.00 46.51           C
ATOM   2598  CG  LEU B 126     -29.691   7.699 125.300  1.00 44.00           C
ATOM   2599  CD1 LEU B 126     -29.263   7.692 126.754  1.00 37.07           C
ATOM   2600  CD2 LEU B 126     -31.208   7.898 125.167  1.00 36.79           C
ATOM   2601  N   LYS B 127     -27.428  10.263 122.083  1.00 47.40           N
ATOM   2602  CA  LYS B 127     -26.902  11.463 121.438  1.00 44.91           C
ATOM   2603  C   LYS B 127     -27.707  11.875 120.208  1.00 50.97           C
ATOM   2604  O   LYS B 127     -27.782  13.065 119.883  1.00 56.06           O
ATOM   2605  CB  LYS B 127     -25.441  11.244 121.060  1.00 53.95           C
ATOM   2606  CG  LYS B 127     -24.474  11.931 122.009  1.00 65.16           C
ATOM   2607  CD  LYS B 127     -24.039  11.038 123.160  1.00 60.17           C
ATOM   2608  CE  LYS B 127     -22.846  10.198 122.738  1.00 65.63           C
ATOM   2609  NZ  LYS B 127     -21.833  11.021 122.005  1.00 65.70           N1+
ATOM   2610  N   SER B 128     -28.302  10.918 119.506  1.00 48.42           N
ATOM   2611  CA  SER B 128     -29.026  11.194 118.274  1.00 44.86           C
ATOM   2612  C   SER B 128     -30.527  11.393 118.485  1.00 48.97           C
ATOM   2613  O   SER B 128     -31.271  11.432 117.498  1.00 56.04           O
ATOM   2614  CB  SER B 128     -28.814  10.057 117.266  1.00 51.64           C
ATOM   2615  OG  SER B 128     -29.460   8.856 117.686  1.00 48.78           O
ATOM   2616  N   GLY B 129     -30.999  11.500 119.728  1.00 42.11           N
ATOM   2617  CA  GLY B 129     -32.383  11.859 119.953  1.00 39.56           C
ATOM   2618  C   GLY B 129     -33.356  10.703 120.071  1.00 47.15           C
ATOM   2619  O   GLY B 129     -34.553  10.945 120.312  1.00 45.83           O
ATOM   2620  N   THR B 130     -32.894   9.459 119.903  1.00 44.00           N
ATOM   2621  CA  THR B 130     -33.745   8.278 119.983  1.00 37.83           C
ATOM   2622  C   THR B 130     -33.231   7.272 121.008  1.00 36.90           C
ATOM   2623  O   THR B 130     -32.023   7.117 121.190  1.00 41.23           O
ATOM   2624  CB  THR B 130     -33.871   7.637 118.606  1.00 40.93           C
```

```
ATOM   2625  OG1 THR B 130     -34.572   8.543 117.740  1.00 34.84           O
ATOM   2626  CG2 THR B 130     -34.617   6.297 118.679  1.00 44.09           C
ATOM   2627  N   ALA B 131     -34.155   6.598 121.686  1.00 35.77           N
ATOM   2628  CA  ALA B 131     -33.841   5.535 122.636  1.00 35.93           C
ATOM   2629  C   ALA B 131     -34.469   4.216 122.186  1.00 35.42           C
ATOM   2630  O   ALA B 131     -35.693   4.128 121.999  1.00 37.68           O
ATOM   2631  CB  ALA B 131     -34.346   5.896 124.039  1.00 33.77           C
ATOM   2632  N   SER B 132     -33.645   3.183 122.055  1.00 29.61           N
ATOM   2633  CA  SER B 132     -34.127   1.837 121.791  1.00 29.37           C
ATOM   2634  C   SER B 132     -33.845   0.960 122.999  1.00 24.73           C
ATOM   2635  O   SER B 132     -32.689   0.774 123.367  1.00 30.61           O
ATOM   2636  CB  SER B 132     -33.466   1.265 120.545  1.00 28.99           C
ATOM   2637  OG  SER B 132     -33.838   2.013 119.420  1.00 32.09           O
ATOM   2638  N   VAL B 133     -34.890   0.411 123.599  1.00 29.26           N
ATOM   2639  CA  VAL B 133     -34.753  -0.593 124.654  1.00 30.39           C
ATOM   2640  C   VAL B 133     -35.021  -1.960 124.044  1.00 28.40           C
ATOM   2641  O   VAL B 133     -35.963  -2.123 123.264  1.00 30.58           O
ATOM   2642  CB  VAL B 133     -35.717  -0.303 125.816  1.00 29.07           C
ATOM   2643  CG1 VAL B 133     -35.309  -1.095 127.049  1.00 27.89           C
ATOM   2644  CG2 VAL B 133     -35.751   1.186 126.090  1.00 26.20           C
ATOM   2645  N   VAL B 134     -34.203  -2.948 124.392  1.00 26.36           N
ATOM   2646  CA  VAL B 134     -34.262  -4.261 123.762  1.00 28.94           C
ATOM   2647  C   VAL B 134     -34.505  -5.315 124.830  1.00 29.71           C
ATOM   2648  O   VAL B 134     -33.851  -5.305 125.880  1.00 30.17           O
ATOM   2649  CB  VAL B 134     -32.973  -4.576 122.980  1.00 30.23           C
ATOM   2650  CG1 VAL B 134     -33.115  -5.912 122.281  1.00 22.43           C
ATOM   2651  CG2 VAL B 134     -32.648  -3.460 121.991  1.00 24.76           C
ATOM   2652  N   CYS B 135     -35.438  -6.226 124.560  1.00 27.09           N
ATOM   2653  CA  CYS B 135     -35.688  -7.373 125.423  1.00 30.29           C
ATOM   2654  C   CYS B 135     -35.351  -8.641 124.645  1.00 30.83           C
ATOM   2655  O   CYS B 135     -35.841  -8.828 123.528  1.00 31.86           O
ATOM   2656  CB  CYS B 135     -37.149  -7.402 125.895  1.00 28.77           C
ATOM   2657  SG  CYS B 135     -37.549  -8.569 127.279  1.00 36.90           S
ATOM   2658  N   LEU B 136     -34.537  -9.514 125.236  1.00 28.65           N
ATOM   2659  CA  LEU B 136     -34.113 -10.767 124.610  1.00 26.89           C
ATOM   2660  C   LEU B 136     -34.712 -11.963 125.340  1.00 27.49           C
ATOM   2661  O   LEU B 136     -34.462 -12.158 126.536  1.00 26.81           O
ATOM   2662  CB  LEU B 136     -32.587 -10.874 124.591  1.00 23.26           C
ATOM   2663  CG  LEU B 136     -32.021 -12.242 124.215  1.00 26.55           C
ATOM   2664  CD1 LEU B 136     -32.394 -12.677 122.784  1.00 29.37           C
ATOM   2665  CD2 LEU B 136     -30.539 -12.206 124.383  1.00 26.86           C
ATOM   2666  N   LEU B 137     -35.471 -12.776 124.612  1.00 27.17           N
ATOM   2667  CA  LEU B 137     -36.003 -14.046 125.109  1.00 24.46           C
ATOM   2668  C   LEU B 137     -35.244 -15.151 124.412  1.00 25.24           C
ATOM   2669  O   LEU B 137     -35.476 -15.416 123.232  1.00 27.19           O
ATOM   2670  CB  LEU B 137     -37.498 -14.197 124.847  1.00 24.41           C
ATOM   2671  CG  LEU B 137     -38.513 -13.411 125.671  1.00 26.56           C
ATOM   2672  CD1 LEU B 137     -38.301 -11.899 125.512  1.00 22.36           C
ATOM   2673  CD2 LEU B 137     -39.922 -13.845 125.275  1.00 24.34           C
ATOM   2674  N   ASN B 138     -34.374 -15.820 125.147  1.00 27.07           N
ATOM   2675  CA  ASN B 138     -33.403 -16.731 124.575  1.00 27.89           C
ATOM   2676  C   ASN B 138     -33.800 -18.186 124.822  1.00 28.77           C
ATOM   2677  O   ASN B 138     -34.161 -18.546 125.945  1.00 33.61           O
ATOM   2678  CB  ASN B 138     -32.033 -16.411 125.163  1.00 31.08           C
ATOM   2679  CG  ASN B 138     -30.904 -16.806 124.256  1.00 37.01           C
ATOM   2680  OD1 ASN B 138     -30.870 -16.438 123.076  1.00 34.03           O
ATOM   2681  ND2 ASN B 138     -29.933 -17.509 124.815  1.00 40.66           N
ATOM   2682  N   ASN B 139     -33.800 -18.987 123.747  1.00 26.63           N
ATOM   2683  CA  ASN B 139     -33.861 -20.463 123.722  1.00 26.50           C
ATOM   2684  C   ASN B 139     -35.075 -21.037 124.462  1.00 25.84           C
ATOM   2685  O   ASN B 139     -34.958 -21.778 125.436  1.00 30.08           O
ATOM   2686  CB  ASN B 139     -32.559 -21.104 124.220  1.00 27.61           C
ATOM   2687  CG  ASN B 139     -31.415 -20.897 123.232  1.00 35.63           C
ATOM   2688  OD1 ASN B 139     -31.150 -19.770 122.822  1.00 31.84           O
ATOM   2689  ND2 ASN B 139     -30.785 -21.990 122.787  1.00 33.37           N
ATOM   2690  N   PHE B 140     -36.249 -20.756 123.903  1.00 27.05           N
ATOM   2691  CA  PHE B 140     -37.494 -21.275 124.449  1.00 28.39           C
ATOM   2692  C   PHE B 140     -38.206 -22.147 123.413  1.00 30.25           C
ATOM   2693  O   PHE B 140     -37.990 -22.032 122.203  1.00 30.54           O
ATOM   2694  CB  PHE B 140     -38.430 -20.144 124.905  1.00 25.56           C
ATOM   2695  CG  PHE B 140     -38.791 -19.192 123.813  1.00 27.91           C
```

```
ATOM   2696  CD1 PHE B 140     -37.989 -18.086 123.541  1.00 25.72           C
ATOM   2697  CD2 PHE B 140     -39.922 -19.410 123.030  1.00 27.50           C
ATOM   2698  CE1 PHE B 140     -38.309 -17.202 122.515  1.00 24.13           C
ATOM   2699  CE2 PHE B 140     -40.257 -18.524 122.002  1.00 29.76           C
ATOM   2700  CZ  PHE B 140     -39.438 -17.415 121.744  1.00 27.82           C
ATOM   2701  N   TYR B 141     -39.054 -23.030 123.914  1.00 27.15           N
ATOM   2702  CA  TYR B 141     -39.947 -23.833 123.101  1.00 27.13           C
ATOM   2703  C   TYR B 141     -41.183 -24.086 123.982  1.00 29.40           C
ATOM   2704  O   TYR B 141     -41.048 -24.404 125.162  1.00 28.49           O
ATOM   2705  CB  TYR B 141     -39.278 -25.150 122.634  1.00 27.47           C
ATOM   2706  CG  TYR B 141     -40.171 -25.919 121.693  1.00 28.08           C
ATOM   2707  CD1 TYR B 141     -41.133 -26.780 122.196  1.00 30.33           C
ATOM   2708  CD2 TYR B 141     -40.098 -25.746 120.308  1.00 24.75           C
ATOM   2709  CE1 TYR B 141     -42.002 -27.456 121.359  1.00 30.51           C
ATOM   2710  CE2 TYR B 141     -40.969 -26.402 119.464  1.00 25.25           C
ATOM   2711  CZ  TYR B 141     -41.930 -27.270 120.002  1.00 30.79           C
ATOM   2712  OH  TYR B 141     -42.841 -27.974 119.229  1.00 28.57           O
ATOM   2713  N   PRO B 142     -42.394 -23.975 123.414  1.00 29.92           N
ATOM   2714  CA  PRO B 142     -42.663 -23.735 121.996  1.00 28.29           C
ATOM   2715  C   PRO B 142     -42.638 -22.263 121.586  1.00 29.24           C
ATOM   2716  O   PRO B 142     -42.345 -21.399 122.404  1.00 30.25           O
ATOM   2717  CB  PRO B 142     -44.067 -24.327 121.825  1.00 28.67           C
ATOM   2718  CG  PRO B 142     -44.726 -24.029 123.121  1.00 25.40           C
ATOM   2719  CD  PRO B 142     -43.635 -24.261 124.160  1.00 27.51           C
ATOM   2720  N   ARG B 143     -43.042 -22.022 120.332  1.00 33.09           N
ATOM   2721  CA  ARG B 143     -42.828 -20.754 119.634  1.00 32.76           C
ATOM   2722  C   ARG B 143     -43.567 -19.587 120.289  1.00 33.19           C
ATOM   2723  O   ARG B 143     -43.061 -18.461 120.295  1.00 34.09           O
ATOM   2724  CB  ARG B 143     -43.256 -20.953 118.174  1.00 30.54           C
ATOM   2725  CG  ARG B 143     -43.343 -19.750 117.269  1.00 30.54           C
ATOM   2726  CD  ARG B 143     -42.071 -19.508 116.495  1.00 35.91           C
ATOM   2727  NE  ARG B 143     -42.253 -18.751 115.239  1.00 36.61           N
ATOM   2728  CZ  ARG B 143     -42.878 -17.569 115.145  1.00 37.84           C
ATOM   2729  NH1 ARG B 143     -43.464 -17.009 116.203  1.00 40.08           N1+
ATOM   2730  NH2 ARG B 143     -42.943 -16.947 113.987  1.00 35.58           N
ATOM   2731  N   GLU B 144     -44.743 -19.837 120.856  1.00 31.25           N
ATOM   2732  CA  GLU B 144     -45.607 -18.768 121.346  1.00 35.56           C
ATOM   2733  C   GLU B 144     -45.024 -18.121 122.602  1.00 34.95           C
ATOM   2734  O   GLU B 144     -44.602 -18.808 123.537  1.00 34.88           O
ATOM   2735  CB  GLU B 144     -47.021 -19.299 121.646  1.00 30.65           C
ATOM   2736  CG  GLU B 144     -47.821 -19.817 120.448  1.00 34.84           C
ATOM   2737  CD  GLU B 144     -47.385 -21.206 119.951  1.00 44.49           C
ATOM   2738  OE1 GLU B 144     -47.117 -22.107 120.783  1.00 41.20           O
ATOM   2739  OE2 GLU B 144     -47.333 -21.404 118.716  1.00 47.18           O1-
ATOM   2740  N   ALA B 145     -45.002 -16.795 122.623  1.00 29.26           N
ATOM   2741  CA  ALA B 145     -44.486 -16.077 123.774  1.00 34.47           C
ATOM   2742  C   ALA B 145     -45.102 -14.691 123.756  1.00 33.83           C
ATOM   2743  O   ALA B 145     -45.457 -14.194 122.684  1.00 35.59           O
ATOM   2744  CB  ALA B 145     -42.952 -16.007 123.737  1.00 31.26           C
ATOM   2745  N   LYS B 146     -45.250 -14.077 124.937  1.00 26.49           N
ATOM   2746  CA  LYS B 146     -45.754 -12.707 125.026  1.00 28.76           C
ATOM   2747  C   LYS B 146     -44.766 -11.790 125.756  1.00 32.11           C
ATOM   2748  O   LYS B 146     -44.336 -12.085 126.880  1.00 25.51           O
ATOM   2749  CB  LYS B 146     -47.130 -12.683 125.687  1.00 34.49           C
ATOM   2750  CG  LYS B 146     -47.879 -11.354 125.547  1.00 44.62           C
ATOM   2751  CD  LYS B 146     -49.339 -11.502 126.002  1.00 51.17           C
ATOM   2752  CE  LYS B 146     -50.157 -10.231 125.771  1.00 55.61           C
ATOM   2753  NZ  LYS B 146     -51.627 -10.552 125.678  1.00 51.90           N1+
ATOM   2754  N   VAL B 147     -44.417 -10.672 125.113  1.00 32.22           N
ATOM   2755  CA  VAL B 147     -43.616  -9.609 125.712  1.00 28.21           C
ATOM   2756  C   VAL B 147     -44.534  -8.434 126.015  1.00 34.36           C
ATOM   2757  O   VAL B 147     -45.332  -8.029 125.165  1.00 33.36           O
ATOM   2758  CB  VAL B 147     -42.464  -9.160 124.794  1.00 27.98           C
ATOM   2759  CG1 VAL B 147     -41.768  -7.931 125.372  1.00 29.12           C
ATOM   2760  CG2 VAL B 147     -41.472 -10.275 124.560  1.00 32.19           C
ATOM   2761  N   GLN B 148     -44.444  -7.904 127.230  1.00 35.67           N
ATOM   2762  CA  GLN B 148     -45.128  -6.673 127.593  1.00 36.29           C
ATOM   2763  C   GLN B 148     -44.100  -5.665 128.073  1.00 33.05           C
ATOM   2764  O   GLN B 148     -43.303  -5.968 128.966  1.00 29.76           O
ATOM   2765  CB  GLN B 148     -46.192  -6.913 128.676  1.00 36.98           C
ATOM   2766  CG  GLN B 148     -47.614  -6.800 128.154  1.00 47.87           C
```

```
ATOM   2767  CD  GLN B 148     -48.651  -7.188 129.192  1.00 64.59           C
ATOM   2768  OE1 GLN B 148     -48.420  -7.050 130.398  1.00 64.90           O
ATOM   2769  NE2 GLN B 148     -49.806  -7.674 128.728  1.00 58.09           N
ATOM   2770  N   TRP B 149     -44.099  -4.485 127.465  1.00 34.92           N
ATOM   2771  CA  TRP B 149     -43.234  -3.400 127.918  1.00 35.07           C
ATOM   2772  C   TRP B 149     -43.941  -2.522 128.952  1.00 31.98           C
ATOM   2773  O   TRP B 149     -45.105  -2.154 128.778  1.00 33.16           O
ATOM   2774  CB  TRP B 149     -42.797  -2.549 126.730  1.00 28.25           C
ATOM   2775  CG  TRP B 149     -41.704  -3.158 125.876  1.00 31.59           C
ATOM   2776  CD1 TRP B 149     -41.851  -3.717 124.640  1.00 28.61           C
ATOM   2777  CD2 TRP B 149     -40.305  -3.236 126.186  1.00 28.06           C
ATOM   2778  NE1 TRP B 149     -40.640  -4.134 124.164  1.00 31.98           N
ATOM   2779  CE2 TRP B 149     -39.671  -3.852 125.091  1.00 31.31           C
ATOM   2780  CE3 TRP B 149     -39.529  -2.842 127.280  1.00 32.39           C
ATOM   2781  CZ2 TRP B 149     -38.289  -4.080 125.048  1.00 29.16           C
ATOM   2782  CZ3 TRP B 149     -38.159  -3.066 127.242  1.00 36.30           C
ATOM   2783  CH2 TRP B 149     -37.550  -3.676 126.125  1.00 32.50           C
ATOM   2784  N   LYS B 150     -43.228  -2.174 130.023  1.00 34.33           N
ATOM   2785  CA  LYS B 150     -43.736  -1.240 131.030  1.00 35.21           C
ATOM   2786  C   LYS B 150     -42.711  -0.143 131.257  1.00 36.04           C
ATOM   2787  O   LYS B 150     -41.534  -0.433 131.489  1.00 40.23           O
ATOM   2788  CB  LYS B 150     -44.050  -1.918 132.374  1.00 29.19           C
ATOM   2789  CG  LYS B 150     -45.326  -2.755 132.421  1.00 32.86           C
ATOM   2790  CD  LYS B 150     -45.296  -3.677 133.643  1.00 42.43           C
ATOM   2791  CE  LYS B 150     -46.327  -4.800 133.536  1.00 54.13           C
ATOM   2792  NZ  LYS B 150     -46.598  -5.502 134.839  1.00 48.84           N1+
ATOM   2793  N   VAL B 151     -43.158   1.107 131.189  1.00 34.12           N
ATOM   2794  CA  VAL B 151     -42.355   2.270 131.559  1.00 34.61           C
ATOM   2795  C   VAL B 151     -43.003   2.921 132.784  1.00 36.08           C
ATOM   2796  O   VAL B 151     -44.118   3.448 132.699  1.00 35.70           O
ATOM   2797  CB  VAL B 151     -42.241   3.255 130.392  1.00 31.07           C
ATOM   2798  CG1 VAL B 151     -41.307   4.377 130.732  1.00 31.60           C
ATOM   2799  CG2 VAL B 151     -41.752   2.528 129.173  1.00 37.80           C
ATOM   2800  N   ASP B 152     -42.299   2.902 133.921  1.00 39.23           N
ATOM   2801  CA  ASP B 152     -42.854   3.340 135.217  1.00 38.88           C
ATOM   2802  C   ASP B 152     -44.243   2.743 135.428  1.00 37.74           C
ATOM   2803  O   ASP B 152     -45.194   3.412 135.836  1.00 35.76           O
ATOM   2804  CB  ASP B 152     -42.848   4.863 135.343  1.00 36.31           C
ATOM   2805  CG  ASP B 152     -41.451   5.404 135.628  1.00 44.31           C
ATOM   2806  OD1 ASP B 152     -40.688   4.719 136.357  1.00 39.45           O
ATOM   2807  OD2 ASP B 152     -41.093   6.479 135.094  1.00 46.68           O1-
ATOM   2808  N   ASN B 153     -44.333   1.457 135.097  1.00 38.94           N
ATOM   2809  CA  ASN B 153     -45.491   0.579 135.212  1.00 39.28           C
ATOM   2810  C   ASN B 153     -46.660   0.990 134.321  1.00 37.08           C
ATOM   2811  O   ASN B 153     -47.783   0.508 134.502  1.00 39.74           O
ATOM   2812  CB  ASN B 153     -45.933   0.433 136.666  1.00 37.94           C
ATOM   2813  CG  ASN B 153     -46.502  -0.927 136.937  1.00 41.53           C
ATOM   2814  OD1 ASN B 153     -47.693  -1.071 137.197  1.00 48.49           O
ATOM   2815  ND2 ASN B 153     -45.658  -1.953 136.827  1.00 47.40           N
ATOM   2816  N   ALA B 154     -46.418   1.824 133.322  1.00 27.73           N
ATOM   2817  CA  ALA B 154     -47.403   2.060 132.281  1.00 31.59           C
ATOM   2818  C   ALA B 154     -47.152   1.064 131.145  1.00 35.73           C
ATOM   2819  O   ALA B 154     -46.034   1.006 130.611  1.00 34.76           O
ATOM   2820  CB  ALA B 154     -47.314   3.503 131.785  1.00 30.19           C
ATOM   2821  N   LEU B 155     -48.168   0.246 130.817  1.00 31.02           N
ATOM   2822  CA  LEU B 155     -48.092  -0.680 129.680  1.00 29.47           C
ATOM   2823  C   LEU B 155     -47.940   0.045 128.364  1.00 29.26           C
ATOM   2824  O   LEU B 155     -48.816   0.809 127.967  1.00 32.19           O
ATOM   2825  CB  LEU B 155     -49.321  -1.578 129.581  1.00 26.14           C
ATOM   2826  CG  LEU B 155     -49.137  -2.963 130.188  1.00 41.59           C
ATOM   2827  CD1 LEU B 155     -49.358  -2.997 131.716  1.00 37.40           C
ATOM   2828  CD2 LEU B 155     -49.966  -3.985 129.430  1.00 49.03           C
ATOM   2829  N   GLN B 156     -46.891  -0.293 127.632  1.00 32.37           N
ATOM   2830  CA  GLN B 156     -46.687   0.225 126.289  1.00 31.54           C
ATOM   2831  C   GLN B 156     -47.433  -0.647 125.293  1.00 27.02           C
ATOM   2832  O   GLN B 156     -47.493  -1.864 125.444  1.00 36.94           O
ATOM   2833  CB  GLN B 156     -45.193   0.270 125.966  1.00 31.74           C
ATOM   2834  CG  GLN B 156     -44.395   0.948 127.069  1.00 31.12           C
ATOM   2835  CD  GLN B 156     -44.877   2.358 127.299  1.00 33.29           C
ATOM   2836  OE1 GLN B 156     -44.789   3.213 126.412  1.00 33.92           O
ATOM   2837  NE2 GLN B 156     -45.445   2.599 128.470  1.00 34.06           N
```

```
ATOM   2838  N   SER B 157     -48.069  -0.017 124.322  1.00 25.15           N
ATOM   2839  CA  SER B 157     -48.818  -0.745 123.309  1.00 24.13           C
ATOM   2840  C   SER B 157     -48.684   0.008 121.998  1.00 28.91           C
ATOM   2841  O   SER B 157     -49.132   1.153 121.903  1.00 33.39           O
ATOM   2842  CB  SER B 157     -50.284  -0.869 123.724  1.00 27.59           C
ATOM   2843  OG  SER B 157     -51.056  -1.511 122.738  1.00 34.07           O
ATOM   2844  N   GLY B 158     -48.052  -0.597 121.005  1.00 23.39           N
ATOM   2845  CA  GLY B 158     -47.959   0.017 119.698  1.00 22.69           C
ATOM   2846  C   GLY B 158     -46.630   0.665 119.370  1.00 26.97           C
ATOM   2847  O   GLY B 158     -46.467   1.166 118.256  1.00 30.74           O
ATOM   2848  N   ASN B 159     -45.695   0.721 120.312  1.00 26.14           N
ATOM   2849  CA  ASN B 159     -44.412   1.373 120.086  1.00 25.51           C
ATOM   2850  C   ASN B 159     -43.236   0.401 120.206  1.00 30.63           C
ATOM   2851  O   ASN B 159     -42.149   0.779 120.660  1.00 25.81           O
ATOM   2852  CB  ASN B 159     -44.236   2.542 121.043  1.00 22.42           C
ATOM   2853  CG  ASN B 159     -44.537   2.165 122.463  1.00 29.01           C
ATOM   2854  OD1 ASN B 159     -44.940   1.021 122.757  1.00 30.10           O
ATOM   2855  ND2 ASN B 159     -44.335   3.114 123.370  1.00 32.61           N
ATOM   2856  N   SER B 160     -43.439  -0.859 119.819  1.00 27.65           N
ATOM   2857  CA  SER B 160     -42.360  -1.827 119.814  1.00 29.05           C
ATOM   2858  C   SER B 160     -42.510  -2.753 118.615  1.00 28.89           C
ATOM   2859  O   SER B 160     -43.602  -2.939 118.089  1.00 29.48           O
ATOM   2860  CB  SER B 160     -42.328  -2.626 121.112  1.00 26.29           C
ATOM   2861  OG  SER B 160     -43.447  -3.475 121.181  1.00 31.67           O
ATOM   2862  N   GLN B 161     -41.400  -3.357 118.197  1.00 28.03           N
ATOM   2863  CA  GLN B 161     -41.425  -4.362 117.147  1.00 26.96           C
ATOM   2864  C   GLN B 161     -40.634  -5.596 117.581  1.00 31.51           C
ATOM   2865  O   GLN B 161     -39.759  -5.537 118.451  1.00 30.01           O
ATOM   2866  CB  GLN B 161     -40.871  -3.794 115.850  1.00 27.24           C
ATOM   2867  CG  GLN B 161     -41.747  -2.764 115.183  1.00 27.43           C
ATOM   2868  CD  GLN B 161     -41.064  -2.142 113.976  1.00 35.97           C
ATOM   2869  OE1 GLN B 161     -40.203  -1.267 114.121  1.00 35.92           O
ATOM   2870  NE2 GLN B 161     -41.418  -2.607 112.782  1.00 30.28           N
ATOM   2871  N   GLU B 162     -40.938  -6.720 116.938  1.00 31.79           N
ATOM   2872  CA  GLU B 162     -40.438  -8.034 117.331  1.00 29.63           C
ATOM   2873  C   GLU B 162     -40.040  -8.837 116.104  1.00 30.95           C
ATOM   2874  O   GLU B 162     -40.654  -8.718 115.042  1.00 26.14           O
ATOM   2875  CB  GLU B 162     -41.503  -8.877 117.989  1.00 23.86           C
ATOM   2876  CG  GLU B 162     -41.567  -8.969 119.420  1.00 34.85           C
ATOM   2877  CD  GLU B 162     -42.807  -9.765 119.781  1.00 41.65           C
ATOM   2878  OE1 GLU B 162     -43.430 -10.284 118.835  1.00 38.04           O
ATOM   2879  OE2 GLU B 162     -43.177  -9.858 120.973  1.00 45.93           O1-
ATOM   2880  N   SER B 163     -39.057  -9.712 116.280  1.00 31.61           N
ATOM   2881  CA  SER B 163     -38.794 -10.763 115.312  1.00 25.04           C
ATOM   2882  C   SER B 163     -38.348 -11.995 116.088  1.00 28.10           C
ATOM   2883  O   SER B 163     -37.857 -11.890 117.218  1.00 25.85           O
ATOM   2884  CB  SER B 163     -37.781 -10.326 114.254  1.00 26.93           C
ATOM   2885  OG  SER B 163     -36.461 -10.447 114.714  1.00 29.93           O
ATOM   2886  N   VAL B 164     -38.587 -13.169 115.504  1.00 29.93           N
ATOM   2887  CA  VAL B 164     -38.200 -14.441 116.104  1.00 26.45           C
ATOM   2888  C   VAL B 164     -37.323 -15.214 115.130  1.00 23.48           C
ATOM   2889  O   VAL B 164     -37.520 -15.156 113.918  1.00 28.17           O
ATOM   2890  CB  VAL B 164     -39.430 -15.281 116.521  1.00 30.77           C
ATOM   2891  CG1 VAL B 164     -40.375 -14.468 117.392  1.00 26.66           C
ATOM   2892  CG2 VAL B 164     -40.156 -15.786 115.308  1.00 40.64           C
ATOM   2893  N   THR B 165     -36.328 -15.908 115.663  1.00 28.51           N
ATOM   2894  CA  THR B 165     -35.442 -16.716 114.848  1.00 27.61           C
ATOM   2895  C   THR B 165     -36.154 -17.967 114.344  1.00 29.58           C
ATOM   2896  O   THR B 165     -37.279 -18.300 114.751  1.00 28.80           O
ATOM   2897  CB  THR B 165     -34.195 -17.113 115.641  1.00 28.32           C
ATOM   2898  OG1 THR B 165     -34.575 -17.596 116.939  1.00 33.79           O
ATOM   2899  CG2 THR B 165     -33.275 -15.942 115.795  1.00 25.22           C
ATOM   2900  N   GLU B 166     -35.489 -18.634 113.402  1.00 28.57           N
ATOM   2901  CA  GLU B 166     -35.851 -19.992 113.026  1.00 29.18           C
ATOM   2902  C   GLU B 166     -35.474 -20.953 114.149  1.00 25.81           C
ATOM   2903  O   GLU B 166     -34.705 -20.622 115.046  1.00 28.21           O
ATOM   2904  CB  GLU B 166     -35.158 -20.398 111.722  1.00 25.69           C
ATOM   2905  CG  GLU B 166     -35.615 -19.673 110.472  1.00 23.14           C
ATOM   2906  CD  GLU B 166     -37.112 -19.776 110.263  1.00 35.69           C
ATOM   2907  OE1 GLU B 166     -37.691 -20.801 110.689  1.00 45.01           O
ATOM   2908  OE2 GLU B 166     -37.715 -18.853 109.661  1.00 37.00           O1-
```

```
ATOM   2909  N   GLN B 167     -36.061 -22.138 114.120  1.00 29.35           N
ATOM   2910  CA  GLN B 167     -35.749 -23.146 115.126  1.00 27.70           C
ATOM   2911  C   GLN B 167     -34.250 -23.426 115.143  1.00 26.23           C
ATOM   2912  O   GLN B 167     -33.622 -23.530 114.093  1.00 25.94           O
ATOM   2913  CB  GLN B 167     -36.538 -24.406 114.823  1.00 25.14           C
ATOM   2914  CG  GLN B 167     -36.995 -25.171 116.012  1.00 27.67           C
ATOM   2915  CD  GLN B 167     -38.037 -26.211 115.661  1.00 25.13           C
ATOM   2916  OE1 GLN B 167     -38.324 -26.473 114.489  1.00 27.17           O
ATOM   2917  NE2 GLN B 167     -38.591 -26.819 116.672  1.00 23.92           N
ATOM   2918  N   ASP B 168     -33.660 -23.496 116.338  1.00 30.80           N
ATOM   2919  CA  ASP B 168     -32.202 -23.493 116.448  1.00 28.93           C
ATOM   2920  C   ASP B 168     -31.602 -24.806 115.962  1.00 31.78           C
ATOM   2921  O   ASP B 168     -31.981 -25.882 116.433  1.00 30.59           O
ATOM   2922  CB  ASP B 168     -31.771 -23.268 117.895  1.00 31.58           C
ATOM   2923  CG  ASP B 168     -30.269 -23.104 118.028  1.00 34.74           C
ATOM   2924  OD1 ASP B 168     -29.610 -24.086 118.410  1.00 36.21           O1-
ATOM   2925  OD2 ASP B 168     -29.737 -22.026 117.677  1.00 38.15           O
ATOM   2926  N   SER B 169     -30.583 -24.714 115.101  1.00 37.85           N
ATOM   2927  CA  SER B 169     -30.001 -25.906 114.488  1.00 32.86           C
ATOM   2928  C   SER B 169     -29.342 -26.845 115.487  1.00 33.78           C
ATOM   2929  O   SER B 169     -29.068 -27.992 115.126  1.00 37.40           O
ATOM   2930  CB  SER B 169     -28.999 -25.515 113.412  1.00 35.71           C
ATOM   2931  OG  SER B 169     -27.919 -24.817 113.973  1.00 45.05           O
ATOM   2932  N   LYS B 170     -29.105 -26.415 116.725  1.00 35.30           N
ATOM   2933  CA  LYS B 170     -28.484 -27.260 117.742  1.00 32.69           C
ATOM   2934  C   LYS B 170     -29.445 -27.779 118.816  1.00 33.51           C
ATOM   2935  O   LYS B 170     -29.365 -28.957 119.161  1.00 33.92           O
ATOM   2936  CB  LYS B 170     -27.311 -26.510 118.389  1.00 32.22           C
ATOM   2937  CG  LYS B 170     -26.523 -27.313 119.398  1.00 35.45           C
ATOM   2938  CD  LYS B 170     -25.696 -26.399 120.284  1.00 39.33           C
ATOM   2939  CE  LYS B 170     -24.687 -27.150 121.125  1.00 41.85           C
ATOM   2940  NZ  LYS B 170     -23.466 -26.291 121.260  1.00 49.14           N1+
ATOM   2941  N   ASP B 171     -30.386 -26.985 119.360  1.00 29.53           N
ATOM   2942  CA  ASP B 171     -31.298 -27.535 120.366  1.00 24.54           C
ATOM   2943  C   ASP B 171     -32.772 -27.335 120.036  1.00 25.46           C
ATOM   2944  O   ASP B 171     -33.615 -27.519 120.926  1.00 22.30           O
ATOM   2945  CB  ASP B 171     -31.001 -27.011 121.795  1.00 25.26           C
ATOM   2946  CG  ASP B 171     -31.151 -25.471 121.965  1.00 35.81           C
ATOM   2947  OD1 ASP B 171     -31.871 -24.789 121.205  1.00 38.80           O
ATOM   2948  OD2 ASP B 171     -30.555 -24.925 122.927  1.00 42.26           O1-
ATOM   2949  N   SER B 172     -33.096 -26.958 118.791  1.00 24.40           N
ATOM   2950  CA  SER B 172     -34.458 -26.783 118.271  1.00 22.81           C
ATOM   2951  C   SER B 172     -35.296 -25.735 119.023  1.00 29.46           C
ATOM   2952  O   SER B 172     -36.540 -25.777 118.980  1.00 30.46           O
ATOM   2953  CB  SER B 172     -35.204 -28.122 118.240  1.00 27.26           C
ATOM   2954  OG  SER B 172     -34.476 -29.076 117.480  1.00 29.50           O
ATOM   2955  N   THR B 173     -34.685 -24.758 119.688  1.00 26.53           N
ATOM   2956  CA  THR B 173     -35.479 -23.750 120.371  1.00 30.13           C
ATOM   2957  C   THR B 173     -35.667 -22.512 119.487  1.00 28.94           C
ATOM   2958  O   THR B 173     -35.137 -22.397 118.377  1.00 28.80           O
ATOM   2959  CB  THR B 173     -34.869 -23.380 121.742  1.00 29.06           C
ATOM   2960  OG1 THR B 173     -33.536 -22.886 121.592  1.00 27.56           O
ATOM   2961  CG2 THR B 173     -34.849 -24.577 122.671  1.00 23.15           C
ATOM   2962  N   TYR B 174     -36.479 -21.598 119.989  1.00 27.86           N
ATOM   2963  CA  TYR B 174     -36.710 -20.306 119.375  1.00 27.59           C
ATOM   2964  C   TYR B 174     -36.103 -19.210 120.245  1.00 28.01           C
ATOM   2965  O   TYR B 174     -35.906 -19.388 121.452  1.00 28.60           O
ATOM   2966  CB  TYR B 174     -38.210 -20.069 119.181  1.00 27.30           C
ATOM   2967  CG  TYR B 174     -38.818 -20.983 118.147  1.00 30.86           C
ATOM   2968  CD1 TYR B 174     -38.743 -20.672 116.791  1.00 26.78           C
ATOM   2969  CD2 TYR B 174     -39.452 -22.171 118.521  1.00 31.18           C
ATOM   2970  CE1 TYR B 174     -39.283 -21.496 115.842  1.00 27.76           C
ATOM   2971  CE2 TYR B 174     -39.994 -23.016 117.567  1.00 30.49           C
ATOM   2972  CZ  TYR B 174     -39.906 -22.666 116.224  1.00 31.46           C
ATOM   2973  OH  TYR B 174     -40.448 -23.480 115.262  1.00 32.46           O
ATOM   2974  N   SER B 175     -35.773 -18.087 119.621  1.00 26.84           N
ATOM   2975  CA  SER B 175     -35.396 -16.886 120.355  1.00 28.52           C
ATOM   2976  C   SER B 175     -36.172 -15.696 119.814  1.00 28.84           C
ATOM   2977  O   SER B 175     -36.595 -15.687 118.656  1.00 24.93           O
ATOM   2978  CB  SER B 175     -33.904 -16.608 120.274  1.00 31.06           C
ATOM   2979  OG  SER B 175     -33.199 -17.479 121.133  1.00 35.19           O
```

```
ATOM   2980  N   LEU B 176     -36.367 -14.694 120.671  1.00 29.11           N
ATOM   2981  CA  LEU B 176     -37.165 -13.529 120.323  1.00 27.58           C
ATOM   2982  C   LEU B 176     -36.445 -12.262 120.739  1.00 24.37           C
ATOM   2983  O   LEU B 176     -35.796 -12.218 121.779  1.00 27.04           O
ATOM   2984  CB  LEU B 176     -38.553 -13.589 120.973  1.00 29.13           C
ATOM   2985  CG  LEU B 176     -39.558 -12.517 120.560  1.00 30.07           C
ATOM   2986  CD1 LEU B 176     -40.920 -13.129 120.631  1.00 30.39           C
ATOM   2987  CD2 LEU B 176     -39.485 -11.303 121.483  1.00 24.93           C
ATOM   2988  N   SER B 177     -36.556 -11.235 119.905  1.00 29.33           N
ATOM   2989  CA  SER B 177     -35.972  -9.932 120.178  1.00 26.82           C
ATOM   2990  C   SER B 177     -37.041  -8.863 119.992  1.00 27.17           C
ATOM   2991  O   SER B 177     -37.669  -8.809 118.934  1.00 25.25           O
ATOM   2992  CB  SER B 177     -34.782  -9.694 119.255  1.00 26.28           C
ATOM   2993  OG  SER B 177     -34.307  -8.377 119.379  1.00 27.89           O
ATOM   2994  N   SER B 178     -37.232  -8.006 121.013  1.00 25.92           N
ATOM   2995  CA  SER B 178     -38.255  -6.966 121.020  1.00 23.84           C
ATOM   2996  C   SER B 178     -37.624  -5.603 121.261  1.00 27.80           C
ATOM   2997  O   SER B 178     -36.822  -5.443 122.189  1.00 29.43           O
ATOM   2998  CB  SER B 178     -39.308  -7.226 122.096  1.00 28.27           C
ATOM   2999  OG  SER B 178     -40.307  -6.215 122.090  1.00 26.54           O
ATOM   3000  N   THR B 179     -38.007  -4.617 120.444  1.00 26.02           N
ATOM   3001  CA  THR B 179     -37.450  -3.266 120.535  1.00 30.99           C
ATOM   3002  C   THR B 179     -38.536  -2.247 120.809  1.00 25.23           C
ATOM   3003  O   THR B 179     -39.357  -1.967 119.938  1.00 24.43           O
ATOM   3004  CB  THR B 179     -36.714  -2.839 119.274  1.00 31.29           C
ATOM   3005  OG1 THR B 179     -35.681  -3.781 118.962  1.00 35.76           O
ATOM   3006  CG2 THR B 179     -36.121  -1.472 119.512  1.00 23.65           C
ATOM   3007  N   LEU B 180     -38.489  -1.662 121.997  1.00 26.49           N
ATOM   3008  CA  LEU B 180     -39.263  -0.482 122.349  1.00 28.48           C
ATOM   3009  C   LEU B 180     -38.502   0.769 121.939  1.00 24.67           C
ATOM   3010  O   LEU B 180     -37.356   0.949 122.350  1.00 26.90           O
ATOM   3011  CB  LEU B 180     -39.510  -0.482 123.855  1.00 30.84           C
ATOM   3012  CG  LEU B 180     -40.291   0.643 124.498  1.00 34.83           C
ATOM   3013  CD1 LEU B 180     -41.724   0.580 123.976  1.00 34.95           C
ATOM   3014  CD2 LEU B 180     -40.215   0.471 126.015  1.00 31.30           C
ATOM   3015  N   THR B 181     -39.142   1.642 121.161  1.00 25.09           N
ATOM   3016  CA  THR B 181     -38.529   2.892 120.712  1.00 34.09           C
ATOM   3017  C   THR B 181     -39.245   4.090 121.341  1.00 40.80           C
ATOM   3018  O   THR B 181     -40.484   4.142 121.354  1.00 36.26           O
ATOM   3019  CB  THR B 181     -38.548   3.005 119.181  1.00 33.92           C
ATOM   3020  OG1 THR B 181     -37.870   1.881 118.610  1.00 36.57           O
ATOM   3021  CG2 THR B 181     -37.793   4.230 118.744  1.00 36.41           C
ATOM   3022  N   LEU B 182     -38.452   5.031 121.882  1.00 36.61           N
ATOM   3023  CA  LEU B 182     -38.910   6.286 122.483  1.00 33.83           C
ATOM   3024  C   LEU B 182     -38.034   7.434 121.997  1.00 37.62           C
ATOM   3025  O   LEU B 182     -36.923   7.235 121.506  1.00 36.88           O
ATOM   3026  CB  LEU B 182     -38.837   6.287 124.017  1.00 39.93           C
ATOM   3027  CG  LEU B 182     -39.550   5.271 124.901  1.00 43.75           C
ATOM   3028  CD1 LEU B 182     -39.188   5.503 126.364  1.00 42.80           C
ATOM   3029  CD2 LEU B 182     -41.051   5.401 124.698  1.00 48.91           C
ATOM   3030  N   SER B 183     -38.515   8.653 122.183  1.00 40.17           N
ATOM   3031  CA  SER B 183     -37.616   9.784 122.023  1.00 39.39           C
ATOM   3032  C   SER B 183     -36.639   9.844 123.195  1.00 39.08           C
ATOM   3033  O   SER B 183     -36.882   9.278 124.259  1.00 39.26           O
ATOM   3034  CB  SER B 183     -38.401  11.088 121.963  1.00 38.95           C
ATOM   3035  OG  SER B 183     -39.031  11.322 123.210  1.00 35.92           O
ATOM   3036  N   LYS B 184     -35.510  10.530 122.986  1.00 42.26           N
ATOM   3037  CA  LYS B 184     -34.617  10.803 124.109  1.00 40.17           C
ATOM   3038  C   LYS B 184     -35.348  11.566 125.208  1.00 41.28           C
ATOM   3039  O   LYS B 184     -35.138  11.310 126.401  1.00 38.53           O
ATOM   3040  CB  LYS B 184     -33.405  11.605 123.646  1.00 42.87           C
ATOM   3041  CG  LYS B 184     -32.462  11.986 124.806  1.00 52.77           C
ATOM   3042  CD  LYS B 184     -31.228  12.771 124.339  1.00 51.17           C
ATOM   3043  CE  LYS B 184     -30.325  13.153 125.500  1.00 56.17           C
ATOM   3044  NZ  LYS B 184     -30.191  14.632 125.670  1.00 63.96           N1+
ATOM   3045  N   ALA B 185     -36.219  12.500 124.816  1.00 39.51           N
ATOM   3046  CA  ALA B 185     -36.995  13.275 125.780  1.00 38.41           C
ATOM   3047  C   ALA B 185     -37.914  12.389 126.613  1.00 39.82           C
ATOM   3048  O   ALA B 185     -37.897  12.456 127.844  1.00 44.20           O
ATOM   3049  CB  ALA B 185     -37.806  14.346 125.057  1.00 33.82           C
ATOM   3050  N   ASP B 186     -38.764  11.591 125.959  1.00 42.91           N
```

```
ATOM   3051  CA  ASP B 186     -39.646  10.690 126.697  1.00 37.37           C
ATOM   3052  C   ASP B 186     -38.844   9.750 127.573  1.00 37.99           C
ATOM   3053  O   ASP B 186     -39.192   9.506 128.736  1.00 37.79           O
ATOM   3054  CB  ASP B 186     -40.512   9.876 125.739  1.00 42.26           C
ATOM   3055  CG  ASP B 186     -41.589  10.703 125.065  1.00 48.82           C
ATOM   3056  OD1 ASP B 186     -42.264  11.496 125.752  1.00 49.68           O
ATOM   3057  OD2 ASP B 186     -41.778  10.531 123.839  1.00 61.13           O1-
ATOM   3058  N   TYR B 187     -37.781   9.181 127.006  1.00 41.31           N
ATOM   3059  CA  TYR B 187     -36.932   8.262 127.745  1.00 37.24           C
ATOM   3060  C   TYR B 187     -36.398   8.907 129.016  1.00 35.05           C
ATOM   3061  O   TYR B 187     -36.349   8.272 130.075  1.00 36.76           O
ATOM   3062  CB  TYR B 187     -35.786   7.785 126.852  1.00 37.33           C
ATOM   3063  CG  TYR B 187     -34.823   6.915 127.604  1.00 37.18           C
ATOM   3064  CD1 TYR B 187     -35.223   5.663 128.068  1.00 34.09           C
ATOM   3065  CD2 TYR B 187     -33.539   7.359 127.900  1.00 27.91           C
ATOM   3066  CE1 TYR B 187     -34.363   4.870 128.780  1.00 33.76           C
ATOM   3067  CE2 TYR B 187     -32.678   6.577 128.618  1.00 30.33           C
ATOM   3068  CZ  TYR B 187     -33.090   5.328 129.058  1.00 31.48           C
ATOM   3069  OH  TYR B 187     -32.233   4.528 129.785  1.00 31.99           O
ATOM   3070  N   GLU B 188     -35.991  10.166 128.935  1.00 39.77           N
ATOM   3071  CA  GLU B 188     -35.344  10.782 130.083  1.00 44.77           C
ATOM   3072  C   GLU B 188     -36.325  11.334 131.097  1.00 40.36           C
ATOM   3073  O   GLU B 188     -35.879  11.832 132.131  1.00 41.81           O
ATOM   3074  CB  GLU B 188     -34.358  11.849 129.625  1.00 39.20           C
ATOM   3075  CG  GLU B 188     -32.978  11.224 129.620  1.00 45.15           C
ATOM   3076  CD  GLU B 188     -31.974  11.914 128.723  1.00 56.05           C
ATOM   3077  OE1 GLU B 188     -32.317  12.924 128.049  1.00 48.75           O
ATOM   3078  OE2 GLU B 188     -30.831  11.394 128.688  1.00 59.27           O1-
ATOM   3079  N   LYS B 189     -37.630  11.197 130.852  1.00 37.43           N
ATOM   3080  CA  LYS B 189     -38.687  11.560 131.788  1.00 38.07           C
ATOM   3081  C   LYS B 189     -39.236  10.363 132.579  1.00 40.62           C
ATOM   3082  O   LYS B 189     -40.315  10.465 133.167  1.00 46.60           O
ATOM   3083  CB  LYS B 189     -39.813  12.270 131.030  1.00 37.89           C
ATOM   3084  CG  LYS B 189     -39.327  13.568 130.380  1.00 51.23           C
ATOM   3085  CD  LYS B 189     -40.333  14.215 129.404  1.00 62.14           C
ATOM   3086  CE  LYS B 189     -39.717  15.470 128.720  1.00 60.71           C
ATOM   3087  NZ  LYS B 189     -40.587  16.123 127.684  1.00 51.31           N1+
ATOM   3088  N   HIS B 190     -38.541   9.223 132.588  1.00 41.83           N
ATOM   3089  CA  HIS B 190     -39.025   8.026 133.271  1.00 35.94           C
ATOM   3090  C   HIS B 190     -37.865   7.259 133.879  1.00 35.72           C
ATOM   3091  O   HIS B 190     -36.701   7.484 133.543  1.00 36.41           O
ATOM   3092  CB  HIS B 190     -39.810   7.120 132.337  1.00 37.87           C
ATOM   3093  CG  HIS B 190     -41.069   7.745 131.840  1.00 37.33           C
ATOM   3094  ND1 HIS B 190     -41.173   8.323 130.596  1.00 40.44           N
ATOM   3095  CD2 HIS B 190     -42.264   7.926 132.442  1.00 37.28           C
ATOM   3096  CE1 HIS B 190     -42.386   8.813 130.442  1.00 36.52           C
ATOM   3097  NE2 HIS B 190     -43.068   8.583 131.548  1.00 42.61           N
ATOM   3098  N   LYS B 191     -38.188   6.365 134.806  1.00 32.95           N
ATOM   3099  CA  LYS B 191     -37.139   5.707 135.580  1.00 44.01           C
ATOM   3100  C   LYS B 191     -37.065   4.204 135.352  1.00 37.37           C
ATOM   3101  O   LYS B 191     -35.988   3.687 135.032  1.00 37.81           O
ATOM   3102  CB  LYS B 191     -37.316   6.017 137.084  1.00 41.79           C
ATOM   3103  CG  LYS B 191     -36.346   5.312 138.042  1.00 43.26           C
ATOM   3104  CD  LYS B 191     -36.731   5.623 139.511  1.00 54.07           C
ATOM   3105  CE  LYS B 191     -35.668   5.177 140.515  1.00 56.60           C
ATOM   3106  NZ  LYS B 191     -36.031   5.546 141.905  1.00 51.73           N1+
ATOM   3107  N   VAL B 192     -38.164   3.482 135.530  1.00 31.57           N
ATOM   3108  CA  VAL B 192     -38.156   2.027 135.503  1.00 34.89           C
ATOM   3109  C   VAL B 192     -38.596   1.564 134.126  1.00 35.04           C
ATOM   3110  O   VAL B 192     -39.687   1.918 133.661  1.00 35.31           O
ATOM   3111  CB  VAL B 192     -39.054   1.439 136.599  1.00 34.98           C
ATOM   3112  CG1 VAL B 192     -39.122  -0.073 136.464  1.00 30.15           C
ATOM   3113  CG2 VAL B 192     -38.522   1.842 137.965  1.00 36.73           C
ATOM   3114  N   TYR B 193     -37.737   0.785 133.473  1.00 36.15           N
ATOM   3115  CA  TYR B 193     -38.019   0.172 132.181  1.00 35.85           C
ATOM   3116  C   TYR B 193     -38.078  -1.327 132.381  1.00 29.50           C
ATOM   3117  O   TYR B 193     -37.178  -1.898 132.995  1.00 31.86           O
ATOM   3118  CB  TYR B 193     -36.958   0.576 131.150  1.00 28.31           C
ATOM   3119  CG  TYR B 193     -37.137   2.020 130.781  1.00 32.21           C
ATOM   3120  CD1 TYR B 193     -36.656   3.034 131.613  1.00 34.12           C
ATOM   3121  CD2 TYR B 193     -37.831   2.384 129.628  1.00 32.20           C
```

```
ATOM   3122  CE1 TYR B 193     -36.859   4.366 131.313  1.00 31.90           C
ATOM   3123  CE2 TYR B 193     -38.023   3.724 129.299  1.00 38.14           C
ATOM   3124  CZ  TYR B 193     -37.536   4.707 130.163  1.00 37.14           C
ATOM   3125  OH  TYR B 193     -37.717   6.025 129.872  1.00 39.52           O
ATOM   3126  N   ALA B 194     -39.149  -1.954 131.908  1.00 28.74           N
ATOM   3127  CA  ALA B 194     -39.300  -3.384 132.148  1.00 34.71           C
ATOM   3128  C   ALA B 194     -39.970  -4.081 130.963  1.00 33.72           C
ATOM   3129  O   ALA B 194     -40.748  -3.479 130.211  1.00 34.66           O
ATOM   3130  CB  ALA B 194     -40.083  -3.634 133.442  1.00 29.91           C
ATOM   3131  N   CYS B 195     -39.623  -5.349 130.776  1.00 32.36           N
ATOM   3132  CA  CYS B 195     -40.382  -6.251 129.919  1.00 37.46           C
ATOM   3133  C   CYS B 195     -40.814  -7.461 130.732  1.00 40.08           C
ATOM   3134  O   CYS B 195     -40.045  -8.000 131.544  1.00 39.11           O
ATOM   3135  CB  CYS B 195     -39.615  -6.703 128.639  1.00 33.36           C
ATOM   3136  SG  CYS B 195     -37.984  -7.394 128.903  1.00 49.70           S
ATOM   3137  N   GLU B 196     -42.077  -7.822 130.550  1.00 36.65           N
ATOM   3138  CA  GLU B 196     -42.702  -8.939 131.228  1.00 37.99           C
ATOM   3139  C   GLU B 196     -42.961 -10.009 130.181  1.00 33.89           C
ATOM   3140  O   GLU B 196     -43.502  -9.711 129.111  1.00 30.27           O
ATOM   3141  CB  GLU B 196     -43.986  -8.481 131.926  1.00 37.34           C
ATOM   3142  CG  GLU B 196     -44.748  -9.548 132.707  1.00 42.18           C
ATOM   3143  CD  GLU B 196     -46.068  -9.008 133.278  1.00 51.19           C
ATOM   3144  OE1 GLU B 196     -46.538  -7.957 132.796  1.00 55.09           O
ATOM   3145  OE2 GLU B 196     -46.618  -9.605 134.234  1.00 54.09           O1-
ATOM   3146  N   VAL B 197     -42.549 -11.236 130.491  1.00 33.59           N
ATOM   3147  CA  VAL B 197     -42.499 -12.350 129.550  1.00 28.73           C
ATOM   3148  C   VAL B 197     -43.396 -13.467 130.057  1.00 31.19           C
ATOM   3149  O   VAL B 197     -43.137 -14.053 131.117  1.00 32.63           O
ATOM   3150  CB  VAL B 197     -41.057 -12.851 129.355  1.00 29.79           C
ATOM   3151  CG1 VAL B 197     -41.040 -14.182 128.614  1.00 27.12           C
ATOM   3152  CG2 VAL B 197     -40.238 -11.808 128.589  1.00 28.85           C
ATOM   3153  N   THR B 198     -44.436 -13.778 129.293  1.00 32.91           N
ATOM   3154  CA  THR B 198     -45.297 -14.926 129.549  1.00 29.91           C
ATOM   3155  C   THR B 198     -45.009 -16.037 128.547  1.00 32.14           C
ATOM   3156  O   THR B 198     -45.017 -15.808 127.328  1.00 29.74           O
ATOM   3157  CB  THR B 198     -46.763 -14.516 129.502  1.00 29.14           C
ATOM   3158  OG1 THR B 198     -46.977 -13.539 130.518  1.00 36.91           O
ATOM   3159  CG2 THR B 198     -47.664 -15.701 129.771  1.00 31.29           C
ATOM   3160  N   HIS B 199     -44.758 -17.237 129.066  1.00 29.27           N
ATOM   3161  CA  HIS B 199     -44.464 -18.393 128.233  1.00 32.48           C
ATOM   3162  C   HIS B 199     -44.929 -19.638 128.964  1.00 34.28           C
ATOM   3163  O   HIS B 199     -44.998 -19.645 130.194  1.00 35.68           O
ATOM   3164  CB  HIS B 199     -42.975 -18.520 127.932  1.00 28.76           C
ATOM   3165  CG  HIS B 199     -42.659 -19.599 126.950  1.00 31.19           C
ATOM   3166  ND1 HIS B 199     -42.284 -20.867 127.331  1.00 29.79           N
ATOM   3167  CD2 HIS B 199     -42.657 -19.594 125.595  1.00 31.07           C
ATOM   3168  CE1 HIS B 199     -42.066 -21.596 126.252  1.00 29.75           C
ATOM   3169  NE2 HIS B 199     -42.280 -20.845 125.185  1.00 26.47           N
ATOM   3170  N   GLN B 200     -45.239 -20.693 128.204  1.00 28.40           N
ATOM   3171  CA  GLN B 200     -45.833 -21.862 128.839  1.00 28.53           C
ATOM   3172  C   GLN B 200     -44.841 -22.620 129.706  1.00 34.07           C
ATOM   3173  O   GLN B 200     -45.270 -23.425 130.535  1.00 36.20           O
ATOM   3174  CB  GLN B 200     -46.471 -22.791 127.805  1.00 34.90           C
ATOM   3175  CG  GLN B 200     -45.638 -23.987 127.362  1.00 36.70           C
ATOM   3176  CD  GLN B 200     -46.492 -25.092 126.712  1.00 43.78           C
ATOM   3177  OE1 GLN B 200     -46.443 -26.257 127.124  1.00 43.09           O
ATOM   3178  NE2 GLN B 200     -47.268 -24.723 125.692  1.00 41.04           N
ATOM   3179  N   GLY B 201     -43.538 -22.378 129.558  1.00 35.51           N
ATOM   3180  CA  GLY B 201     -42.576 -22.968 130.464  1.00 29.44           C
ATOM   3181  C   GLY B 201     -42.338 -22.163 131.720  1.00 33.22           C
ATOM   3182  O   GLY B 201     -41.524 -22.553 132.563  1.00 33.63           O
ATOM   3183  N   LEU B 202     -43.062 -21.058 131.884  1.00 32.15           N
ATOM   3184  CA  LEU B 202     -42.986 -20.209 133.061  1.00 36.14           C
ATOM   3185  C   LEU B 202     -44.298 -20.336 133.808  1.00 37.68           C
ATOM   3186  O   LEU B 202     -45.352 -20.003 133.256  1.00 37.45           O
ATOM   3187  CB  LEU B 202     -42.765 -18.743 132.669  1.00 36.59           C
ATOM   3188  CG  LEU B 202     -41.529 -18.334 131.867  1.00 27.10           C
ATOM   3189  CD1 LEU B 202     -41.560 -16.866 131.516  1.00 29.06           C
ATOM   3190  CD2 LEU B 202     -40.313 -18.626 132.669  1.00 31.65           C
ATOM   3191  N   SER B 203     -44.227 -20.741 135.082  1.00 42.21           N
ATOM   3192  CA  SER B 203     -45.444 -20.866 135.880  1.00 41.93           C
```

```
ATOM   3193  C   SER B 203     -46.098 -19.513 136.127  1.00 42.43           C
ATOM   3194  O   SER B 203     -47.312 -19.458 136.334  1.00 41.82           O
ATOM   3195  CB  SER B 203     -45.145 -21.561 137.214  1.00 44.30           C
ATOM   3196  OG  SER B 203     -44.114 -20.886 137.919  1.00 57.08           O
ATOM   3197  N   SER B 204     -45.333 -18.425 136.065  1.00 41.83           N
ATOM   3198  CA  SER B 204     -45.886 -17.077 136.094  1.00 43.80           C
ATOM   3199  C   SER B 204     -44.928 -16.136 135.369  1.00 41.32           C
ATOM   3200  O   SER B 204     -43.777 -16.501 135.094  1.00 39.18           O
ATOM   3201  CB  SER B 204     -46.175 -16.616 137.537  1.00 37.72           C
ATOM   3202  OG  SER B 204     -45.011 -16.540 138.333  1.00 37.17           O
ATOM   3203  N   PRO B 205     -45.400 -14.953 134.971  1.00 34.11           N
ATOM   3204  CA  PRO B 205     -44.574 -14.046 134.171  1.00 33.10           C
ATOM   3205  C   PRO B 205     -43.256 -13.665 134.836  1.00 39.09           C
ATOM   3206  O   PRO B 205     -43.148 -13.550 136.053  1.00 45.40           O
ATOM   3207  CB  PRO B 205     -45.475 -12.821 133.999  1.00 37.31           C
ATOM   3208  CG  PRO B 205     -46.835 -13.372 134.001  1.00 39.03           C
ATOM   3209  CD  PRO B 205     -46.817 -14.553 134.944  1.00 38.32           C
ATOM   3210  N   VAL B 206     -42.232 -13.502 134.016  1.00 34.71           N
ATOM   3211  CA  VAL B 206     -40.922 -13.075 134.467  1.00 35.91           C
ATOM   3212  C   VAL B 206     -40.692 -11.645 133.984  1.00 38.85           C
ATOM   3213  O   VAL B 206     -40.938 -11.328 132.811  1.00 36.12           O
ATOM   3214  CB  VAL B 206     -39.836 -14.036 133.951  1.00 34.83           C
ATOM   3215  CG1 VAL B 206     -38.475 -13.474 134.183  1.00 32.65           C
ATOM   3216  CG2 VAL B 206     -39.970 -15.355 134.650  1.00 35.57           C
ATOM   3217  N   THR B 207     -40.236 -10.774 134.883  1.00 38.08           N
ATOM   3218  CA  THR B 207     -39.870  -9.416 134.504  1.00 40.84           C
ATOM   3219  C   THR B 207     -38.378  -9.204 134.736  1.00 39.54           C
ATOM   3220  O   THR B 207     -37.836  -9.618 135.761  1.00 42.64           O
ATOM   3221  CB  THR B 207     -40.678  -8.361 135.276  1.00 37.84           C
ATOM   3222  OG1 THR B 207     -42.077  -8.538 135.017  1.00 43.59           O
ATOM   3223  CG2 THR B 207     -40.291  -6.972 134.837  1.00 32.49           C
ATOM   3224  N   LYS B 208     -37.715  -8.590 133.762  1.00 38.06           N
ATOM   3225  CA  LYS B 208     -36.376  -8.048 133.928  1.00 36.13           C
ATOM   3226  C   LYS B 208     -36.503  -6.553 133.717  1.00 30.77           C
ATOM   3227  O   LYS B 208     -37.237  -6.108 132.840  1.00 34.40           O
ATOM   3228  CB  LYS B 208     -35.349  -8.617 132.922  1.00 32.55           C
ATOM   3229  CG  LYS B 208     -35.155 -10.137 132.891  1.00 33.52           C
ATOM   3230  CD  LYS B 208     -34.907 -10.808 134.236  1.00 35.71           C
ATOM   3231  CE  LYS B 208     -34.562 -12.283 133.994  1.00 39.12           C
ATOM   3232  NZ  LYS B 208     -34.393 -13.134 135.206  1.00 41.39           N1+
ATOM   3233  N   SER B 209     -35.841  -5.768 134.543  1.00 37.37           N
ATOM   3234  CA  SER B 209     -36.013  -4.330 134.455  1.00 33.94           C
ATOM   3235  C   SER B 209     -34.700  -3.653 134.776  1.00 29.43           C
ATOM   3236  O   SER B 209     -33.780  -4.271 135.305  1.00 31.80           O
ATOM   3237  CB  SER B 209     -37.096  -3.848 135.420  1.00 33.21           C
ATOM   3238  OG  SER B 209     -36.754  -4.262 136.724  1.00 35.51           O
ATOM   3239  N   PHE B 210     -34.653  -2.351 134.517  1.00 34.31           N
ATOM   3240  CA  PHE B 210     -33.559  -1.507 134.978  1.00 37.85           C
ATOM   3241  C   PHE B 210     -34.108  -0.121 135.302  1.00 39.37           C
ATOM   3242  O   PHE B 210     -35.098   0.319 134.705  1.00 33.58           O
ATOM   3243  CB  PHE B 210     -32.434  -1.395 133.935  1.00 26.33           C
ATOM   3244  CG  PHE B 210     -32.827  -0.647 132.698  1.00 33.39           C
ATOM   3245  CD1 PHE B 210     -32.688   0.736 132.632  1.00 31.43           C
ATOM   3246  CD2 PHE B 210     -33.342  -1.321 131.597  1.00 32.75           C
ATOM   3247  CE1 PHE B 210     -33.052   1.438 131.490  1.00 35.66           C
ATOM   3248  CE2 PHE B 210     -33.702  -0.630 130.436  1.00 33.47           C
ATOM   3249  CZ  PHE B 210     -33.559   0.752 130.380  1.00 34.55           C
ATOM   3250  N   ASN B 211     -33.475   0.547 136.284  1.00 42.75           N
ATOM   3251  CA  ASN B 211     -33.738   1.955 136.583  1.00 38.70           C
ATOM   3252  C   ASN B 211     -32.818   2.832 135.752  1.00 43.04           C
ATOM   3253  O   ASN B 211     -31.602   2.610 135.717  1.00 39.58           O
ATOM   3254  CB  ASN B 211     -33.515   2.295 138.054  1.00 48.54           C
ATOM   3255  CG  ASN B 211     -34.216   1.354 138.988  1.00 51.99           C
ATOM   3256  OD1 ASN B 211     -35.237   0.765 138.642  1.00 48.81           O
ATOM   3257  ND2 ASN B 211     -33.672   1.208 140.193  1.00 53.46           N
ATOM   3258  N   ARG B 212     -33.396   3.826 135.088  1.00 42.30           N
ATOM   3259  CA  ARG B 212     -32.585   4.725 134.279  1.00 44.00           C
ATOM   3260  C   ARG B 212     -31.547   5.416 135.166  1.00 53.42           C
ATOM   3261  O   ARG B 212     -31.838   5.807 136.304  1.00 49.38           O
ATOM   3262  CB  ARG B 212     -33.478   5.748 133.579  1.00 35.08           C
ATOM   3263  CG  ARG B 212     -32.768   6.567 132.543  1.00 35.57           C
```

```
ATOM   3264  CD  ARG B 212     -33.745   7.458 131.855  1.00 39.63           C
ATOM   3265  NE  ARG B 212     -34.383   8.298 132.850  1.00 48.56           N
ATOM   3266  CZ  ARG B 212     -33.927   9.489 133.210  1.00 47.89           C
ATOM   3267  NH1 ARG B 212     -32.853   9.988 132.617  1.00 49.63           N1+
ATOM   3268  NH2 ARG B 212     -34.554  10.182 134.150  1.00 49.80           N
ATOM   3269  N   GLY B 213     -30.313   5.513 134.660  1.00 57.27           N
ATOM   3270  CA  GLY B 213     -29.233   6.174 135.372  1.00 56.62           C
ATOM   3271  C   GLY B 213     -28.594   5.389 136.502  1.00 64.15           C
ATOM   3272  O   GLY B 213     -27.852   5.979 137.297  1.00 72.50           O
ATOM   3273  N   GLU B 214     -28.872   4.093 136.624  1.00 62.54           N
ATOM   3274  CA  GLU B 214     -28.300   3.285 137.703  1.00 62.11           C
ATOM   3275  C   GLU B 214     -27.713   1.996 137.157  1.00 59.03           C
ATOM   3276  O   GLU B 214     -26.518   1.940 136.863  1.00 63.86           O
ATOM   3277  CB  GLU B 214     -29.353   3.001 138.781  1.00 51.33           C
ATOM   3278  CG  GLU B 214     -29.912   4.302 139.342  1.00 61.22           C
ATOM   3279  CD  GLU B 214     -31.228   4.170 140.105  1.00 66.11           C
ATOM   3280  OE1 GLU B 214     -31.496   3.123 140.751  1.00 61.27           O
ATOM   3281  OE2 GLU B 214     -32.004   5.152 140.044  1.00 64.67           O1-
TER
ATOM   3282  N   GLN C   1     -37.672 -36.358  87.095  1.00 48.43           N
ATOM   3283  CA  GLN C   1     -37.796 -35.842  85.733  1.00 53.92           C
ATOM   3284  C   GLN C   1     -36.907 -36.762  84.921  1.00 48.53           C
ATOM   3285  O   GLN C   1     -37.375 -37.531  84.085  1.00 49.71           O
ATOM   3286  CB  GLN C   1     -37.335 -34.383  85.628  1.00 47.24           C
ATOM   3287  CG  GLN C   1     -37.925 -33.494  86.693  1.00 41.90           C
ATOM   3288  CD  GLN C   1     -37.270 -33.771  88.072  1.00 54.37           C
ATOM   3289  OE1 GLN C   1     -37.245 -34.914  88.549  1.00 44.69           O
ATOM   3290  NE2 GLN C   1     -36.710 -32.731  88.690  1.00 59.79           N
ATOM   3291  N   VAL C   2     -35.614 -36.686  85.222  1.00 51.69           N
ATOM   3292  CA  VAL C   2     -34.607 -37.545  84.617  1.00 47.55           C
ATOM   3293  C   VAL C   2     -34.423 -38.731  85.545  1.00 47.63           C
ATOM   3294  O   VAL C   2     -33.898 -38.581  86.647  1.00 46.25           O
ATOM   3295  CB  VAL C   2     -33.299 -36.782  84.412  1.00 42.21           C
ATOM   3296  CG1 VAL C   2     -32.374 -37.549  83.497  1.00 38.77           C
ATOM   3297  CG2 VAL C   2     -33.625 -35.409  83.861  1.00 38.63           C
ATOM   3298  N   GLN C   3     -34.870 -39.908  85.122  1.00 44.76           N
ATOM   3299  CA  GLN C   3     -34.623 -41.114  85.894  1.00 46.20           C
ATOM   3300  C   GLN C   3     -33.571 -41.955  85.194  1.00 38.10           C
ATOM   3301  O   GLN C   3     -33.475 -41.955  83.965  1.00 39.47           O
ATOM   3302  CB  GLN C   3     -35.902 -41.931  86.152  1.00 46.17           C
ATOM   3303  CG  GLN C   3     -36.857 -42.057  84.981  1.00 54.72           C
ATOM   3304  CD  GLN C   3     -37.939 -40.974  84.954  1.00 59.64           C
ATOM   3305  OE1 GLN C   3     -38.022 -40.180  83.996  1.00 55.09           O
ATOM   3306  NE2 GLN C   3     -38.794 -40.952  85.996  1.00 49.26           N
ATOM   3307  N   LEU C   4     -32.728 -42.584  85.993  1.00 36.10           N
ATOM   3308  CA  LEU C   4     -31.834 -43.639  85.548  1.00 36.24           C
ATOM   3309  C   LEU C   4     -32.349 -44.892  86.234  1.00 38.70           C
ATOM   3310  O   LEU C   4     -32.006 -45.155  87.383  1.00 41.03           O
ATOM   3311  CB  LEU C   4     -30.377 -43.351  85.916  1.00 31.18           C
ATOM   3312  CG  LEU C   4     -29.695 -42.051  85.479  1.00 32.11           C
ATOM   3313  CD1 LEU C   4     -28.199 -42.201  85.552  1.00 34.48           C
ATOM   3314  CD2 LEU C   4     -30.085 -41.672  84.084  1.00 36.90           C
ATOM   3315  N   GLN C   5     -33.149 -45.677  85.525  1.00 44.15           N
ATOM   3316  CA  GLN C   5     -33.773 -46.856  86.108  1.00 45.12           C
ATOM   3317  C   GLN C   5     -32.880 -48.063  85.887  1.00 41.78           C
ATOM   3318  O   GLN C   5     -32.475 -48.340  84.755  1.00 41.54           O
ATOM   3319  CB  GLN C   5     -35.152 -47.084  85.489  1.00 49.54           C
ATOM   3320  CG  GLN C   5     -35.943 -48.256  86.071  1.00 56.47           C
ATOM   3321  CD  GLN C   5     -37.440 -48.116  85.797  1.00 74.65           C
ATOM   3322  OE1 GLN C   5     -37.935 -47.009  85.533  1.00 74.08           O
ATOM   3323  NE2 GLN C   5     -38.166 -49.236  85.850  1.00 70.76           N
ATOM   3324  N   GLN C   6     -32.592 -48.786  86.963  1.00 36.00           N
ATOM   3325  CA  GLN C   6     -31.668 -49.905  86.917  1.00 37.25           C
ATOM   3326  C   GLN C   6     -32.432 -51.207  87.049  1.00 40.30           C
ATOM   3327  O   GLN C   6     -33.416 -51.281  87.787  1.00 48.42           O
ATOM   3328  CB  GLN C   6     -30.617 -49.841  88.032  1.00 37.59           C
ATOM   3329  CG  GLN C   6     -29.875 -48.541  88.142  1.00 40.04           C
ATOM   3330  CD  GLN C   6     -28.646 -48.621  89.041  1.00 38.65           C
ATOM   3331  OE1 GLN C   6     -28.173 -47.599  89.535  1.00 36.68           O
ATOM   3332  NE2 GLN C   6     -28.111 -49.834  89.239  1.00 31.43           N
ATOM   3333  N   TRP C   7     -31.969 -52.228  86.334  1.00 36.46           N
```

```
ATOM   3334  CA  TRP C   7     -32.424 -53.585  86.573  1.00 39.72           C
ATOM   3335  C   TRP C   7     -31.284 -54.527  86.258  1.00 37.13           C
ATOM   3336  O   TRP C   7     -30.252 -54.125  85.709  1.00 36.52           O
ATOM   3337  CB  TRP C   7     -33.669 -53.937  85.756  1.00 36.24           C
ATOM   3338  CG  TRP C   7     -33.515 -53.880  84.294  1.00 38.80           C
ATOM   3339  CD1 TRP C   7     -33.103 -54.893  83.464  1.00 37.72           C
ATOM   3340  CD2 TRP C   7     -33.812 -52.760  83.446  1.00 41.40           C
ATOM   3341  NE1 TRP C   7     -33.111 -54.462  82.153  1.00 39.38           N
ATOM   3342  CE2 TRP C   7     -33.544 -53.159  82.113  1.00 39.28           C
ATOM   3343  CE3 TRP C   7     -34.270 -51.460  83.683  1.00 41.24           C
ATOM   3344  CZ2 TRP C   7     -33.713 -52.298  81.022  1.00 37.17           C
ATOM   3345  CZ3 TRP C   7     -34.443 -50.603  82.589  1.00 42.48           C
ATOM   3346  CH2 TRP C   7     -34.164 -51.032  81.278  1.00 38.07           C
ATOM   3347  N   GLY C   8     -31.479 -55.779  86.640  1.00 30.53           N
ATOM   3348  CA  GLY C   8     -30.480 -56.819  86.491  1.00 29.00           C
ATOM   3349  C   GLY C   8     -30.542 -57.704  87.715  1.00 28.80           C
ATOM   3350  O   GLY C   8     -30.936 -57.284  88.802  1.00 35.52           O
ATOM   3351  N   ALA C   9     -30.175 -58.964  87.536  1.00 31.95           N
ATOM   3352  CA  ALA C   9     -30.163 -59.902  88.650  1.00 36.64           C
ATOM   3353  C   ALA C   9     -29.108 -59.490  89.672  1.00 40.72           C
ATOM   3354  O   ALA C   9     -27.936 -59.312  89.329  1.00 44.07           O
ATOM   3355  CB  ALA C   9     -29.893 -61.324  88.152  1.00 32.88           C
ATOM   3356  N   GLY C  10     -29.528 -59.350  90.927  1.00 40.53           N
ATOM   3357  CA  GLY C  10     -28.651 -58.938  92.001  1.00 34.92           C
ATOM   3358  C   GLY C  10     -28.135 -60.045  92.894  1.00 32.59           C
ATOM   3359  O   GLY C  10     -27.259 -59.787  93.722  1.00 37.26           O
ATOM   3360  N   LEU C  11     -28.643 -61.269  92.760  1.00 33.32           N
ATOM   3361  CA  LEU C  11     -28.155 -62.401  93.550  1.00 35.63           C
ATOM   3362  C   LEU C  11     -27.388 -63.330  92.625  1.00 37.18           C
ATOM   3363  O   LEU C  11     -27.945 -63.832  91.641  1.00 40.37           O
ATOM   3364  CB  LEU C  11     -29.292 -63.162  94.238  1.00 33.21           C
ATOM   3365  CG  LEU C  11     -29.045 -63.745  95.639  1.00 35.68           C
ATOM   3366  CD1 LEU C  11     -29.828 -65.026  95.836  1.00 37.14           C
ATOM   3367  CD2 LEU C  11     -27.589 -63.991  95.974  1.00 34.37           C
ATOM   3368  N   LEU C  12     -26.125 -63.573  92.957  1.00 33.96           N
ATOM   3369  CA  LEU C  12     -25.238 -64.365  92.126  1.00 37.97           C
ATOM   3370  C   LEU C  12     -24.363 -65.240  93.002  1.00 35.65           C
ATOM   3371  O   LEU C  12     -24.068 -64.894  94.147  1.00 36.30           O
ATOM   3372  CB  LEU C  12     -24.331 -63.494  91.246  1.00 34.37           C
ATOM   3373  CG  LEU C  12     -24.960 -62.530  90.262  1.00 37.66           C
ATOM   3374  CD1 LEU C  12     -23.856 -61.733  89.638  1.00 43.23           C
ATOM   3375  CD2 LEU C  12     -25.713 -63.294  89.190  1.00 44.30           C
ATOM   3376  N   LYS C  13     -23.932 -66.390  92.428  1.00 36.66           N
ATOM   3377  CA  LYS C  13     -22.957 -67.321  92.963  1.00 38.43           C
ATOM   3378  C   LYS C  13     -21.606 -67.082  92.306  1.00 39.27           C
ATOM   3379  O   LYS C  13     -21.543 -66.620  91.160  1.00 39.31           O
ATOM   3380  CB  LYS C  13     -23.391 -68.766  92.715  1.00 36.21           C
ATOM   3381  CG  LYS C  13     -24.872 -68.896  92.517  1.00 42.22           C
ATOM   3382  CD  LYS C  13     -25.398 -70.074  93.270  1.00 45.83           C
ATOM   3383  CE  LYS C  13     -25.107 -69.921  94.743  1.00 45.08           C
ATOM   3384  NZ  LYS C  13     -25.676 -71.073  95.499  1.00 49.42           N1+
ATOM   3385  N   PRO C  14     -20.517 -67.383  93.016  1.00 33.06           N
ATOM   3386  CA  PRO C  14     -19.180 -67.135  92.464  1.00 31.17           C
ATOM   3387  C   PRO C  14     -19.019 -67.705  91.063  1.00 35.18           C
ATOM   3388  O   PRO C  14     -19.621 -68.717  90.712  1.00 37.79           O
ATOM   3389  CB  PRO C  14     -18.258 -67.830  93.463  1.00 24.90           C
ATOM   3390  CG  PRO C  14     -19.016 -67.795  94.737  1.00 29.59           C
ATOM   3391  CD  PRO C  14     -20.461 -67.876  94.405  1.00 27.79           C
ATOM   3392  N   SER C  15     -18.235 -66.995  90.251  1.00 38.99           N
ATOM   3393  CA  SER C  15     -17.811 -67.278  88.882  1.00 33.18           C
ATOM   3394  C   SER C  15     -18.911 -66.976  87.855  1.00 35.06           C
ATOM   3395  O   SER C  15     -18.601 -66.892  86.661  1.00 34.68           O
ATOM   3396  CB  SER C  15     -17.276 -68.717  88.689  1.00 35.00           C
ATOM   3397  OG  SER C  15     -18.279 -69.665  88.363  1.00 36.60           O
ATOM   3398  N   GLU C  16     -20.172 -66.781  88.266  1.00 33.98           N
ATOM   3399  CA  GLU C  16     -21.187 -66.305  87.322  1.00 35.39           C
ATOM   3400  C   GLU C  16     -20.811 -64.890  86.852  1.00 35.84           C
ATOM   3401  O   GLU C  16     -19.841 -64.279  87.324  1.00 35.76           O
ATOM   3402  CB  GLU C  16     -22.590 -66.308  87.953  1.00 33.60           C
ATOM   3403  CG  GLU C  16     -22.982 -67.595  88.701  1.00 38.40           C
ATOM   3404  CD  GLU C  16     -24.487 -67.720  89.061  1.00 49.48           C
```

```
ATOM   3405  OE1 GLU C  16     -25.199 -66.698  89.225  1.00 50.75           O
ATOM   3406  OE2 GLU C  16     -24.950 -68.866  89.261  1.00 51.03           O1-
ATOM   3407  N   THR C  17     -21.570 -64.359  85.905  1.00 32.01           N
ATOM   3408  CA  THR C  17     -21.301 -63.010  85.451  1.00 32.01           C
ATOM   3409  C   THR C  17     -22.463 -62.094  85.818  1.00 39.55           C
ATOM   3410  O   THR C  17     -23.637 -62.460  85.685  1.00 36.43           O
ATOM   3411  CB  THR C  17     -20.978 -62.950  83.939  1.00 34.07           C
ATOM   3412  OG1 THR C  17     -21.956 -62.180  83.230  1.00 39.64           O
ATOM   3413  CG2 THR C  17     -20.841 -64.327  83.325  1.00 35.94           C
ATOM   3414  N   LEU C  18     -22.109 -60.901  86.295  1.00 37.34           N
ATOM   3415  CA  LEU C  18     -23.065 -59.889  86.703  1.00 30.52           C
ATOM   3416  C   LEU C  18     -23.481 -59.095  85.476  1.00 34.01           C
ATOM   3417  O   LEU C  18     -22.639 -58.717  84.651  1.00 35.55           O
ATOM   3418  CB  LEU C  18     -22.437 -59.006  87.782  1.00 29.47           C
ATOM   3419  CG  LEU C  18     -22.993 -57.708  88.384  1.00 35.82           C
ATOM   3420  CD1 LEU C  18     -22.732 -56.524  87.491  1.00 32.88           C
ATOM   3421  CD2 LEU C  18     -24.488 -57.846  88.679  1.00 31.62           C
ATOM   3422  N   SER C  19     -24.783 -58.870  85.340  1.00 31.00           N
ATOM   3423  CA  SER C  19     -25.301 -58.146  84.187  1.00 36.91           C
ATOM   3424  C   SER C  19     -26.378 -57.173  84.657  1.00 32.12           C
ATOM   3425  O   SER C  19     -27.371 -57.593  85.262  1.00 30.22           O
ATOM   3426  CB  SER C  19     -25.835 -59.143  83.141  1.00 33.82           C
ATOM   3427  OG  SER C  19     -26.265 -58.506  81.963  1.00 42.48           O
ATOM   3428  N   LEU C  20     -26.175 -55.877  84.364  1.00 30.42           N
ATOM   3429  CA  LEU C  20     -27.041 -54.785  84.804  1.00 30.56           C
ATOM   3430  C   LEU C  20     -27.300 -53.840  83.643  1.00 29.54           C
ATOM   3431  O   LEU C  20     -26.430 -53.618  82.801  1.00 31.80           O
ATOM   3432  CB  LEU C  20     -26.416 -53.973  85.970  1.00 25.88           C
ATOM   3433  CG  LEU C  20     -26.042 -54.745  87.243  1.00 27.95           C
ATOM   3434  CD1 LEU C  20     -25.312 -53.866  88.232  1.00 25.17           C
ATOM   3435  CD2 LEU C  20     -27.288 -55.391  87.897  1.00 28.86           C
ATOM   3436  N   THR C  21     -28.479 -53.236  83.636  1.00 29.19           N
ATOM   3437  CA  THR C  21     -28.844 -52.262  82.616  1.00 32.34           C
ATOM   3438  C   THR C  21     -29.444 -51.043  83.297  1.00 33.93           C
ATOM   3439  O   THR C  21     -30.059 -51.155  84.360  1.00 41.09           O
ATOM   3440  CB  THR C  21     -29.833 -52.839  81.576  1.00 32.67           C
ATOM   3441  OG1 THR C  21     -29.282 -54.034  81.016  1.00 29.98           O
ATOM   3442  CG2 THR C  21     -30.116 -51.832  80.457  1.00 28.76           C
ATOM   3443  N   CYS C  22     -29.221 -49.880  82.686  1.00 28.26           N
ATOM   3444  CA  CYS C  22     -29.766 -48.596  83.090  1.00 26.22           C
ATOM   3445  C   CYS C  22     -30.582 -48.024  81.939  1.00 35.11           C
ATOM   3446  O   CYS C  22     -30.119 -48.022  80.794  1.00 35.88           O
ATOM   3447  CB  CYS C  22     -28.601 -47.671  83.441  1.00 34.45           C
ATOM   3448  SG  CYS C  22     -28.863 -46.199  84.443  1.00 53.91           S
ATOM   3449  N   ALA C  23     -31.786 -47.526  82.223  1.00 41.07           N
ATOM   3450  CA  ALA C  23     -32.593 -46.849  81.211  1.00 32.31           C
ATOM   3451  C   ALA C  23     -32.715 -45.377  81.565  1.00 38.18           C
ATOM   3452  O   ALA C  23     -33.077 -45.034  82.693  1.00 40.40           O
ATOM   3453  CB  ALA C  23     -33.971 -47.489  81.072  1.00 31.29           C
ATOM   3454  N   VAL C  24     -32.419 -44.515  80.601  1.00 37.14           N
ATOM   3455  CA  VAL C  24     -32.433 -43.067  80.777  1.00 34.17           C
ATOM   3456  C   VAL C  24     -33.726 -42.531  80.183  1.00 39.79           C
ATOM   3457  O   VAL C  24     -34.063 -42.841  79.033  1.00 44.85           O
ATOM   3458  CB  VAL C  24     -31.202 -42.429  80.111  1.00 35.68           C
ATOM   3459  CG1 VAL C  24     -31.194 -40.927  80.274  1.00 33.16           C
ATOM   3460  CG2 VAL C  24     -29.937 -43.034  80.689  1.00 35.47           C
ATOM   3461  N   SER C  25     -34.433 -41.694  80.936  1.00 40.19           N
ATOM   3462  CA  SER C  25     -35.722 -41.217  80.453  1.00 37.50           C
ATOM   3463  C   SER C  25     -35.843 -39.707  80.355  1.00 46.83           C
ATOM   3464  O   SER C  25     -36.323 -39.206  79.339  1.00 56.63           O
ATOM   3465  CB  SER C  25     -36.842 -41.735  81.372  1.00 39.57           C
ATOM   3466  OG  SER C  25     -36.448 -42.914  82.077  1.00 44.46           O
ATOM   3467  N   GLY C  26     -35.362 -38.958  81.342  1.00 46.38           N
ATOM   3468  CA  GLY C  26     -35.703 -37.542  81.413  1.00 45.90           C
ATOM   3469  C   GLY C  26     -35.175 -36.666  80.290  1.00 45.91           C
ATOM   3470  O   GLY C  26     -35.926 -35.873  79.720  1.00 50.30           O
ATOM   3471  N   GLY C  27     -33.881 -36.752  79.983  1.00 41.90           N
ATOM   3472  CA  GLY C  27     -33.299 -35.764  79.082  1.00 33.59           C
ATOM   3473  C   GLY C  27     -32.626 -36.313  77.847  1.00 35.39           C
ATOM   3474  O   GLY C  27     -33.065 -37.324  77.298  1.00 41.91           O
ATOM   3475  N   SER C  28     -31.574 -35.646  77.382  1.00 41.18           N
```

```
ATOM   3476  CA  SER C  28     -30.856 -36.113  76.204  1.00 38.29           C
ATOM   3477  C   SER C  28     -29.975 -37.312  76.538  1.00 36.07           C
ATOM   3478  O   SER C  28     -29.631 -37.575  77.693  1.00 37.41           O
ATOM   3479  CB  SER C  28     -29.983 -35.007  75.609  1.00 38.36           C
ATOM   3480  OG  SER C  28     -30.761 -33.920  75.126  1.00 40.67           O
ATOM   3481  N   PHE C  29     -29.605 -38.042  75.494  1.00 36.30           N
ATOM   3482  CA  PHE C  29     -28.717 -39.178  75.630  1.00 36.41           C
ATOM   3483  C   PHE C  29     -27.350 -38.932  75.015  1.00 41.79           C
ATOM   3484  O   PHE C  29     -26.408 -39.669  75.329  1.00 42.57           O
ATOM   3485  CB  PHE C  29     -29.357 -40.414  74.999  1.00 29.89           C
ATOM   3486  CG  PHE C  29     -28.843 -41.712  75.541  1.00 31.96           C
ATOM   3487  CD1 PHE C  29     -28.786 -41.939  76.912  1.00 37.24           C
ATOM   3488  CD2 PHE C  29     -28.466 -42.735  74.682  1.00 32.71           C
ATOM   3489  CE1 PHE C  29     -28.325 -43.161  77.428  1.00 31.78           C
ATOM   3490  CE2 PHE C  29     -28.010 -43.953  75.182  1.00 32.65           C
ATOM   3491  CZ  PHE C  29     -27.946 -44.167  76.558  1.00 31.78           C
ATOM   3492  N   ARG C  30     -27.207 -37.893  74.190  1.00 36.62           N
ATOM   3493  CA  ARG C  30     -26.097 -37.790  73.261  1.00 40.24           C
ATOM   3494  C   ARG C  30     -24.969 -36.896  73.757  1.00 41.65           C
ATOM   3495  O   ARG C  30     -23.861 -36.972  73.223  1.00 37.36           O
ATOM   3496  CB  ARG C  30     -26.601 -37.249  71.922  1.00 37.58           C
ATOM   3497  CG  ARG C  30     -27.046 -35.805  72.068  1.00 51.10           C
ATOM   3498  CD  ARG C  30     -27.335 -35.130  70.748  1.00 52.17           C
ATOM   3499  NE  ARG C  30     -28.733 -35.284  70.381  1.00 58.44           N
ATOM   3500  CZ  ARG C  30     -29.297 -34.695  69.334  1.00 65.83           C
ATOM   3501  NH1 ARG C  30     -30.583 -34.897  69.073  1.00 66.12           N1+
ATOM   3502  NH2 ARG C  30     -28.575 -33.907  68.548  1.00 74.46           N
ATOM   3503  N   TYR C  31     -25.210 -36.062  74.758  1.00 44.38           N
ATOM   3504  CA  TYR C  31     -24.179 -35.148  75.227  1.00 38.68           C
ATOM   3505  C   TYR C  31     -23.376 -35.702  76.382  1.00 38.31           C
ATOM   3506  O   TYR C  31     -22.476 -35.022  76.876  1.00 37.88           O
ATOM   3507  CB  TYR C  31     -24.791 -33.816  75.660  1.00 39.97           C
ATOM   3508  CG  TYR C  31     -25.693 -33.157  74.646  1.00 38.66           C
ATOM   3509  CD1 TYR C  31     -25.199 -32.718  73.428  1.00 39.15           C
ATOM   3510  CD2 TYR C  31     -27.032 -32.967  74.913  1.00 40.52           C
ATOM   3511  CE1 TYR C  31     -26.008 -32.113  72.518  1.00 41.25           C
ATOM   3512  CE2 TYR C  31     -27.852 -32.352  74.011  1.00 45.11           C
ATOM   3513  CZ  TYR C  31     -27.342 -31.928  72.814  1.00 48.11           C
ATOM   3514  OH  TYR C  31     -28.178 -31.317  71.914  1.00 50.76           O
ATOM   3515  N   TYR C  32     -23.699 -36.894  76.851  1.00 41.37           N
ATOM   3516  CA  TYR C  32     -23.187 -37.357  78.121  1.00 33.57           C
ATOM   3517  C   TYR C  32     -22.357 -38.615  77.953  1.00 35.33           C
ATOM   3518  O   TYR C  32     -22.466 -39.346  76.967  1.00 39.05           O
ATOM   3519  CB  TYR C  32     -24.325 -37.630  79.090  1.00 34.60           C
ATOM   3520  CG  TYR C  32     -25.238 -36.454  79.258  1.00 38.37           C
ATOM   3521  CD1 TYR C  32     -24.873 -35.386  80.057  1.00 38.78           C
ATOM   3522  CD2 TYR C  32     -26.472 -36.408  78.610  1.00 37.80           C
ATOM   3523  CE1 TYR C  32     -25.711 -34.288  80.207  1.00 42.05           C
ATOM   3524  CE2 TYR C  32     -27.310 -35.329  78.749  1.00 41.43           C
ATOM   3525  CZ  TYR C  32     -26.927 -34.266  79.551  1.00 45.45           C
ATOM   3526  OH  TYR C  32     -27.758 -33.180  79.704  1.00 53.26           O
ATOM   3527  N   TYR C  33     -21.511 -38.840  78.942  1.00 36.12           N
ATOM   3528  CA  TYR C  33     -20.902 -40.133  79.185  1.00 33.30           C
ATOM   3529  C   TYR C  33     -21.731 -40.841  80.236  1.00 29.90           C
ATOM   3530  O   TYR C  33     -22.282 -40.201  81.135  1.00 34.09           O
ATOM   3531  CB  TYR C  33     -19.453 -39.988  79.655  1.00 32.91           C
ATOM   3532  CG  TYR C  33     -18.490 -39.876  78.500  1.00 32.64           C
ATOM   3533  CD1 TYR C  33     -18.235 -38.637  77.891  1.00 29.43           C
ATOM   3534  CD2 TYR C  33     -17.843 -41.004  78.005  1.00 32.78           C
ATOM   3535  CE1 TYR C  33     -17.352 -38.526  76.834  1.00 31.81           C
ATOM   3536  CE2 TYR C  33     -16.947 -40.905  76.954  1.00 37.66           C
ATOM   3537  CZ  TYR C  33     -16.714 -39.671  76.363  1.00 36.45           C
ATOM   3538  OH  TYR C  33     -15.840 -39.599  75.307  1.00 33.16           O
ATOM   3539  N   TRP C  34     -21.845 -42.154  80.099  1.00 31.46           N
ATOM   3540  CA  TRP C  34     -22.687 -42.974  80.957  1.00 28.61           C
ATOM   3541  C   TRP C  34     -21.790 -43.981  81.658  1.00 31.34           C
ATOM   3542  O   TRP C  34     -20.997 -44.666  80.994  1.00 26.44           O
ATOM   3543  CB  TRP C  34     -23.790 -43.628  80.118  1.00 25.06           C
ATOM   3544  CG  TRP C  34     -24.610 -42.557  79.485  1.00 31.01           C
ATOM   3545  CD1 TRP C  34     -24.506 -42.091  78.205  1.00 32.39           C
ATOM   3546  CD2 TRP C  34     -25.632 -41.770  80.113  1.00 33.17           C
```

```
ATOM   3547  NE1 TRP C  34     -25.403 -41.072  77.993  1.00 33.65           N
ATOM   3548  CE2 TRP C  34     -26.108 -40.853  79.145  1.00 34.22           C
ATOM   3549  CE3 TRP C  34     -26.205 -41.761  81.389  1.00 28.29           C
ATOM   3550  CZ2 TRP C  34     -27.131 -39.940  79.416  1.00 33.64           C
ATOM   3551  CZ3 TRP C  34     -27.211 -40.834  81.659  1.00 30.29           C
ATOM   3552  CH2 TRP C  34     -27.660 -39.944  80.682  1.00 29.13           C
ATOM   3553  N   SER C  35     -21.903 -44.049  82.998  1.00 28.84           N
ATOM   3554  CA  SER C  35     -20.898 -44.663  83.856  1.00 26.34           C
ATOM   3555  C   SER C  35     -21.495 -45.683  84.815  1.00 25.62           C
ATOM   3556  O   SER C  35     -22.691 -45.688  85.096  1.00 28.59           O
ATOM   3557  CB  SER C  35     -20.153 -43.603  84.674  1.00 25.36           C
ATOM   3558  OG  SER C  35     -19.476 -42.699  83.828  1.00 36.45           O
ATOM   3559  N   TRP C  36     -20.611 -46.515  85.359  1.00 24.98           N
ATOM   3560  CA  TRP C  36     -20.914 -47.468  86.419  1.00 22.69           C
ATOM   3561  C   TRP C  36     -19.937 -47.262  87.567  1.00 26.01           C
ATOM   3562  O   TRP C  36     -18.723 -47.189  87.354  1.00 30.88           O
ATOM   3563  CB  TRP C  36     -20.829 -48.911  85.911  1.00 27.21           C
ATOM   3564  CG  TRP C  36     -21.922 -49.263  84.951  1.00 31.29           C
ATOM   3565  CD1 TRP C  36     -21.856 -49.288  83.581  1.00 27.11           C
ATOM   3566  CD2 TRP C  36     -23.263 -49.599  85.293  1.00 28.25           C
ATOM   3567  NE1 TRP C  36     -23.082 -49.636  83.050  1.00 25.91           N
ATOM   3568  CE2 TRP C  36     -23.959 -49.843  84.083  1.00 31.98           C
ATOM   3569  CE3 TRP C  36     -23.942 -49.732  86.504  1.00 23.12           C
ATOM   3570  CZ2 TRP C  36     -25.310 -50.203  84.059  1.00 30.86           C
ATOM   3571  CZ3 TRP C  36     -25.280 -50.087  86.479  1.00 26.83           C
ATOM   3572  CH2 TRP C  36     -25.954 -50.315  85.266  1.00 26.13           C
ATOM   3573  N   ILE C  37     -20.469 -47.181  88.779  1.00 27.24           N
ATOM   3574  CA  ILE C  37     -19.713 -46.954  90.007  1.00 25.13           C
ATOM   3575  C   ILE C  37     -20.228 -47.955  91.036  1.00 26.55           C
ATOM   3576  O   ILE C  37     -21.442 -48.138  91.155  1.00 29.45           O
ATOM   3577  CB  ILE C  37     -19.904 -45.502  90.503  1.00 24.76           C
ATOM   3578  CG1 ILE C  37     -19.417 -44.509  89.444  1.00 26.03           C
ATOM   3579  CG2 ILE C  37     -19.245 -45.259  91.853  1.00 28.36           C
ATOM   3580  CD1 ILE C  37     -20.031 -43.142  89.552  1.00 27.83           C
ATOM   3581  N   ARG C  38     -19.328 -48.630  91.755  1.00 21.22           N
ATOM   3582  CA  ARG C  38     -19.764 -49.538  92.810  1.00 25.95           C
ATOM   3583  C   ARG C  38     -19.274 -49.069  94.183  1.00 31.35           C
ATOM   3584  O   ARG C  38     -18.283 -48.340  94.308  1.00 26.88           O
ATOM   3585  CB  ARG C  38     -19.314 -50.993  92.559  1.00 23.96           C
ATOM   3586  CG  ARG C  38     -17.834 -51.151  92.450  1.00 33.62           C
ATOM   3587  CD  ARG C  38     -17.312 -52.176  93.382  1.00 31.96           C
ATOM   3588  NE  ARG C  38     -17.339 -53.503  92.796  1.00 36.58           N
ATOM   3589  CZ  ARG C  38     -16.278 -54.294  92.657  1.00 33.65           C
ATOM   3590  NH1 ARG C  38     -15.072 -53.910  93.057  1.00 31.68           N1+
ATOM   3591  NH2 ARG C  38     -16.436 -55.483  92.123  1.00 28.23           N
ATOM   3592  N   GLN C  39     -20.015 -49.467  95.215  1.00 27.22           N
ATOM   3593  CA  GLN C  39     -19.688 -49.135  96.599  1.00 29.87           C
ATOM   3594  C   GLN C  39     -19.795 -50.406  97.437  1.00 28.44           C
ATOM   3595  O   GLN C  39     -20.911 -50.833  97.779  1.00 29.08           O
ATOM   3596  CB  GLN C  39     -20.621 -48.042  97.105  1.00 24.56           C
ATOM   3597  CG  GLN C  39     -20.252 -47.429  98.435  1.00 28.85           C
ATOM   3598  CD  GLN C  39     -21.101 -46.198  98.718  1.00 36.48           C
ATOM   3599  OE1 GLN C  39     -22.318 -46.187  98.497  1.00 42.72           O
ATOM   3600  NE2 GLN C  39     -20.459 -45.144  99.169  1.00 38.36           N
ATOM   3601  N   PRO C  40     -18.674 -51.040  97.791  1.00 30.67           N
ATOM   3602  CA  PRO C  40     -18.757 -52.243  98.625  1.00 27.55           C
ATOM   3603  C   PRO C  40     -19.218 -51.877 100.021  1.00 33.77           C
ATOM   3604  O   PRO C  40     -18.964 -50.757 100.496  1.00 34.43           O
ATOM   3605  CB  PRO C  40     -17.315 -52.776  98.621  1.00 27.60           C
ATOM   3606  CG  PRO C  40     -16.645 -52.058  97.420  1.00 26.34           C
ATOM   3607  CD  PRO C  40     -17.294 -50.736  97.371  1.00 28.79           C
ATOM   3608  N   PRO C  41     -19.933 -52.772 100.711  1.00 38.11           N
ATOM   3609  CA  PRO C  41     -20.568 -52.374 101.976  1.00 33.02           C
ATOM   3610  C   PRO C  41     -19.528 -51.959 103.001  1.00 40.48           C
ATOM   3611  O   PRO C  41     -18.509 -52.636 103.187  1.00 40.42           O
ATOM   3612  CB  PRO C  41     -21.327 -53.631 102.408  1.00 37.98           C
ATOM   3613  CG  PRO C  41     -20.611 -54.752 101.751  1.00 37.85           C
ATOM   3614  CD  PRO C  41     -20.123 -54.207 100.431  1.00 37.87           C
ATOM   3615  N   GLY C  42     -19.761 -50.786 103.604  1.00 40.56           N
ATOM   3616  CA  GLY C  42     -18.805 -50.159 104.482  1.00 38.30           C
ATOM   3617  C   GLY C  42     -17.794 -49.262 103.801  1.00 45.76           C
```

```
ATOM   3618  O   GLY C  42     -17.212 -48.400 104.462  1.00 47.20           O
ATOM   3619  N   LYS C  43     -17.557 -49.445 102.505  1.00 44.96           N
ATOM   3620  CA  LYS C  43     -16.391 -48.889 101.836  1.00 42.23           C
ATOM   3621  C   LYS C  43     -16.754 -47.617 101.060  1.00 40.08           C
ATOM   3622  O   LYS C  43     -17.835 -47.040 101.222  1.00 39.81           O
ATOM   3623  CB  LYS C  43     -15.764 -49.967 100.939  1.00 39.38           C
ATOM   3624  CG  LYS C  43     -15.348 -51.222 101.710  1.00 43.20           C
ATOM   3625  CD  LYS C  43     -14.763 -50.832 103.075  1.00 44.43           C
ATOM   3626  CE  LYS C  43     -14.563 -52.031 103.993  1.00 51.32           C
ATOM   3627  NZ  LYS C  43     -13.263 -52.735 103.784  1.00 55.64           N1+
ATOM   3628  N   GLY C  44     -15.827 -47.168 100.217  1.00 38.92           N
ATOM   3629  CA  GLY C  44     -16.003 -45.991  99.404  1.00 38.32           C
ATOM   3630  C   GLY C  44     -16.454 -46.330  98.000  1.00 39.62           C
ATOM   3631  O   GLY C  44     -17.012 -47.402  97.737  1.00 42.04           O
ATOM   3632  N   LEU C  45     -16.159 -45.425  97.075  1.00 32.83           N
ATOM   3633  CA  LEU C  45     -16.642 -45.491  95.709  1.00 27.76           C
ATOM   3634  C   LEU C  45     -15.528 -45.909  94.759  1.00 30.80           C
ATOM   3635  O   LEU C  45     -14.385 -45.473  94.905  1.00 37.23           O
ATOM   3636  CB  LEU C  45     -17.213 -44.134  95.309  1.00 28.31           C
ATOM   3637  CG  LEU C  45     -18.413 -43.760  96.186  1.00 29.60           C
ATOM   3638  CD1 LEU C  45     -18.761 -42.284  96.033  1.00 25.47           C
ATOM   3639  CD2 LEU C  45     -19.619 -44.621  95.903  1.00 26.22           C
ATOM   3640  N   GLU C  46     -15.834 -46.819  93.839  1.00 25.91           N
ATOM   3641  CA  GLU C  46     -14.895 -47.185  92.791  1.00 30.55           C
ATOM   3642  C   GLU C  46     -15.566 -47.029  91.433  1.00 35.38           C
ATOM   3643  O   GLU C  46     -16.677 -47.523  91.215  1.00 35.98           O
ATOM   3644  CB  GLU C  46     -14.340 -48.609  92.936  1.00 34.86           C
ATOM   3645  CG  GLU C  46     -14.868 -49.426  94.118  1.00 42.88           C
ATOM   3646  CD  GLU C  46     -14.142 -50.792  94.274  1.00 55.29           C
ATOM   3647  OE1 GLU C  46     -13.692 -51.365  93.231  1.00 52.24           O
ATOM   3648  OE2 GLU C  46     -14.010 -51.261  95.444  1.00 42.79           O1-
ATOM   3649  N   TRP C  47     -14.880 -46.345  90.524  1.00 35.22           N
ATOM   3650  CA  TRP C  47     -15.389 -46.093  89.189  1.00 31.80           C
ATOM   3651  C   TRP C  47     -15.070 -47.293  88.313  1.00 32.40           C
ATOM   3652  O   TRP C  47     -13.919 -47.720  88.238  1.00 34.10           O
ATOM   3653  CB  TRP C  47     -14.750 -44.817  88.647  1.00 27.85           C
ATOM   3654  CG  TRP C  47     -15.028 -44.369  87.213  1.00 29.38           C
ATOM   3655  CD1 TRP C  47     -16.066 -43.591  86.769  1.00 28.35           C
ATOM   3656  CD2 TRP C  47     -14.194 -44.605  86.072  1.00 31.89           C
ATOM   3657  NE1 TRP C  47     -15.932 -43.340  85.418  1.00 29.56           N
ATOM   3658  CE2 TRP C  47     -14.792 -43.954  84.970  1.00 29.80           C
ATOM   3659  CE3 TRP C  47     -12.996 -45.312  85.873  1.00 29.70           C
ATOM   3660  CZ2 TRP C  47     -14.234 -43.990  83.699  1.00 30.22           C
ATOM   3661  CZ3 TRP C  47     -12.455 -45.356  84.615  1.00 26.84           C
ATOM   3662  CH2 TRP C  47     -13.068 -44.696  83.541  1.00 31.06           C
ATOM   3663  N   PHE C  48     -16.096 -47.849  87.666  1.00 29.92           N
ATOM   3664  CA  PHE C  48     -15.868 -48.990  86.792  1.00 29.20           C
ATOM   3665  C   PHE C  48     -15.444 -48.547  85.397  1.00 29.36           C
ATOM   3666  O   PHE C  48     -14.536 -49.142  84.808  1.00 30.45           O
ATOM   3667  CB  PHE C  48     -17.123 -49.875  86.744  1.00 27.65           C
ATOM   3668  CG  PHE C  48     -17.029 -51.079  87.638  1.00 30.68           C
ATOM   3669  CD1 PHE C  48     -16.381 -50.992  88.876  1.00 34.82           C
ATOM   3670  CD2 PHE C  48     -17.539 -52.300  87.246  1.00 31.72           C
ATOM   3671  CE1 PHE C  48     -16.247 -52.101  89.705  1.00 32.25           C
ATOM   3672  CE2 PHE C  48     -17.423 -53.420  88.075  1.00 30.94           C
ATOM   3673  CZ  PHE C  48     -16.775 -53.319  89.298  1.00 33.98           C
ATOM   3674  N   GLY C  49     -16.078 -47.519  84.858  1.00 28.11           N
ATOM   3675  CA  GLY C  49     -15.826 -47.128  83.488  1.00 29.63           C
ATOM   3676  C   GLY C  49     -16.967 -46.291  82.950  1.00 32.96           C
ATOM   3677  O   GLY C  49     -17.956 -46.032  83.640  1.00 32.51           O
ATOM   3678  N   GLU C  50     -16.831 -45.916  81.674  1.00 31.40           N
ATOM   3679  CA  GLU C  50     -17.768 -45.012  81.011  1.00 31.61           C
ATOM   3680  C   GLU C  50     -17.854 -45.334  79.519  1.00 30.45           C
ATOM   3681  O   GLU C  50     -16.891 -45.819  78.920  1.00 31.68           O
ATOM   3682  CB  GLU C  50     -17.341 -43.542  81.204  1.00 28.42           C
ATOM   3683  CG  GLU C  50     -15.895 -43.237  80.715  1.00 27.97           C
ATOM   3684  CD  GLU C  50     -15.501 -41.745  80.792  1.00 33.91           C
ATOM   3685  OE1 GLU C  50     -14.488 -41.342  80.144  1.00 32.01           O
ATOM   3686  OE2 GLU C  50     -16.189 -40.969  81.511  1.00 33.87           O1-
ATOM   3687  N   ILE C  51     -19.006 -45.009  78.914  1.00 31.49           N
ATOM   3688  CA  ILE C  51     -19.254 -45.162  77.481  1.00 29.58           C
```

```
ATOM   3689  C   ILE C  51     -19.904 -43.883  76.949  1.00 36.19           C
ATOM   3690  O   ILE C  51     -20.636 -43.193  77.666  1.00 32.17           O
ATOM   3691  CB  ILE C  51     -20.128 -46.407  77.173  1.00 30.54           C
ATOM   3692  CG1 ILE C  51     -20.175 -46.709  75.657  1.00 30.91           C
ATOM   3693  CG2 ILE C  51     -21.541 -46.263  77.756  1.00 22.08           C
ATOM   3694  CD1 ILE C  51     -20.472 -48.177  75.340  1.00 21.13           C
ATOM   3695  N   SER C  52     -19.687 -43.604  75.652  1.00 44.18           N
ATOM   3696  CA  SER C  52     -19.747 -42.237  75.128  1.00 42.64           C
ATOM   3697  C   SER C  52     -21.001 -41.880  74.342  1.00 41.94           C
ATOM   3698  O   SER C  52     -21.272 -40.681  74.190  1.00 50.21           O
ATOM   3699  CB  SER C  52     -18.545 -41.962  74.210  1.00 46.91           C
ATOM   3700  OG  SER C  52     -18.720 -42.561  72.930  1.00 51.82           O
ATOM   3701  N   HIS C  53     -21.739 -42.865  73.831  1.00 36.80           N
ATOM   3702  CA  HIS C  53     -22.860 -42.688  72.900  1.00 46.33           C
ATOM   3703  C   HIS C  53     -22.439 -43.129  71.515  1.00 45.86           C
ATOM   3704  O   HIS C  53     -23.241 -43.704  70.781  1.00 49.43           O
ATOM   3705  CB  HIS C  53     -23.410 -41.251  72.789  1.00 46.91           C
ATOM   3706  CG  HIS C  53     -24.569 -41.127  71.846  1.00 52.45           C
ATOM   3707  ND1 HIS C  53     -24.405 -40.953  70.488  1.00 47.45           N
ATOM   3708  CD2 HIS C  53     -25.907 -41.185  72.059  1.00 50.31           C
ATOM   3709  CE1 HIS C  53     -25.590 -40.915  69.905  1.00 43.08           C
ATOM   3710  NE2 HIS C  53     -26.519 -41.054  70.835  1.00 45.78           N
ATOM   3711  N   SER C  54     -21.183 -42.881  71.170  1.00 47.96           N
ATOM   3712  CA  SER C  54     -20.637 -43.213  69.863  1.00 43.93           C
ATOM   3713  C   SER C  54     -20.189 -44.668  69.568  1.00 48.52           C
ATOM   3714  O   SER C  54     -19.920 -44.942  68.399  1.00 63.14           O
ATOM   3715  CB  SER C  54     -19.464 -42.299  69.569  1.00 40.27           C
ATOM   3716  OG  SER C  54     -18.399 -42.599  70.436  1.00 55.03           O
ATOM   3717  N   GLY C  55     -19.968 -45.572  70.529  1.00 41.03           N
ATOM   3718  CA  GLY C  55     -19.813 -45.352  71.953  1.00 41.92           C
ATOM   3719  C   GLY C  55     -18.437 -45.851  72.360  1.00 42.37           C
ATOM   3720  O   GLY C  55     -18.224 -47.051  72.578  1.00 27.61           O
ATOM   3721  N   SER C  56     -17.483 -44.927  72.441  1.00 44.03           N
ATOM   3722  CA  SER C  56     -16.156 -45.301  72.891  1.00 40.77           C
ATOM   3723  C   SER C  56     -16.173 -45.524  74.394  1.00 39.74           C
ATOM   3724  O   SER C  56     -17.034 -45.019  75.114  1.00 41.06           O
ATOM   3725  CB  SER C  56     -15.122 -44.243  72.520  1.00 39.37           C
ATOM   3726  OG  SER C  56     -15.509 -42.986  73.018  1.00 48.88           O
ATOM   3727  N   THR C  57     -15.206 -46.299  74.857  1.00 38.23           N
ATOM   3728  CA  THR C  57     -15.193 -46.845  76.196  1.00 29.07           C
ATOM   3729  C   THR C  57     -13.912 -46.459  76.932  1.00 32.82           C
ATOM   3730  O   THR C  57     -12.865 -46.266  76.312  1.00 34.18           O
ATOM   3731  CB  THR C  57     -15.325 -48.352  76.054  1.00 31.23           C
ATOM   3732  OG1 THR C  57     -16.527 -48.801  76.681  1.00 34.61           O
ATOM   3733  CG2 THR C  57     -14.109 -49.052  76.571  1.00 31.55           C
ATOM   3734  N   ASN C  58     -14.002 -46.318  78.257  1.00 31.01           N
ATOM   3735  CA  ASN C  58     -12.838 -46.118  79.121  1.00 27.41           C
ATOM   3736  C   ASN C  58     -13.078 -46.909  80.389  1.00 30.68           C
ATOM   3737  O   ASN C  58     -14.007 -46.592  81.136  1.00 31.50           O
ATOM   3738  CB  ASN C  58     -12.590 -44.649  79.491  1.00 24.84           C
ATOM   3739  CG  ASN C  58     -12.449 -43.760  78.297  1.00 28.91           C
ATOM   3740  OD1 ASN C  58     -11.439 -43.792  77.598  1.00 34.90           O
ATOM   3741  ND2 ASN C  58     -13.458 -42.937  78.055  1.00 33.30           N
ATOM   3742  N   TYR C  59     -12.249 -47.915  80.640  1.00 29.82           N
ATOM   3743  CA  TYR C  59     -12.450 -48.796  81.775  1.00 33.27           C
ATOM   3744  C   TYR C  59     -11.447 -48.512  82.871  1.00 30.48           C
ATOM   3745  O   TYR C  59     -10.402 -47.903  82.644  1.00 32.69           O
ATOM   3746  CB  TYR C  59     -12.326 -50.263  81.379  1.00 31.17           C
ATOM   3747  CG  TYR C  59     -13.321 -50.726  80.367  1.00 34.24           C
ATOM   3748  CD1 TYR C  59     -14.679 -50.757  80.670  1.00 35.71           C
ATOM   3749  CD2 TYR C  59     -12.913 -51.192  79.125  1.00 34.28           C
ATOM   3750  CE1 TYR C  59     -15.611 -51.214  79.741  1.00 37.87           C
ATOM   3751  CE2 TYR C  59     -13.837 -51.665  78.194  1.00 33.51           C
ATOM   3752  CZ  TYR C  59     -15.183 -51.659  78.498  1.00 33.62           C
ATOM   3753  OH  TYR C  59     -16.095 -52.115  77.572  1.00 34.03           O
ATOM   3754  N   ASN C  60     -11.765 -48.993  84.060  1.00 29.37           N
ATOM   3755  CA  ASN C  60     -10.778 -48.990  85.128  1.00 38.84           C
ATOM   3756  C   ASN C  60      -9.747 -50.095  84.877  1.00 40.23           C
ATOM   3757  O   ASN C  60     -10.119 -51.280  84.829  1.00 38.66           O
ATOM   3758  CB  ASN C  60     -11.437 -49.191  86.480  1.00 32.03           C
ATOM   3759  CG  ASN C  60     -10.484 -48.942  87.617  1.00 34.48           C
```

```
ATOM   3760  OD1 ASN C  60      -9.270 -48.906  87.422  1.00 34.69           O
ATOM   3761  ND2 ASN C  60     -11.018 -48.808  88.819  1.00 30.93           N
ATOM   3762  N   PRO C  61      -8.458 -49.763  84.741  1.00 38.19           N
ATOM   3763  CA  PRO C  61      -7.459 -50.799  84.419  1.00 38.23           C
ATOM   3764  C   PRO C  61      -7.385 -51.943  85.412  1.00 36.76           C
ATOM   3765  O   PRO C  61      -6.981 -53.047  85.035  1.00 42.26           O
ATOM   3766  CB  PRO C  61      -6.156 -49.991  84.368  1.00 37.21           C
ATOM   3767  CG  PRO C  61      -6.609 -48.658  83.864  1.00 35.33           C
ATOM   3768  CD  PRO C  61      -7.870 -48.412  84.660  1.00 38.00           C
ATOM   3769  N   SER C  62      -7.766 -51.718  86.663  1.00 37.94           N
ATOM   3770  CA  SER C  62      -7.755 -52.781  87.665  1.00 41.69           C
ATOM   3771  C   SER C  62      -8.781 -53.878  87.376  1.00 45.04           C
ATOM   3772  O   SER C  62      -8.587 -55.025  87.790  1.00 52.57           O
ATOM   3773  CB  SER C  62      -8.016 -52.197  89.039  1.00 36.72           C
ATOM   3774  OG  SER C  62      -9.370 -51.807  89.106  1.00 43.47           O
ATOM   3775  N   LEU C  63      -9.927 -53.530  86.792  1.00 39.84           N
ATOM   3776  CA  LEU C  63     -10.881 -54.557  86.394  1.00 42.71           C
ATOM   3777  C   LEU C  63     -10.311 -55.431  85.298  1.00 47.05           C
ATOM   3778  O   LEU C  63     -10.608 -56.635  85.235  1.00 44.87           O
ATOM   3779  CB  LEU C  63     -12.177 -53.929  85.914  1.00 39.14           C
ATOM   3780  CG  LEU C  63     -12.942 -53.409  87.106  1.00 41.14           C
ATOM   3781  CD1 LEU C  63     -14.324 -52.965  86.651  1.00 39.64           C
ATOM   3782  CD2 LEU C  63     -13.003 -54.481  88.194  1.00 37.86           C
ATOM   3783  N   LYS C  64      -9.555 -54.816  84.389  1.00 50.10           N
ATOM   3784  CA  LYS C  64      -8.831 -55.520  83.346  1.00 45.99           C
ATOM   3785  C   LYS C  64      -9.797 -56.175  82.376  1.00 46.14           C
ATOM   3786  O   LYS C  64     -10.663 -55.500  81.805  1.00 47.95           O
ATOM   3787  CB  LYS C  64      -7.875 -56.515  84.000  1.00 45.38           C
ATOM   3788  CG  LYS C  64      -6.494 -56.522  83.397  1.00 56.60           C
ATOM   3789  CD  LYS C  64      -5.651 -57.503  84.141  1.00 57.39           C
ATOM   3790  CE  LYS C  64      -5.450 -56.943  85.551  1.00 64.49           C
ATOM   3791  NZ  LYS C  64      -4.775 -57.891  86.483  1.00 75.39           N1+
ATOM   3792  N   ALA C  65      -9.676 -57.484  82.203  1.00 43.80           N
ATOM   3793  CA  ALA C  65     -10.484 -58.168  81.210  1.00 43.71           C
ATOM   3794  C   ALA C  65     -11.908 -58.474  81.670  1.00 40.71           C
ATOM   3795  O   ALA C  65     -12.730 -58.856  80.830  1.00 46.79           O
ATOM   3796  CB  ALA C  65      -9.789 -59.462  80.808  1.00 46.98           C
ATOM   3797  N   ARG C  66     -12.232 -58.303  82.958  1.00 34.69           N
ATOM   3798  CA  ARG C  66     -13.508 -58.800  83.490  1.00 35.91           C
ATOM   3799  C   ARG C  66     -14.721 -57.969  83.088  1.00 34.48           C
ATOM   3800  O   ARG C  66     -15.841 -58.467  83.207  1.00 34.86           O
ATOM   3801  CB  ARG C  66     -13.467 -58.840  85.013  1.00 37.25           C
ATOM   3802  CG  ARG C  66     -12.241 -59.497  85.584  1.00 41.56           C
ATOM   3803  CD  ARG C  66     -12.258 -59.442  87.090  1.00 33.48           C
ATOM   3804  NE  ARG C  66     -13.537 -59.870  87.586  1.00 36.42           N
ATOM   3805  CZ  ARG C  66     -14.096 -59.444  88.710  1.00 31.00           C
ATOM   3806  NH1 ARG C  66     -15.275 -59.921  89.045  1.00 32.67           N
ATOM   3807  NH2 ARG C  66     -13.499 -58.556  89.483  1.00 29.13           N
ATOM   3808  N   VAL C  67     -14.545 -56.720  82.650  1.00 36.81           N
ATOM   3809  CA  VAL C  67     -15.642 -55.760  82.552  1.00 33.37           C
ATOM   3810  C   VAL C  67     -15.923 -55.381  81.104  1.00 38.37           C
ATOM   3811  O   VAL C  67     -15.005 -55.251  80.288  1.00 41.21           O
ATOM   3812  CB  VAL C  67     -15.353 -54.501  83.391  1.00 36.36           C
ATOM   3813  CG1 VAL C  67     -14.134 -53.780  82.865  1.00 34.65           C
ATOM   3814  CG2 VAL C  67     -16.552 -53.582  83.346  1.00 36.14           C
ATOM   3815  N   THR C  68     -17.203 -55.212  80.792  1.00 35.08           N
ATOM   3816  CA  THR C  68     -17.654 -54.712  79.510  1.00 32.85           C
ATOM   3817  C   THR C  68     -18.769 -53.715  79.758  1.00 29.58           C
ATOM   3818  O   THR C  68     -19.686 -53.981  80.536  1.00 30.01           O
ATOM   3819  CB  THR C  68     -18.196 -55.829  78.605  1.00 36.95           C
ATOM   3820  OG1 THR C  68     -17.324 -56.957  78.657  1.00 39.01           O
ATOM   3821  CG2 THR C  68     -18.339 -55.320  77.154  1.00 28.49           C
ATOM   3822  N   ILE C  69     -18.719 -52.595  79.060  1.00 33.88           N
ATOM   3823  CA  ILE C  69     -19.792 -51.617  79.088  1.00 33.76           C
ATOM   3824  C   ILE C  69     -20.257 -51.398  77.658  1.00 34.31           C
ATOM   3825  O   ILE C  69     -19.439 -51.192  76.757  1.00 34.33           O
ATOM   3826  CB  ILE C  69     -19.349 -50.307  79.752  1.00 25.14           C
ATOM   3827  CG1 ILE C  69     -19.047 -50.590  81.218  1.00 24.64           C
ATOM   3828  CG2 ILE C  69     -20.418 -49.246  79.567  1.00 21.90           C
ATOM   3829  CD1 ILE C  69     -18.299 -49.486  81.965  1.00 29.90           C
ATOM   3830  N   SER C  70     -21.567 -51.459  77.455  1.00 35.47           N
```

```
ATOM   3831  CA  SER C  70     -22.170 -51.319  76.141  1.00 33.35           C
ATOM   3832  C   SER C  70     -23.321 -50.323  76.226  1.00 31.43           C
ATOM   3833  O   SER C  70     -23.862 -50.073  77.305  1.00 30.39           O
ATOM   3834  CB  SER C  70     -22.654 -52.668  75.638  1.00 23.50           C
ATOM   3835  OG  SER C  70     -23.508 -53.222  76.609  1.00 35.38           O
ATOM   3836  N   ILE C  71     -23.683 -49.755  75.074  1.00 30.99           N
ATOM   3837  CA  ILE C  71     -24.705 -48.722  74.981  1.00 30.48           C
ATOM   3838  C   ILE C  71     -25.660 -49.058  73.838  1.00 34.95           C
ATOM   3839  O   ILE C  71     -25.246 -49.587  72.806  1.00 34.86           O
ATOM   3840  CB  ILE C  71     -24.064 -47.335  74.790  1.00 32.81           C
ATOM   3841  CG1 ILE C  71     -25.061 -46.237  75.120  1.00 29.16           C
ATOM   3842  CG2 ILE C  71     -23.480 -47.167  73.376  1.00 30.88           C
ATOM   3843  CD1 ILE C  71     -24.442 -44.876  75.149  1.00 30.80           C
ATOM   3844  N   ASP C  72     -26.949 -48.798  74.042  1.00 39.76           N
ATOM   3845  CA  ASP C  72     -27.988 -48.981  73.025  1.00 35.04           C
ATOM   3846  C   ASP C  72     -28.651 -47.630  72.771  1.00 39.02           C
ATOM   3847  O   ASP C  72     -29.552 -47.241  73.518  1.00 43.96           O
ATOM   3848  CB  ASP C  72     -29.012 -50.011  73.491  1.00 37.61           C
ATOM   3849  CG  ASP C  72     -30.119 -50.283  72.465  1.00 45.97           C
ATOM   3850  OD1 ASP C  72     -30.612 -49.345  71.798  1.00 48.11           O
ATOM   3851  OD2 ASP C  72     -30.518 -51.461  72.346  1.00 49.16           O1-
ATOM   3852  N   THR C  73     -28.231 -46.910  71.726  1.00 38.09           N
ATOM   3853  CA  THR C  73     -28.807 -45.586  71.501  1.00 40.83           C
ATOM   3854  C   THR C  73     -30.255 -45.626  71.029  1.00 44.67           C
ATOM   3855  O   THR C  73     -30.892 -44.568  70.997  1.00 48.41           O
ATOM   3856  CB  THR C  73     -27.996 -44.759  70.502  1.00 39.06           C
ATOM   3857  OG1 THR C  73     -27.774 -45.521  69.308  1.00 46.00           O
ATOM   3858  CG2 THR C  73     -26.679 -44.327  71.114  1.00 40.64           C
ATOM   3859  O   SER C  74     -33.984 -45.804  71.487  1.00 55.05           O
ATOM   3860  N   SER C  74     -30.781 -46.782  70.622  1.00 41.41           N
ATOM   3861  CA  SER C  74     -32.194 -46.829  70.244  1.00 49.65           C
ATOM   3862  C   SER C  74     -33.087 -46.665  71.466  1.00 55.28           C
ATOM   3863  CB  SER C  74     -32.524 -48.149  69.539  1.00 50.83           C
ATOM   3864  OG  SER C  74     -31.745 -48.338  68.375  1.00 60.96           O
ATOM   3865  O   LYS C  75     -33.672 -46.626  75.929  1.00 49.05           O
ATOM   3866  N   LYS C  75     -32.833 -47.481  72.498  1.00 48.96           N
ATOM   3867  CA  LYS C  75     -33.603 -47.551  73.730  1.00 48.48           C
ATOM   3868  C   LYS C  75     -33.120 -46.598  74.819  1.00 45.98           C
ATOM   3869  CB  LYS C  75     -33.594 -48.986  74.274  1.00 47.37           C
ATOM   3870  CG  LYS C  75     -34.202 -49.988  73.320  1.00 54.32           C
ATOM   3871  CD  LYS C  75     -34.219 -51.397  73.886  1.00 53.30           C
ATOM   3872  CE  LYS C  75     -34.656 -52.383  72.819  1.00 62.19           C
ATOM   3873  NZ  LYS C  75     -35.421 -53.518  73.409  1.00 63.45           N
ATOM   3874  O   ASN C  76     -31.622 -45.589  77.918  1.00 39.83           O
ATOM   3875  N   ASN C  76     -32.109 -45.772  74.550  1.00 41.83           N
ATOM   3876  CA  ASN C  76     -31.496 -44.951  75.593  1.00 43.47           C
ATOM   3877  C   ASN C  76     -31.146 -45.811  76.807  1.00 36.05           C
ATOM   3878  CB  ASN C  76     -32.402 -43.771  75.976  1.00 36.10           C
ATOM   3879  CG  ASN C  76     -32.342 -42.656  74.963  1.00 38.85           C
ATOM   3880  OD1 ASN C  76     -31.821 -42.833  73.857  1.00 46.14           O
ATOM   3881  ND2 ASN C  76     -32.863 -41.498  75.326  1.00 45.02           N
ATOM   3882  N   GLN C  77     -30.384 -46.868  76.554  1.00 35.70           N
ATOM   3883  CA  GLN C  77     -29.976 -47.812  77.580  1.00 35.90           C
ATOM   3884  C   GLN C  77     -28.472 -48.013  77.506  1.00 36.92           C
ATOM   3885  O   GLN C  77     -27.858 -47.827  76.452  1.00 34.91           O
ATOM   3886  CB  GLN C  77     -30.697 -49.147  77.409  1.00 33.22           C
ATOM   3887  CG  GLN C  77     -32.184 -49.061  77.707  1.00 37.44           C
ATOM   3888  CD  GLN C  77     -32.889 -50.386  77.542  1.00 35.36           C
ATOM   3889  OE1 GLN C  77     -32.301 -51.358  77.088  1.00 30.09           O
ATOM   3890  NE2 GLN C  77     -34.154 -50.431  77.919  1.00 37.97           N
ATOM   3891  N   PHE C  78     -27.882 -48.404  78.638  1.00 30.45           N
ATOM   3892  CA  PHE C  78     -26.495 -48.839  78.650  1.00 28.00           C
ATOM   3893  C   PHE C  78     -26.342 -49.884  79.739  1.00 32.46           C
ATOM   3894  O   PHE C  78     -27.128 -49.933  80.686  1.00 33.14           O
ATOM   3895  CB  PHE C  78     -25.501 -47.668  78.812  1.00 29.59           C
ATOM   3896  CG  PHE C  78     -25.617 -46.911  80.109  1.00 29.92           C
ATOM   3897  CD1 PHE C  78     -26.541 -45.898  80.252  1.00 28.69           C
ATOM   3898  CD2 PHE C  78     -24.767 -47.182  81.160  1.00 29.77           C
ATOM   3899  CE1 PHE C  78     -26.635 -45.191  81.422  1.00 31.87           C
ATOM   3900  CE2 PHE C  78     -24.865 -46.484  82.343  1.00 32.84           C
ATOM   3901  CZ  PHE C  78     -25.800 -45.481  82.475  1.00 32.57           C
```

```
ATOM   3902  N   SER C  79     -25.321 -50.732  79.595  1.00 30.53           N
ATOM   3903  CA  SER C  79     -25.288 -51.973  80.344  1.00 27.00           C
ATOM   3904  C   SER C  79     -23.887 -52.250  80.869  1.00 29.56           C
ATOM   3905  O   SER C  79     -22.890 -51.729  80.365  1.00 29.66           O
ATOM   3906  CB  SER C  79     -25.778 -53.134  79.474  1.00 30.28           C
ATOM   3907  OG  SER C  79     -27.128 -52.938  79.104  1.00 31.71           O
ATOM   3908  N   LEU C  80     -23.833 -53.114  81.879  1.00 24.67           N
ATOM   3909  CA  LEU C  80     -22.595 -53.502  82.522  1.00 26.25           C
ATOM   3910  C   LEU C  80     -22.509 -55.012  82.551  1.00 31.30           C
ATOM   3911  O   LEU C  80     -23.454 -55.677  82.982  1.00 32.63           O
ATOM   3912  CB  LEU C  80     -22.519 -52.968  83.957  1.00 30.49           C
ATOM   3913  CG  LEU C  80     -21.310 -53.471  84.764  1.00 31.84           C
ATOM   3914  CD1 LEU C  80     -19.986 -52.935  84.206  1.00 24.42           C
ATOM   3915  CD2 LEU C  80     -21.459 -53.149  86.240  1.00 29.26           C
ATOM   3916  N   LYS C  81     -21.377 -55.549  82.111  1.00 29.00           N
ATOM   3917  CA  LYS C  81     -21.065 -56.958  82.299  1.00 31.81           C
ATOM   3918  C   LYS C  81     -19.803 -57.045  83.139  1.00 31.17           C
ATOM   3919  O   LYS C  81     -18.822 -56.361  82.845  1.00 34.99           O
ATOM   3920  CB  LYS C  81     -20.864 -57.684  80.964  1.00 28.39           C
ATOM   3921  CG  LYS C  81     -22.140 -57.880  80.163  1.00 33.95           C
ATOM   3922  CD  LYS C  81     -22.873 -59.151  80.545  1.00 40.33           C
ATOM   3923  CE  LYS C  81     -24.202 -59.282  79.817  1.00 42.26           C
ATOM   3924  NZ  LYS C  81     -24.025 -59.096  78.349  1.00 53.78           N1+
ATOM   3925  N   LEU C  82     -19.835 -57.857  84.193  1.00 30.70           N
ATOM   3926  CA  LEU C  82     -18.652 -58.141  85.004  1.00 28.52           C
ATOM   3927  C   LEU C  82     -18.571 -59.645  85.180  1.00 31.87           C
ATOM   3928  O   LEU C  82     -19.434 -60.247  85.824  1.00 37.82           O
ATOM   3929  CB  LEU C  82     -18.701 -57.439  86.356  1.00 33.35           C
ATOM   3930  CG  LEU C  82     -17.543 -57.699  87.330  1.00 35.28           C
ATOM   3931  CD1 LEU C  82     -16.244 -57.034  86.881  1.00 26.92           C
ATOM   3932  CD2 LEU C  82     -17.950 -57.297  88.741  1.00 25.50           C
ATOM   3933  N   ARG C  83     -17.554 -60.251  84.600  1.00 36.83           N
ATOM   3934  CA  ARG C  83     -17.451 -61.703  84.527  1.00 39.83           C
ATOM   3935  C   ARG C  83     -16.737 -62.289  85.745  1.00 38.25           C
ATOM   3936  O   ARG C  83     -16.042 -61.586  86.490  1.00 34.22           O
ATOM   3937  CB  ARG C  83     -16.745 -62.101  83.221  1.00 31.30           C
ATOM   3938  CG  ARG C  83     -17.726 -62.259  82.070  1.00 37.56           C
ATOM   3939  CD  ARG C  83     -17.165 -62.116  80.661  1.00 34.40           C
ATOM   3940  NE  ARG C  83     -17.224 -60.730  80.213  1.00 37.07           N
ATOM   3941  CZ  ARG C  83     -16.174 -59.946  80.029  1.00 39.95           C
ATOM   3942  NH1 ARG C  83     -16.359 -58.701  79.618  1.00 31.66           N1+
ATOM   3943  NH2 ARG C  83     -14.947 -60.412  80.249  1.00 46.34           N
ATOM   3944  N   SER C  84     -16.975 -63.586  85.964  1.00 35.95           N
ATOM   3945  CA  SER C  84     -16.215 -64.416  86.908  1.00 36.75           C
ATOM   3946  C   SER C  84     -16.089 -63.725  88.271  1.00 37.32           C
ATOM   3947  O   SER C  84     -15.020 -63.344  88.754  1.00 41.30           O
ATOM   3948  CB  SER C  84     -14.857 -64.809  86.316  1.00 31.04           C
ATOM   3949  OG  SER C  84     -14.036 -63.687  86.179  1.00 38.56           O
ATOM   3950  N   VAL C  85     -17.235 -63.589  88.856  1.00 33.08           N
ATOM   3951  CA  VAL C  85     -17.473 -62.751  90.014  1.00 32.08           C
ATOM   3952  C   VAL C  85     -17.088 -63.499  91.292  1.00 32.80           C
ATOM   3953  O   VAL C  85     -17.190 -64.723  91.359  1.00 32.85           O
ATOM   3954  CB  VAL C  85     -18.965 -62.372  89.921  1.00 32.31           C
ATOM   3955  CG1 VAL C  85     -19.791 -63.006  90.981  1.00 35.43           C
ATOM   3956  CG2 VAL C  85     -19.159 -60.893  89.771  1.00 33.02           C
ATOM   3957  N   THR C  86     -16.596 -62.785  92.310  1.00 36.06           N
ATOM   3958  CA  THR C  86     -16.263 -63.389  93.614  1.00 32.42           C
ATOM   3959  C   THR C  86     -16.976 -62.624  94.727  1.00 32.82           C
ATOM   3960  O   THR C  86     -17.644 -61.619  94.485  1.00 32.02           O
ATOM   3961  CB  THR C  86     -14.760 -63.395  93.919  1.00 32.77           C
ATOM   3962  OG1 THR C  86     -14.390 -62.115  94.438  1.00 35.84           O
ATOM   3963  CG2 THR C  86     -13.914 -63.727  92.683  1.00 31.07           C
ATOM   3964  N   ALA C  87     -16.813 -63.084  95.972  1.00 34.97           N
ATOM   3965  CA  ALA C  87     -17.533 -62.446  97.079  1.00 35.92           C
ATOM   3966  C   ALA C  87     -17.170 -60.978  97.205  1.00 36.06           C
ATOM   3967  O   ALA C  87     -18.015 -60.163  97.593  1.00 34.31           O
ATOM   3968  CB  ALA C  87     -17.241 -63.146  98.407  1.00 24.03           C
ATOM   3969  N   ALA C  88     -15.927 -60.626  96.853  1.00 32.27           N
ATOM   3970  CA  ALA C  88     -15.448 -59.255  96.922  1.00 32.44           C
ATOM   3971  C   ALA C  88     -16.179 -58.331  95.964  1.00 35.33           C
ATOM   3972  O   ALA C  88     -15.973 -57.119  96.027  1.00 41.10           O
```

```
ATOM   3973  CB  ALA C  88     -13.953 -59.211  96.632  1.00 26.07           C
ATOM   3974  N   ASP C  89     -17.024 -58.861  95.090  1.00 31.77           N
ATOM   3975  CA  ASP C  89     -17.818 -58.037  94.203  1.00 29.68           C
ATOM   3976  C   ASP C  89     -19.198 -57.735  94.785  1.00 28.71           C
ATOM   3977  O   ASP C  89     -20.017 -57.099  94.115  1.00 29.06           O
ATOM   3978  CB  ASP C  89     -17.943 -58.712  92.825  1.00 36.29           C
ATOM   3979  CG  ASP C  89     -16.584 -58.922  92.122  1.00 33.46           C
ATOM   3980  OD1 ASP C  89     -15.893 -57.927  91.817  1.00 37.02           O
ATOM   3981  OD2 ASP C  89     -16.209 -60.092  91.867  1.00 34.16           O1-
ATOM   3982  N   THR C  90     -19.454 -58.137  96.028  1.00 27.76           N
ATOM   3983  CA  THR C  90     -20.653 -57.712  96.747  1.00 34.87           C
ATOM   3984  C   THR C  90     -20.606 -56.194  96.997  1.00 27.98           C
ATOM   3985  O   THR C  90     -19.694 -55.699  97.659  1.00 27.17           O
ATOM   3986  CB  THR C  90     -20.747 -58.492  98.058  1.00 32.97           C
ATOM   3987  OG1 THR C  90     -20.912 -59.884  97.753  1.00 34.09           O
ATOM   3988  CG2 THR C  90     -21.914 -58.010  98.923  1.00 24.31           C
ATOM   3989  N   ALA C  91     -21.575 -55.456  96.461  1.00 24.84           N
ATOM   3990  CA  ALA C  91     -21.553 -53.998  96.516  1.00 25.95           C
ATOM   3991  C   ALA C  91     -22.876 -53.467  95.992  1.00 29.10           C
ATOM   3992  O   ALA C  91     -23.667 -54.198  95.393  1.00 30.38           O
ATOM   3993  CB  ALA C  91     -20.408 -53.408  95.698  1.00 27.41           C
ATOM   3994  N   VAL C  92     -23.121 -52.183  96.249  1.00 28.41           N
ATOM   3995  CA  VAL C  92     -24.154 -51.471  95.517  1.00 25.07           C
ATOM   3996  C   VAL C  92     -23.533 -50.973  94.227  1.00 26.45           C
ATOM   3997  O   VAL C  92     -22.473 -50.348  94.242  1.00 29.34           O
ATOM   3998  CB  VAL C  92     -24.746 -50.313  96.338  1.00 25.04           C
ATOM   3999  CG1 VAL C  92     -25.682 -49.486  95.466  1.00 22.80           C
ATOM   4000  CG2 VAL C  92     -25.542 -50.843  97.503  1.00 26.44           C
ATOM   4001  N   TYR C  93     -24.177 -51.270  93.107  1.00 29.41           N
ATOM   4002  CA  TYR C  93     -23.720 -50.835  91.800  1.00 25.88           C
ATOM   4003  C   TYR C  93     -24.646 -49.722  91.336  1.00 24.87           C
ATOM   4004  O   TYR C  93     -25.854 -49.927  91.241  1.00 28.12           O
ATOM   4005  CB  TYR C  93     -23.703 -52.015  90.826  1.00 23.05           C
ATOM   4006  CG  TYR C  93     -22.607 -53.020  91.156  1.00 28.89           C
ATOM   4007  CD1 TYR C  93     -22.704 -53.859  92.280  1.00 24.24           C
ATOM   4008  CD2 TYR C  93     -21.462 -53.115  90.359  1.00 26.34           C
ATOM   4009  CE1 TYR C  93     -21.702 -54.752  92.593  1.00 23.55           C
ATOM   4010  CE2 TYR C  93     -20.449 -53.996  90.670  1.00 26.02           C
ATOM   4011  CZ  TYR C  93     -20.566 -54.818  91.783  1.00 26.56           C
ATOM   4012  OH  TYR C  93     -19.535 -55.695  92.078  1.00 23.40           O
ATOM   4013  N   TYR C  94     -24.085 -48.550  91.070  1.00 23.22           N
ATOM   4014  CA  TYR C  94     -24.829 -47.415  90.541  1.00 28.65           C
ATOM   4015  C   TYR C  94     -24.425 -47.179  89.097  1.00 25.80           C
ATOM   4016  O   TYR C  94     -23.241 -47.248  88.766  1.00 24.60           O
ATOM   4017  CB  TYR C  94     -24.547 -46.097  91.309  1.00 25.22           C
ATOM   4018  CG  TYR C  94     -24.796 -46.109  92.775  1.00 22.71           C
ATOM   4019  CD1 TYR C  94     -26.082 -45.978  93.280  1.00 24.72           C
ATOM   4020  CD2 TYR C  94     -23.738 -46.219  93.672  1.00 20.09           C
ATOM   4021  CE1 TYR C  94     -26.311 -45.997  94.640  1.00 22.52           C
ATOM   4022  CE2 TYR C  94     -23.950 -46.237  95.020  1.00 17.42           C
ATOM   4023  CZ  TYR C  94     -25.240 -46.119  95.508  1.00 27.12           C
ATOM   4024  OH  TYR C  94     -25.463 -46.130  96.877  1.00 35.58           O
ATOM   4025  N   CYS C  95     -25.391 -46.795  88.272  1.00 25.05           N
ATOM   4026  CA  CYS C  95     -25.096 -46.099  87.030  1.00 26.50           C
ATOM   4027  C   CYS C  95     -25.220 -44.602  87.287  1.00 28.56           C
ATOM   4028  O   CYS C  95     -25.943 -44.161  88.192  1.00 25.46           O
ATOM   4029  CB  CYS C  95     -26.022 -46.563  85.883  1.00 27.62           C
ATOM   4030  SG  CYS C  95     -27.838 -46.477  86.215  1.00 41.12           S
ATOM   4031  N   ALA C  96     -24.469 -43.816  86.520  1.00 26.44           N
ATOM   4032  CA  ALA C  96     -24.522 -42.377  86.723  1.00 27.54           C
ATOM   4033  C   ALA C  96     -24.302 -41.656  85.408  1.00 32.97           C
ATOM   4034  O   ALA C  96     -23.727 -42.202  84.464  1.00 34.61           O
ATOM   4035  CB  ALA C  96     -23.493 -41.909  87.746  1.00 24.37           C
ATOM   4036  N   ARG C  97     -24.772 -40.412  85.364  1.00 35.37           N
ATOM   4037  CA  ARG C  97     -24.529 -39.520  84.244  1.00 26.30           C
ATOM   4038  C   ARG C  97     -23.290 -38.679  84.524  1.00 28.79           C
ATOM   4039  O   ARG C  97     -23.208 -38.000  85.551  1.00 27.36           O
ATOM   4040  CB  ARG C  97     -25.732 -38.630  83.997  1.00 29.64           C
ATOM   4041  CG  ARG C  97     -25.581 -37.755  82.773  1.00 32.76           C
ATOM   4042  CD  ARG C  97     -26.887 -37.112  82.453  1.00 32.80           C
ATOM   4043  NE  ARG C  97     -26.856 -35.720  82.854  1.00 39.43           N
```

```
ATOM   4044  CZ  ARG C  97     -27.927 -34.974  83.090  1.00 37.66           C
ATOM   4045  NH1 ARG C  97     -27.763 -33.707  83.447  1.00 44.97           N1+
ATOM   4046  NH2 ARG C  97     -29.146 -35.483  82.978  1.00 39.25           N
ATOM   4047  N   ASP C  98     -22.322 -38.755  83.621  1.00 30.15           N
ATOM   4048  CA  ASP C  98     -21.054 -38.053  83.724  1.00 29.73           C
ATOM   4049  C   ASP C  98     -21.145 -36.751  82.929  1.00 33.62           C
ATOM   4050  O   ASP C  98     -21.487 -36.781  81.742  1.00 31.03           O
ATOM   4051  CB  ASP C  98     -19.936 -38.949  83.190  1.00 30.30           C
ATOM   4052  CG  ASP C  98     -18.555 -38.414  83.490  1.00 31.40           C
ATOM   4053  OD1 ASP C  98     -18.240 -37.292  83.033  1.00 31.40           O1-
ATOM   4054  OD2 ASP C  98     -17.779 -39.139  84.160  1.00 32.47           O
ATOM   4055  N   TYR C  99     -20.901 -35.610  83.601  1.00 32.07           N
ATOM   4056  CA  TYR C  99     -20.981 -34.283  82.971  1.00 29.21           C
ATOM   4057  C   TYR C  99     -20.323 -33.081  83.723  1.00 28.12           C
ATOM   4058  O   TYR C  99     -21.081 -32.255  84.196  1.00 36.95           O
ATOM   4059  CB  TYR C  99     -22.484 -33.958  82.761  1.00 35.21           C
ATOM   4060  CG  TYR C  99     -22.884 -32.899  81.729  1.00 37.19           C
ATOM   4061  CD1 TYR C  99     -22.518 -33.004  80.378  1.00 37.05           C
ATOM   4062  CD2 TYR C  99     -23.629 -31.784  82.114  1.00 38.73           C
ATOM   4063  CE1 TYR C  99     -22.905 -32.034  79.447  1.00 36.99           C
ATOM   4064  CE2 TYR C  99     -24.008 -30.801  81.195  1.00 32.76           C
ATOM   4065  CZ  TYR C  99     -23.652 -30.924  79.871  1.00 40.53           C
ATOM   4066  OH  TYR C  99     -24.045 -29.934  78.971  1.00 41.60           O
ATOM   4067  N   GLY C 100     -19.003 -32.924  83.921  1.00 28.67           N
ATOM   4068  CA  GLY C 100     -17.960 -33.926  83.970  1.00 29.97           C
ATOM   4069  C   GLY C 100     -17.825 -34.458  85.387  1.00 28.43           C
ATOM   4070  O   GLY C 100     -17.023 -35.343  85.668  1.00 35.72           O
ATOM   4071  N   ALA C 101     -18.638 -33.941  86.294  1.00 28.13           N
ATOM   4072  CA  ALA C 101     -18.846 -34.644  87.546  1.00 23.31           C
ATOM   4073  C   ALA C 101     -20.080 -35.531  87.385  1.00 29.38           C
ATOM   4074  O   ALA C 101     -20.763 -35.484  86.363  1.00 31.34           O
ATOM   4075  CB  ALA C 101     -19.026 -33.659  88.689  1.00 26.55           C
ATOM   4076  N   PHE C 102     -20.379 -36.347  88.395  1.00 25.69           N
ATOM   4077  CA  PHE C 102     -21.562 -37.213  88.337  1.00 30.27           C
ATOM   4078  C   PHE C 102     -22.754 -36.480  88.948  1.00 27.72           C
ATOM   4079  O   PHE C 102     -22.912 -36.444  90.170  1.00 25.66           O
ATOM   4080  CB  PHE C 102     -21.314 -38.547  89.035  1.00 28.00           C
ATOM   4081  CG  PHE C 102     -20.216 -39.368  88.406  1.00 28.82           C
ATOM   4082  CD1 PHE C 102     -20.377 -39.915  87.135  1.00 26.74           C
ATOM   4083  CD2 PHE C 102     -19.002 -39.556  89.069  1.00 25.45           C
ATOM   4084  CE1 PHE C 102     -19.376 -40.658  86.548  1.00 23.07           C
ATOM   4085  CE2 PHE C 102     -17.987 -40.307  88.488  1.00 27.62           C
ATOM   4086  CZ  PHE C 102     -18.173 -40.859  87.220  1.00 24.95           C
ATOM   4087  N   ASP C 103     -23.611 -35.906  88.097  1.00 25.30           N
ATOM   4088  CA  ASP C 103     -24.746 -35.131  88.591  1.00 29.00           C
ATOM   4089  C   ASP C 103     -26.021 -35.943  88.801  1.00 32.32           C
ATOM   4090  O   ASP C 103     -26.862 -35.523  89.596  1.00 36.85           O
ATOM   4091  CB  ASP C 103     -25.067 -33.937  87.671  1.00 26.81           C
ATOM   4092  CG  ASP C 103     -25.328 -34.341  86.198  1.00 41.22           C
ATOM   4093  OD1 ASP C 103     -25.539 -35.538  85.880  1.00 33.40           O1-
ATOM   4094  OD2 ASP C 103     -25.333 -33.419  85.338  1.00 51.21           O
ATOM   4095  N   ILE C 104     -26.213 -37.077  88.127  1.00 29.34           N
ATOM   4096  CA  ILE C 104     -27.410 -37.884  88.337  1.00 28.45           C
ATOM   4097  C   ILE C 104     -27.007 -39.332  88.536  1.00 30.33           C
ATOM   4098  O   ILE C 104     -26.120 -39.840  87.842  1.00 31.30           O
ATOM   4099  CB  ILE C 104     -28.406 -37.758  87.170  1.00 31.09           C
ATOM   4100  CG1 ILE C 104     -28.861 -36.309  87.017  1.00 29.48           C
ATOM   4101  CG2 ILE C 104     -29.583 -38.689  87.387  1.00 25.98           C
ATOM   4102  CD1 ILE C 104     -29.838 -36.138  85.943  1.00 31.56           C
ATOM   4103  N   TRP C 105     -27.666 -39.992  89.480  1.00 27.28           N
ATOM   4104  CA  TRP C 105     -27.361 -41.357  89.855  1.00 27.66           C
ATOM   4105  C   TRP C 105     -28.599 -42.236  89.754  1.00 29.36           C
ATOM   4106  O   TRP C 105     -29.720 -41.789  90.005  1.00 31.41           O
ATOM   4107  CB  TRP C 105     -26.830 -41.398  91.288  1.00 28.75           C
ATOM   4108  CG  TRP C 105     -25.559 -40.624  91.483  1.00 27.49           C
ATOM   4109  CD1 TRP C 105     -25.394 -39.267  91.400  1.00 27.23           C
ATOM   4110  CD2 TRP C 105     -24.276 -41.167  91.802  1.00 25.31           C
ATOM   4111  NE1 TRP C 105     -24.078 -38.935  91.650  1.00 25.97           N
ATOM   4112  CE2 TRP C 105     -23.373 -40.083  91.900  1.00 25.23           C
ATOM   4113  CE3 TRP C 105     -23.801 -42.466  92.016  1.00 25.04           C
ATOM   4114  CZ2 TRP C 105     -22.026 -40.259  92.188  1.00 22.01           C
```

```
ATOM   4115  CZ3 TRP C 105     -22.461 -42.639  92.307  1.00 27.62           C
ATOM   4116  CH2 TRP C 105     -21.586 -41.532  92.389  1.00 24.95           C
ATOM   4117  N   GLY C 106     -28.381 -43.504  89.436  1.00 29.88           N
ATOM   4118  CA  GLY C 106     -29.424 -44.496  89.587  1.00 34.79           C
ATOM   4119  C   GLY C 106     -29.697 -44.833  91.048  1.00 34.11           C
ATOM   4120  O   GLY C 106     -28.952 -44.456  91.951  1.00 31.75           O
ATOM   4121  N   GLN C 107     -30.828 -45.525  91.277  1.00 37.10           N
ATOM   4122  CA  GLN C 107     -31.137 -46.052  92.607  1.00 33.95           C
ATOM   4123  C   GLN C 107     -30.005 -46.904  93.124  1.00 30.12           C
ATOM   4124  O   GLN C 107     -29.773 -46.956  94.331  1.00 31.44           O
ATOM   4125  CB  GLN C 107     -32.411 -46.921  92.621  1.00 38.95           C
ATOM   4126  CG  GLN C 107     -33.442 -46.732  91.485  1.00 53.38           C
ATOM   4127  CD  GLN C 107     -33.137 -47.557  90.207  1.00 55.26           C
ATOM   4128  OE1 GLN C 107     -33.665 -48.666  89.992  1.00 51.28           O
ATOM   4129  NE2 GLN C 107     -32.299 -46.993  89.348  1.00 50.94           N
ATOM   4130  N   GLY C 108     -29.311 -47.597  92.233  1.00 30.68           N
ATOM   4131  CA  GLY C 108     -28.376 -48.619  92.628  1.00 25.20           C
ATOM   4132  C   GLY C 108     -29.039 -49.981  92.689  1.00 28.53           C
ATOM   4133  O   GLY C 108     -30.254 -50.110  92.792  1.00 32.61           O
ATOM   4134  N   THR C 109     -28.203 -51.008  92.614  1.00 26.94           N
ATOM   4135  CA  THR C 109     -28.607 -52.403  92.680  1.00 22.92           C
ATOM   4136  C   THR C 109     -27.757 -53.086  93.740  1.00 30.47           C
ATOM   4137  O   THR C 109     -26.523 -53.049  93.674  1.00 32.40           O
ATOM   4138  CB  THR C 109     -28.418 -53.094  91.321  1.00 29.24           C
ATOM   4139  OG1 THR C 109     -29.226 -52.453  90.327  1.00 29.50           O
ATOM   4140  CG2 THR C 109     -28.754 -54.591  91.395  1.00 25.49           C
ATOM   4141  N   MET C 110     -28.402 -53.685  94.726  1.00 30.19           N
ATOM   4142  CA  MET C 110     -27.674 -54.400  95.765  1.00 31.87           C
ATOM   4143  C   MET C 110     -27.271 -55.749  95.187  1.00 30.25           C
ATOM   4144  O   MET C 110     -28.133 -56.548  94.818  1.00 31.68           O
ATOM   4145  CB  MET C 110     -28.571 -54.546  96.991  1.00 38.09           C
ATOM   4146  CG  MET C 110     -27.925 -54.739  98.362  1.00 38.26           C
ATOM   4147  SD  MET C 110     -29.296 -54.935  99.598  1.00 60.00           S
ATOM   4148  CE  MET C 110     -30.587 -53.829  98.963  1.00 28.36           C
ATOM   4149  N   VAL C 111     -25.971 -55.986  95.049  1.00 30.68           N
ATOM   4150  CA  VAL C 111     -25.467 -57.191  94.399  1.00 30.46           C
ATOM   4151  C   VAL C 111     -24.685 -57.989  95.422  1.00 30.94           C
ATOM   4152  O   VAL C 111     -23.698 -57.495  95.978  1.00 34.81           O
ATOM   4153  CB  VAL C 111     -24.601 -56.875  93.164  1.00 34.32           C
ATOM   4154  CG1 VAL C 111     -23.821 -58.100  92.745  1.00 28.86           C
ATOM   4155  CG2 VAL C 111     -25.462 -56.397  91.995  1.00 24.78           C
ATOM   4156  N   THR C 112     -25.136 -59.214  95.676  1.00 33.49           N
ATOM   4157  CA  THR C 112     -24.495 -60.147  96.593  1.00 29.04           C
ATOM   4158  C   THR C 112     -23.993 -61.341  95.798  1.00 31.99           C
ATOM   4159  O   THR C 112     -24.749 -61.926  95.013  1.00 28.19           O
ATOM   4160  CB  THR C 112     -25.483 -60.629  97.670  1.00 27.70           C
ATOM   4161  OG1 THR C 112     -26.126 -59.513  98.275  1.00 27.51           O
ATOM   4162  CG2 THR C 112     -24.800 -61.447  98.736  1.00 30.55           C
ATOM   4163  N   VAL C 113     -22.726 -61.696  95.985  1.00 29.97           N
ATOM   4164  CA  VAL C 113     -22.185 -62.918  95.405  1.00 36.12           C
ATOM   4165  C   VAL C 113     -21.678 -63.780  96.550  1.00 33.41           C
ATOM   4166  O   VAL C 113     -20.902 -63.312  97.392  1.00 31.40           O
ATOM   4167  CB  VAL C 113     -21.119 -62.648  94.319  1.00 37.87           C
ATOM   4168  CG1 VAL C 113     -20.582 -61.246  94.423  1.00 37.11           C
ATOM   4169  CG2 VAL C 113     -20.016 -63.719  94.288  1.00 28.90           C
ATOM   4170  N   SER C 114     -22.171 -65.019  96.610  1.00 33.34           N
ATOM   4171  CA  SER C 114     -21.991 -65.863  97.781  1.00 37.36           C
ATOM   4172  C   SER C 114     -22.309 -67.316  97.449  1.00 34.25           C
ATOM   4173  O   SER C 114     -23.113 -67.606  96.563  1.00 32.33           O
ATOM   4174  CB  SER C 114     -22.886 -65.382  98.932  1.00 34.37           C
ATOM   4175  OG  SER C 114     -22.928 -66.326  99.983  1.00 36.36           O
ATOM   4176  N   SER C 115     -21.682 -68.224  98.195  1.00 38.98           N
ATOM   4177  CA  SER C 115     -22.065 -69.629  98.129  1.00 38.55           C
ATOM   4178  C   SER C 115     -23.430 -69.890  98.753  1.00 44.22           C
ATOM   4179  O   SER C 115     -24.069 -70.889  98.410  1.00 48.62           O
ATOM   4180  CB  SER C 115     -21.032 -70.491  98.847  1.00 40.98           C
ATOM   4181  OG  SER C 115     -19.794 -70.465  98.158  1.00 57.58           O
ATOM   4182  N   ALA C 116     -23.912 -69.003  99.620  1.00 34.12           N
ATOM   4183  CA  ALA C 116     -25.140 -69.269 100.348  1.00 37.60           C
ATOM   4184  C   ALA C 116     -26.347 -69.330  99.415  1.00 39.26           C
ATOM   4185  O   ALA C 116     -26.329 -68.827  98.282  1.00 36.17           O
```

```
ATOM   4186  CB  ALA C 116     -25.366 -68.194 101.413  1.00 33.12           C
ATOM   4187  N   SER C 117     -27.414 -69.957  99.915  1.00 36.37           N
ATOM   4188  CA  SER C 117     -28.684 -70.042  99.206  1.00 39.66           C
ATOM   4189  C   SER C 117     -29.745 -69.252  99.960  1.00 36.99           C
ATOM   4190  O   SER C 117     -29.660 -69.069 101.179  1.00 40.67           O
ATOM   4191  CB  SER C 117     -29.137 -71.504  99.021  1.00 40.84           C
ATOM   4192  OG  SER C 117     -28.239 -72.218  98.172  1.00 42.49           O
ATOM   4193  N   THR C 118     -30.735 -68.770  99.215  1.00 35.22           N
ATOM   4194  CA  THR C 118     -31.796 -67.963  99.796  1.00 34.00           C
ATOM   4195  C   THR C 118     -32.453 -68.705 100.953  1.00 37.86           C
ATOM   4196  O   THR C 118     -32.680 -69.912 100.889  1.00 37.72           O
ATOM   4197  CB  THR C 118     -32.829 -67.600  98.724  1.00 27.84           C
ATOM   4198  OG1 THR C 118     -32.225 -66.729  97.771  1.00 31.08           O
ATOM   4199  CG2 THR C 118     -34.051 -66.887  99.332  1.00 36.20           C
ATOM   4200  N   LYS C 119     -32.740 -67.973 102.024  1.00 38.37           N
ATOM   4201  CA  LYS C 119     -33.239 -68.569 103.256  1.00 37.26           C
ATOM   4202  C   LYS C 119     -33.922 -67.486 104.079  1.00 34.75           C
ATOM   4203  O   LYS C 119     -33.332 -66.432 104.331  1.00 32.89           O
ATOM   4204  CB  LYS C 119     -32.093 -69.201 104.040  1.00 32.21           C
ATOM   4205  CG  LYS C 119     -32.520 -69.868 105.295  1.00 32.82           C
ATOM   4206  CD  LYS C 119     -31.299 -70.193 106.108  1.00 34.06           C
ATOM   4207  CE  LYS C 119     -31.675 -70.872 107.411  1.00 37.24           C
ATOM   4208  NZ  LYS C 119     -32.670 -70.086 108.181  1.00 41.53           N1+
ATOM   4209  N   GLY C 120     -35.166 -67.738 104.474  1.00 34.46           N
ATOM   4210  CA  GLY C 120     -35.906 -66.796 105.275  1.00 30.62           C
ATOM   4211  C   GLY C 120     -35.395 -66.829 106.696  1.00 30.67           C
ATOM   4212  O   GLY C 120     -34.703 -67.767 107.102  1.00 29.23           O
ATOM   4213  N   PRO C 121     -35.705 -65.792 107.467  1.00 28.30           N
ATOM   4214  CA  PRO C 121     -35.198 -65.683 108.838  1.00 30.58           C
ATOM   4215  C   PRO C 121     -36.084 -66.380 109.863  1.00 30.35           C
ATOM   4216  O   PRO C 121     -37.286 -66.554 109.668  1.00 31.40           O
ATOM   4217  CB  PRO C 121     -35.223 -64.172 109.082  1.00 29.17           C
ATOM   4218  CG  PRO C 121     -36.377 -63.701 108.245  1.00 27.47           C
ATOM   4219  CD  PRO C 121     -36.411 -64.578 107.029  1.00 27.41           C
ATOM   4220  N   SER C 122     -35.465 -66.726 110.991  1.00 27.52           N
ATOM   4221  CA  SER C 122     -36.176 -67.066 112.219  1.00 26.31           C
ATOM   4222  C   SER C 122     -36.157 -65.874 113.165  1.00 30.19           C
ATOM   4223  O   SER C 122     -35.108 -65.263 113.389  1.00 33.03           O
ATOM   4224  CB  SER C 122     -35.553 -68.272 112.920  1.00 33.10           C
ATOM   4225  OG  SER C 122     -35.607 -69.425 112.115  1.00 42.58           O
ATOM   4226  N   VAL C 123     -37.305 -65.555 113.736  1.00 30.40           N
ATOM   4227  CA  VAL C 123     -37.439 -64.392 114.599  1.00 29.30           C
ATOM   4228  C   VAL C 123     -37.651 -64.870 116.038  1.00 28.97           C
ATOM   4229  O   VAL C 123     -38.681 -65.469 116.368  1.00 37.16           O
ATOM   4230  CB  VAL C 123     -38.576 -63.481 114.123  1.00 27.97           C
ATOM   4231  CG1 VAL C 123     -38.600 -62.206 114.971  1.00 29.32           C
ATOM   4232  CG2 VAL C 123     -38.448 -63.196 112.593  1.00 23.94           C
ATOM   4233  N   PHE C 124     -36.703 -64.598 116.890  1.00 27.59           N
ATOM   4234  CA  PHE C 124     -36.791 -64.961 118.289  1.00 30.52           C
ATOM   4235  C   PHE C 124     -36.968 -63.708 119.143  1.00 32.03           C
ATOM   4236  O   PHE C 124     -36.508 -62.623 118.771  1.00 29.31           O
ATOM   4237  CB  PHE C 124     -35.539 -65.723 118.760  1.00 34.19           C
ATOM   4238  CG  PHE C 124     -35.145 -66.879 117.868  1.00 33.33           C
ATOM   4239  CD1 PHE C 124     -35.968 -67.985 117.730  1.00 37.57           C
ATOM   4240  CD2 PHE C 124     -33.956 -66.851 117.163  1.00 31.04           C
ATOM   4241  CE1 PHE C 124     -35.618 -69.033 116.892  1.00 34.49           C
ATOM   4242  CE2 PHE C 124     -33.596 -67.901 116.333  1.00 34.61           C
ATOM   4243  CZ  PHE C 124     -34.430 -68.991 116.196  1.00 33.73           C
ATOM   4244  N   PRO C 125     -37.636 -63.815 120.285  1.00 34.51           N
ATOM   4245  CA  PRO C 125     -37.839 -62.633 121.124  1.00 30.32           C
ATOM   4246  C   PRO C 125     -36.613 -62.280 121.951  1.00 32.51           C
ATOM   4247  O   PRO C 125     -35.832 -63.136 122.369  1.00 36.65           O
ATOM   4248  CB  PRO C 125     -39.010 -63.039 122.025  1.00 29.69           C
ATOM   4249  CG  PRO C 125     -38.894 -64.526 122.107  1.00 32.87           C
ATOM   4250  CD  PRO C 125     -38.363 -64.991 120.794  1.00 34.01           C
ATOM   4251  N   LEU C 126     -36.434 -60.985 122.134  1.00 26.85           N
ATOM   4252  CA  LEU C 126     -35.595 -60.422 123.175  1.00 26.86           C
ATOM   4253  C   LEU C 126     -36.568 -59.902 124.234  1.00 31.33           C
ATOM   4254  O   LEU C 126     -37.153 -58.825 124.081  1.00 27.81           O
ATOM   4255  CB  LEU C 126     -34.714 -59.324 122.596  1.00 31.15           C
ATOM   4256  CG  LEU C 126     -33.839 -59.786 121.435  1.00 29.11           C
```

```
ATOM   4257  CD1 LEU C 126     -33.179 -58.601 120.808  1.00 26.98           C
ATOM   4258  CD2 LEU C 126     -32.786 -60.749 121.950  1.00 28.83           C
ATOM   4259  N   ALA C 127     -36.784 -60.706 125.302  1.00 34.13           N
ATOM   4260  CA  ALA C 127     -37.874 -60.477 126.253  1.00 34.68           C
ATOM   4261  C   ALA C 127     -37.515 -59.383 127.258  1.00 38.36           C
ATOM   4262  O   ALA C 127     -36.400 -59.366 127.792  1.00 34.45           O
ATOM   4263  CB  ALA C 127     -38.229 -61.756 126.999  1.00 34.71           C
ATOM   4264  N   PRO C 128     -38.453 -58.480 127.552  1.00 43.79           N
ATOM   4265  CA  PRO C 128     -38.163 -57.410 128.513  1.00 43.68           C
ATOM   4266  C   PRO C 128     -37.732 -57.972 129.856  1.00 54.93           C
ATOM   4267  O   PRO C 128     -38.285 -58.961 130.350  1.00 50.70           O
ATOM   4268  CB  PRO C 128     -39.481 -56.625 128.600  1.00 40.46           C
ATOM   4269  CG  PRO C 128     -40.513 -57.526 128.054  1.00 44.62           C
ATOM   4270  CD  PRO C 128     -39.823 -58.379 127.020  1.00 37.96           C
ATOM   4271  N   SER C 129     -36.668 -57.356 130.389  1.00 69.23           N
ATOM   4272  CA  SER C 129     -36.026 -57.680 131.657  1.00 73.37           C
ATOM   4273  C   SER C 129     -37.065 -57.798 132.767  1.00 80.23           C
ATOM   4274  O   SER C 129     -37.700 -56.804 133.139  1.00 81.02           O
ATOM   4275  CB  SER C 129     -34.983 -56.595 131.987  1.00 71.73           C
ATOM   4276  OG  SER C 129     -34.000 -57.018 132.909  1.00 63.19           O
ATOM   4277  N   SER C 130     -37.246 -59.018 133.289  1.00 83.03           N
ATOM   4278  CA  SER C 130     -38.109 -59.226 134.446  1.00 85.79           C
ATOM   4279  C   SER C 130     -37.714 -58.318 135.603  1.00 95.78           C
ATOM   4280  O   SER C 130     -38.566 -57.941 136.424  1.00 93.56           O
ATOM   4281  CB  SER C 130     -38.040 -60.696 134.882  1.00 88.42           C
ATOM   4282  OG  SER C 130     -36.688 -61.134 135.021  1.00 84.37           O
ATOM   4283  N   LYS C 131     -36.428 -57.953 135.673  1.00 96.01           N
ATOM   4284  CA  LYS C 131     -35.860 -57.111 136.721  1.00 92.69           C
ATOM   4285  C   LYS C 131     -35.737 -55.631 136.334  1.00 88.64           C
ATOM   4286  O   LYS C 131     -34.824 -54.957 136.820  1.00 93.47           O
ATOM   4287  CB  LYS C 131     -34.490 -57.660 137.135  1.00 85.98           C
ATOM   4288  CG  LYS C 131     -34.512 -59.018 137.841  1.00 83.85           C
ATOM   4289  CD  LYS C 131     -33.113 -59.398 138.328  1.00 86.44           C
ATOM   4290  CE  LYS C 131     -33.162 -60.359 139.509  1.00 81.44           C
ATOM   4291  NZ  LYS C 131     -31.802 -60.691 140.021  1.00 67.72           N1+
ATOM   4292  N   SER C 132     -36.625 -55.088 135.498  1.00 91.44           N
ATOM   4293  CA  SER C 132     -36.567 -53.651 135.224  1.00 88.79           C
ATOM   4294  C   SER C 132     -36.967 -52.857 136.461  1.00 93.64           C
ATOM   4295  O   SER C 132     -37.915 -53.218 137.168  1.00 97.31           O
ATOM   4296  CB  SER C 132     -37.472 -53.256 134.048  1.00 75.72           C
ATOM   4297  OG  SER C 132     -36.862 -53.513 132.797  1.00 71.83           O
ATOM   4298  N   THR C 133     -36.229 -51.769 136.723  1.00 99.77           N
ATOM   4299  CA  THR C 133     -36.569 -50.845 137.806  1.00 97.90           C
ATOM   4300  C   THR C 133     -38.009 -50.364 137.611  1.00 93.15           C
ATOM   4301  O   THR C 133     -38.291 -49.593 136.684  1.00 89.44           O
ATOM   4302  CB  THR C 133     -35.563 -49.669 137.882  1.00 87.55           C
ATOM   4303  OG1 THR C 133     -35.179 -49.234 136.565  1.00 83.45           O
ATOM   4304  CG2 THR C 133     -34.303 -50.077 138.653  1.00 84.85           C
ATOM   4305  N   SER C 134     -38.929 -50.829 138.466  1.00 93.26           N
ATOM   4306  CA  SER C 134     -40.352 -50.635 138.210  1.00 87.74           C
ATOM   4307  C   SER C 134     -40.679 -49.153 138.274  1.00 85.43           C
ATOM   4308  O   SER C 134     -40.329 -48.472 139.242  1.00 87.73           O
ATOM   4309  CB  SER C 134     -41.195 -51.410 139.224  1.00 74.42           C
ATOM   4310  OG  SER C 134     -42.211 -52.150 138.567  1.00 81.41           O
ATOM   4311  N   GLY C 135     -41.314 -48.643 137.223  1.00 80.04           N
ATOM   4312  CA  GLY C 135     -41.395 -47.211 137.051  1.00 78.15           C
ATOM   4313  C   GLY C 135     -40.279 -46.614 136.227  1.00 80.05           C
ATOM   4314  O   GLY C 135     -40.186 -45.381 136.144  1.00 77.05           O
ATOM   4315  N   GLY C 136     -39.414 -47.444 135.639  1.00 72.87           N
ATOM   4316  CA  GLY C 136     -38.350 -46.962 134.783  1.00 61.44           C
ATOM   4317  C   GLY C 136     -38.489 -47.391 133.333  1.00 56.58           C
ATOM   4318  O   GLY C 136     -39.592 -47.407 132.771  1.00 51.45           O
ATOM   4319  N   THR C 137     -37.382 -47.773 132.713  1.00 53.14           N
ATOM   4320  CA  THR C 137     -37.361 -48.017 131.279  1.00 47.91           C
ATOM   4321  C   THR C 137     -37.015 -49.473 131.008  1.00 48.48           C
ATOM   4322  O   THR C 137     -36.090 -50.028 131.617  1.00 47.97           O
ATOM   4323  CB  THR C 137     -36.370 -47.081 130.592  1.00 48.09           C
ATOM   4324  OG1 THR C 137     -36.886 -45.745 130.650  1.00 54.06           O
ATOM   4325  CG2 THR C 137     -36.140 -47.485 129.123  1.00 43.01           C
ATOM   4326  N   ALA C 138     -37.781 -50.087 130.110  1.00 38.89           N
ATOM   4327  CA  ALA C 138     -37.598 -51.469 129.714  1.00 38.16           C
```

```
ATOM   4328  C   ALA C 138     -37.117 -51.516 128.268  1.00 36.59           C
ATOM   4329  O   ALA C 138     -37.541 -50.708 127.437  1.00 36.87           O
ATOM   4330  CB  ALA C 138     -38.908 -52.249 129.871  1.00 31.25           C
ATOM   4331  N   ALA C 139     -36.232 -52.454 127.964  1.00 33.10           N
ATOM   4332  CA  ALA C 139     -35.886 -52.755 126.582  1.00 30.90           C
ATOM   4333  C   ALA C 139     -36.522 -54.080 126.199  1.00 30.77           C
ATOM   4334  O   ALA C 139     -36.619 -54.986 127.028  1.00 31.77           O
ATOM   4335  CB  ALA C 139     -34.371 -52.823 126.376  1.00 25.95           C
ATOM   4336  N   LEU C 140     -36.978 -54.176 124.952  1.00 29.69           N
ATOM   4337  CA  LEU C 140     -37.426 -55.439 124.376  1.00 30.12           C
ATOM   4338  C   LEU C 140     -37.081 -55.420 122.891  1.00 30.17           C
ATOM   4339  O   LEU C 140     -36.795 -54.369 122.319  1.00 29.86           O
ATOM   4340  CB  LEU C 140     -38.930 -55.666 124.605  1.00 29.80           C
ATOM   4341  CG  LEU C 140     -39.844 -54.591 124.028  1.00 30.15           C
ATOM   4342  CD1 LEU C 140     -40.427 -55.049 122.720  1.00 29.13           C
ATOM   4343  CD2 LEU C 140     -40.945 -54.256 125.007  1.00 30.43           C
ATOM   4344  N   GLY C 141     -37.135 -56.581 122.250  1.00 27.97           N
ATOM   4345  CA  GLY C 141     -36.809 -56.584 120.844  1.00 27.01           C
ATOM   4346  C   GLY C 141     -37.043 -57.919 120.174  1.00 30.67           C
ATOM   4347  O   GLY C 141     -37.628 -58.835 120.754  1.00 31.90           O
ATOM   4348  N   CYS C 142     -36.604 -57.978 118.908  1.00 28.16           N
ATOM   4349  CA  CYS C 142     -36.633 -59.156 118.051  1.00 31.74           C
ATOM   4350  C   CYS C 142     -35.238 -59.467 117.527  1.00 28.43           C
ATOM   4351  O   CYS C 142     -34.478 -58.563 117.193  1.00 24.09           O
ATOM   4352  CB  CYS C 142     -37.563 -58.947 116.858  1.00 32.06           C
ATOM   4353  SG  CYS C 142     -39.293 -59.136 117.287  1.00 49.90           S
ATOM   4354  N   LEU C 143     -34.903 -60.747 117.447  1.00 28.84           N
ATOM   4355  CA  LEU C 143     -33.651 -61.187 116.845  1.00 26.55           C
ATOM   4356  C   LEU C 143     -33.989 -61.904 115.550  1.00 27.72           C
ATOM   4357  O   LEU C 143     -34.719 -62.892 115.562  1.00 29.16           O
ATOM   4358  CB  LEU C 143     -32.849 -62.069 117.805  1.00 29.85           C
ATOM   4359  CG  LEU C 143     -31.504 -62.623 117.312  1.00 31.81           C
ATOM   4360  CD1 LEU C 143     -30.634 -61.539 116.821  1.00 29.50           C
ATOM   4361  CD2 LEU C 143     -30.809 -63.273 118.476  1.00 34.71           C
ATOM   4362  N   VAL C 144     -33.506 -61.374 114.434  1.00 24.21           N
ATOM   4363  CA  VAL C 144     -33.850 -61.888 113.121  1.00 25.88           C
ATOM   4364  C   VAL C 144     -32.632 -62.683 112.650  1.00 31.73           C
ATOM   4365  O   VAL C 144     -31.676 -62.122 112.104  1.00 27.35           O
ATOM   4366  CB  VAL C 144     -34.237 -60.756 112.162  1.00 29.39           C
ATOM   4367  CG1 VAL C 144     -34.620 -61.297 110.801  1.00 29.56           C
ATOM   4368  CG2 VAL C 144     -35.395 -59.939 112.721  1.00 21.42           C
ATOM   4369  N   LYS C 145     -32.658 -64.003 112.849  1.00 26.44           N
ATOM   4370  CA  LYS C 145     -31.455 -64.811 112.726  1.00 29.06           C
ATOM   4371  C   LYS C 145     -31.472 -65.687 111.476  1.00 30.53           C
ATOM   4372  O   LYS C 145     -32.513 -66.244 111.098  1.00 29.40           O
ATOM   4373  CB  LYS C 145     -31.253 -65.686 113.974  1.00 29.44           C
ATOM   4374  CG  LYS C 145     -29.832 -66.217 114.070  1.00 30.84           C
ATOM   4375  CD  LYS C 145     -29.511 -66.818 115.405  1.00 37.83           C
ATOM   4376  CE  LYS C 145     -28.009 -67.086 115.543  1.00 43.25           C
ATOM   4377  NZ  LYS C 145     -27.433 -67.955 114.471  1.00 39.52           N1+
ATOM   4378  N   ASP C 146     -30.298 -65.782 110.837  1.00 28.14           N
ATOM   4379  CA  ASP C 146     -30.003 -66.758 109.784  1.00 33.06           C
ATOM   4380  C   ASP C 146     -30.862 -66.564 108.531  1.00 33.58           C
ATOM   4381  O   ASP C 146     -31.584 -67.465 108.102  1.00 36.23           O
ATOM   4382  CB  ASP C 146     -30.185 -68.177 110.330  1.00 36.19           C
ATOM   4383  CG  ASP C 146     -29.226 -68.502 111.441  1.00 38.83           C
ATOM   4384  OD1 ASP C 146     -28.041 -68.058 111.404  1.00 37.01           O
ATOM   4385  OD2 ASP C 146     -29.716 -69.135 112.405  1.00 41.05           O1-
ATOM   4386  N   TYR C 147     -30.735 -65.405 107.905  1.00 29.04           N
ATOM   4387  CA  TYR C 147     -31.400 -65.202 106.626  1.00 29.40           C
ATOM   4388  C   TYR C 147     -30.361 -64.899 105.547  1.00 29.62           C
ATOM   4389  O   TYR C 147     -29.186 -64.645 105.826  1.00 30.41           O
ATOM   4390  CB  TYR C 147     -32.443 -64.080 106.711  1.00 26.97           C
ATOM   4391  CG  TYR C 147     -31.863 -62.715 106.999  1.00 28.14           C
ATOM   4392  CD1 TYR C 147     -31.628 -62.304 108.303  1.00 28.44           C
ATOM   4393  CD2 TYR C 147     -31.529 -61.840 105.963  1.00 29.70           C
ATOM   4394  CE1 TYR C 147     -31.098 -61.071 108.575  1.00 30.16           C
ATOM   4395  CE2 TYR C 147     -30.994 -60.586 106.226  1.00 29.35           C
ATOM   4396  CZ  TYR C 147     -30.788 -60.204 107.538  1.00 32.07           C
ATOM   4397  OH  TYR C 147     -30.269 -58.954 107.832  1.00 32.73           O
ATOM   4398  N   PHE C 148     -30.808 -64.941 104.298  1.00 31.56           N
```

```
ATOM   4399  CA  PHE C 148     -29.950 -64.658 103.161  1.00 31.89           C
ATOM   4400  C   PHE C 148     -30.781 -64.535 101.900  1.00 31.76           C
ATOM   4401  O   PHE C 148     -31.634 -65.367 101.661  1.00 30.72           O
ATOM   4402  CB  PHE C 148     -28.910 -65.765 102.977  1.00 30.49           C
ATOM   4403  CG  PHE C 148     -27.980 -65.524 101.839  1.00 32.65           C
ATOM   4404  CD1 PHE C 148     -28.316 -65.923 100.550  1.00 30.37           C
ATOM   4405  CD2 PHE C 148     -26.766 -64.876 102.053  1.00 31.85           C
ATOM   4406  CE1 PHE C 148     -27.460 -65.681  99.502  1.00 33.92           C
ATOM   4407  CE2 PHE C 148     -25.903 -64.629 101.010  1.00 31.05           C
ATOM   4408  CZ  PHE C 148     -26.244 -65.032  99.734  1.00 36.04           C
ATOM   4409  N   PRO C 149     -30.503 -63.514 101.066  1.00 37.13           N
ATOM   4410  CA  PRO C 149     -29.514 -62.453 101.301  1.00 34.36           C
ATOM   4411  C   PRO C 149     -30.136 -61.270 102.025  1.00 31.13           C
ATOM   4412  O   PRO C 149     -31.294 -61.362 102.414  1.00 33.18           O
ATOM   4413  CB  PRO C 149     -29.116 -62.050  99.885  1.00 28.91           C
ATOM   4414  CG  PRO C 149     -30.384 -62.167  99.146  1.00 26.99           C
ATOM   4415  CD  PRO C 149     -31.093 -63.390  99.717  1.00 27.60           C
ATOM   4416  N   GLU C 150     -29.394 -60.176 102.157  1.00 27.31           N
ATOM   4417  CA  GLU C 150     -29.961 -58.888 102.552  1.00 30.44           C
ATOM   4418  C   GLU C 150     -30.938 -58.398 101.479  1.00 29.76           C
ATOM   4419  O   GLU C 150     -30.806 -58.770 100.312  1.00 30.40           O
ATOM   4420  CB  GLU C 150     -28.839 -57.872 102.761  1.00 29.87           C
ATOM   4421  CG  GLU C 150     -27.928 -58.160 103.958  1.00 29.34           C
ATOM   4422  CD  GLU C 150     -28.365 -57.400 105.210  1.00 38.78           C
ATOM   4423  OE1 GLU C 150     -27.573 -56.543 105.699  1.00 37.11           O
ATOM   4424  OE2 GLU C 150     -29.512 -57.629 105.680  1.00 39.42           O1-
ATOM   4425  N   PRO C 151     -31.930 -57.571 101.855  1.00 28.20           N
ATOM   4426  CA  PRO C 151     -32.224 -57.019 103.180  1.00 28.76           C
ATOM   4427  C   PRO C 151     -33.460 -57.594 103.883  1.00 32.34           C
ATOM   4428  O   PRO C 151     -34.284 -58.288 103.291  1.00 27.74           O
ATOM   4429  CB  PRO C 151     -32.488 -55.554 102.867  1.00 21.65           C
ATOM   4430  CG  PRO C 151     -33.145 -55.605 101.554  1.00 15.86           C
ATOM   4431  CD  PRO C 151     -32.640 -56.807 100.810  1.00 20.18           C
ATOM   4432  N   VAL C 152     -33.572 -57.269 105.165  1.00 31.09           N
ATOM   4433  CA  VAL C 152     -34.798 -57.431 105.925  1.00 31.79           C
ATOM   4434  C   VAL C 152     -35.215 -56.053 106.399  1.00 32.70           C
ATOM   4435  O   VAL C 152     -34.378 -55.174 106.625  1.00 38.99           O
ATOM   4436  CB  VAL C 152     -34.616 -58.366 107.130  1.00 32.39           C
ATOM   4437  CG1 VAL C 152     -34.480 -59.798 106.688  1.00 34.75           C
ATOM   4438  CG2 VAL C 152     -33.386 -57.962 107.854  1.00 32.91           C
ATOM   4439  N   THR C 153     -36.513 -55.863 106.552  1.00 30.59           N
ATOM   4440  CA  THR C 153     -37.032 -54.660 107.178  1.00 33.61           C
ATOM   4441  C   THR C 153     -37.799 -55.060 108.426  1.00 32.20           C
ATOM   4442  O   THR C 153     -38.455 -56.108 108.450  1.00 30.80           O
ATOM   4443  CB  THR C 153     -37.918 -53.848 106.212  1.00 32.33           C
ATOM   4444  OG1 THR C 153     -38.950 -54.679 105.683  1.00 37.08           O
ATOM   4445  CG2 THR C 153     -37.089 -53.315 105.061  1.00 33.42           C
ATOM   4446  N   VAL C 154     -37.709 -54.221 109.459  1.00 27.86           N
ATOM   4447  CA  VAL C 154     -38.401 -54.438 110.727  1.00 29.82           C
ATOM   4448  C   VAL C 154     -39.162 -53.168 111.090  1.00 26.12           C
ATOM   4449  O   VAL C 154     -38.574 -52.085 111.121  1.00 30.95           O
ATOM   4450  CB  VAL C 154     -37.414 -54.808 111.861  1.00 29.46           C
ATOM   4451  CG1 VAL C 154     -38.155 -55.064 113.142  1.00 29.26           C
ATOM   4452  CG2 VAL C 154     -36.547 -56.023 111.485  1.00 24.20           C
ATOM   4453  N   SER C 155     -40.459 -53.293 111.373  1.00 28.07           N
ATOM   4454  CA  SER C 155     -41.207 -52.221 112.033  1.00 29.61           C
ATOM   4455  C   SER C 155     -41.832 -52.750 113.315  1.00 35.01           C
ATOM   4456  O   SER C 155     -41.790 -53.949 113.616  1.00 36.17           O
ATOM   4457  CB  SER C 155     -42.310 -51.632 111.151  1.00 25.87           C
ATOM   4458  OG  SER C 155     -43.302 -52.591 110.859  1.00 28.75           O
ATOM   4459  N   TRP C 156     -42.424 -51.846 114.080  1.00 29.64           N
ATOM   4460  CA  TRP C 156     -43.029 -52.229 115.344  1.00 33.60           C
ATOM   4461  C   TRP C 156     -44.490 -51.793 115.369  1.00 34.15           C
ATOM   4462  O   TRP C 156     -44.813 -50.652 115.017  1.00 33.36           O
ATOM   4463  CB  TRP C 156     -42.226 -51.655 116.514  1.00 31.35           C
ATOM   4464  CG  TRP C 156     -40.969 -52.463 116.781  1.00 31.98           C
ATOM   4465  CD1 TRP C 156     -39.734 -52.302 116.196  1.00 33.14           C
ATOM   4466  CD2 TRP C 156     -40.836 -53.564 117.686  1.00 30.45           C
ATOM   4467  NE1 TRP C 156     -38.849 -53.230 116.690  1.00 25.96           N
ATOM   4468  CE2 TRP C 156     -39.498 -54.008 117.616  1.00 30.62           C
ATOM   4469  CE3 TRP C 156     -41.717 -54.213 118.566  1.00 32.88           C
```

```
ATOM   4470  CZ2 TRP C 156     -39.025 -55.076 118.391  1.00 31.18           C
ATOM   4471  CZ3 TRP C 156     -41.243 -55.274 119.341  1.00 27.61           C
ATOM   4472  CH2 TRP C 156     -39.914 -55.694 119.242  1.00 30.88           C
ATOM   4473  N   ASN C 157     -45.370 -52.719 115.757  1.00 34.57           N
ATOM   4474  CA  ASN C 157     -46.805 -52.459 115.826  1.00 28.72           C
ATOM   4475  C   ASN C 157     -47.299 -51.895 114.495  1.00 36.26           C
ATOM   4476  O   ASN C 157     -47.997 -50.880 114.432  1.00 35.07           O
ATOM   4477  CB  ASN C 157     -47.133 -51.515 116.989  1.00 31.99           C
ATOM   4478  CG  ASN C 157     -46.897 -52.156 118.368  1.00 33.31           C
ATOM   4479  OD1 ASN C 157     -46.496 -53.318 118.479  1.00 34.80           O
ATOM   4480  ND2 ASN C 157     -47.136 -51.387 119.418  1.00 32.04           N
ATOM   4481  N   SER C 158     -46.870 -52.540 113.410  1.00 39.26           N
ATOM   4482  CA  SER C 158     -47.310 -52.190 112.062  1.00 36.22           C
ATOM   4483  C   SER C 158     -46.991 -50.739 111.719  1.00 35.47           C
ATOM   4484  O   SER C 158     -47.673 -50.119 110.908  1.00 39.31           O
ATOM   4485  CB  SER C 158     -48.807 -52.459 111.895  1.00 33.86           C
ATOM   4486  OG  SER C 158     -49.145 -53.743 112.399  1.00 43.34           O
ATOM   4487  N   GLY C 159     -45.938 -50.192 112.306  1.00 35.45           N
ATOM   4488  CA  GLY C 159     -45.566 -48.813 112.078  1.00 33.17           C
ATOM   4489  C   GLY C 159     -46.053 -47.833 113.124  1.00 36.82           C
ATOM   4490  O   GLY C 159     -45.608 -46.684 113.114  1.00 41.61           O
ATOM   4491  N   ALA C 160     -46.919 -48.260 114.048  1.00 38.45           N
ATOM   4492  CA  ALA C 160     -47.469 -47.347 115.047  1.00 32.99           C
ATOM   4493  C   ALA C 160     -46.449 -46.967 116.108  1.00 41.51           C
ATOM   4494  O   ALA C 160     -46.566 -45.903 116.718  1.00 49.03           O
ATOM   4495  CB  ALA C 160     -48.695 -47.977 115.719  1.00 29.64           C
ATOM   4496  N   LEU C 161     -45.463 -47.818 116.362  1.00 40.25           N
ATOM   4497  CA  LEU C 161     -44.450 -47.562 117.372  1.00 30.64           C
ATOM   4498  C   LEU C 161     -43.161 -47.174 116.659  1.00 33.32           C
ATOM   4499  O   LEU C 161     -42.702 -47.877 115.757  1.00 31.89           O
ATOM   4500  CB  LEU C 161     -44.269 -48.786 118.270  1.00 31.29           C
ATOM   4501  CG  LEU C 161     -43.229 -48.759 119.395  1.00 38.45           C
ATOM   4502  CD1 LEU C 161     -43.249 -47.451 120.164  1.00 23.88           C
ATOM   4503  CD2 LEU C 161     -43.494 -49.922 120.328  1.00 32.82           C
ATOM   4504  N   THR C 162     -42.606 -46.032 117.032  1.00 37.42           N
ATOM   4505  CA  THR C 162     -41.535 -45.418 116.262  1.00 33.06           C
ATOM   4506  C   THR C 162     -40.497 -44.859 117.219  1.00 29.92           C
ATOM   4507  O   THR C 162     -39.296 -45.096 117.071  1.00 28.52           O
ATOM   4508  CB  THR C 162     -42.139 -44.328 115.362  1.00 36.32           C
ATOM   4509  OG1 THR C 162     -42.104 -44.761 113.998  1.00 34.07           O
ATOM   4510  CG2 THR C 162     -41.443 -42.968 115.527  1.00 36.07           C
ATOM   4511  N   SER C 163     -40.981 -44.153 118.234  1.00 30.45           N
ATOM   4512  CA  SER C 163     -40.121 -43.634 119.272  1.00 26.52           C
ATOM   4513  C   SER C 163     -39.452 -44.780 120.014  1.00 30.83           C
ATOM   4514  O   SER C 163     -40.117 -45.724 120.461  1.00 32.58           O
ATOM   4515  CB  SER C 163     -40.954 -42.786 120.226  1.00 28.23           C
ATOM   4516  OG  SER C 163     -40.230 -42.404 121.384  1.00 40.32           O
ATOM   4517  N   GLY C 164     -38.137 -44.673 120.178  1.00 30.58           N
ATOM   4518  CA  GLY C 164     -37.364 -45.625 120.941  1.00 29.23           C
ATOM   4519  C   GLY C 164     -36.839 -46.804 120.153  1.00 31.45           C
ATOM   4520  O   GLY C 164     -36.059 -47.589 120.704  1.00 33.69           O
ATOM   4521  N   VAL C 165     -37.207 -46.930 118.878  1.00 27.51           N
ATOM   4522  CA  VAL C 165     -36.793 -48.069 118.070  1.00 28.93           C
ATOM   4523  C   VAL C 165     -35.357 -47.887 117.587  1.00 28.12           C
ATOM   4524  O   VAL C 165     -34.979 -46.831 117.081  1.00 37.17           O
ATOM   4525  CB  VAL C 165     -37.748 -48.269 116.884  1.00 26.69           C
ATOM   4526  CG1 VAL C 165     -37.278 -49.432 116.023  1.00 24.04           C
ATOM   4527  CG2 VAL C 165     -39.163 -48.502 117.367  1.00 24.09           C
ATOM   4528  N   HIS C 166     -34.566 -48.942 117.693  1.00 30.28           N
ATOM   4529  CA  HIS C 166     -33.290 -49.052 116.999  1.00 27.00           C
ATOM   4530  C   HIS C 166     -33.270 -50.379 116.259  1.00 23.79           C
ATOM   4531  O   HIS C 166     -33.286 -51.436 116.895  1.00 25.39           O
ATOM   4532  CB  HIS C 166     -32.105 -49.007 117.975  1.00 27.83           C
ATOM   4533  CG  HIS C 166     -32.009 -47.759 118.809  1.00 31.08           C
ATOM   4534  ND1 HIS C 166     -31.757 -46.516 118.271  1.00 32.94           N
ATOM   4535  CD2 HIS C 166     -32.070 -47.578 120.153  1.00 30.56           C
ATOM   4536  CE1 HIS C 166     -31.681 -45.622 119.242  1.00 30.93           C
ATOM   4537  NE2 HIS C 166     -31.861 -46.242 120.395  1.00 27.04           N
ATOM   4538  N   THR C 167     -33.209 -50.338 114.928  1.00 24.71           N
ATOM   4539  CA  THR C 167     -32.896 -51.526 114.139  1.00 22.25           C
ATOM   4540  C   THR C 167     -31.455 -51.439 113.637  1.00 24.53           C
```

```
ATOM   4541  O   THR C 167     -31.093 -50.498 112.927  1.00 26.79           O
ATOM   4542  CB  THR C 167     -33.857 -51.694 112.980  1.00 20.41           C
ATOM   4543  OG1 THR C 167     -35.176 -51.829 113.501  1.00 28.97           O
ATOM   4544  CG2 THR C 167     -33.529 -52.967 112.219  1.00 21.90           C
ATOM   4545  N   PHE C 168     -30.658 -52.417 113.986  1.00 25.58           N
ATOM   4546  CA  PHE C 168     -29.210 -52.471 113.865  1.00 26.05           C
ATOM   4547  C   PHE C 168     -28.807 -53.018 112.505  1.00 21.09           C
ATOM   4548  O   PHE C 168     -29.560 -53.760 111.890  1.00 25.00           O
ATOM   4549  CB  PHE C 168     -28.623 -53.352 114.969  1.00 23.55           C
ATOM   4550  CG  PHE C 168     -28.681 -52.722 116.316  1.00 22.06           C
ATOM   4551  CD1 PHE C 168     -29.812 -52.855 117.113  1.00 23.76           C
ATOM   4552  CD2 PHE C 168     -27.617 -51.958 116.788  1.00 24.14           C
ATOM   4553  CE1 PHE C 168     -29.892 -52.232 118.390  1.00 24.66           C
ATOM   4554  CE2 PHE C 168     -27.683 -51.341 118.064  1.00 28.11           C
ATOM   4555  CZ  PHE C 168     -28.828 -51.482 118.866  1.00 22.06           C
ATOM   4556  N   PRO C 169     -27.626 -52.662 112.009  1.00 26.60           N
ATOM   4557  CA  PRO C 169     -27.121 -53.295 110.778  1.00 25.79           C
ATOM   4558  C   PRO C 169     -26.907 -54.793 110.988  1.00 26.33           C
ATOM   4559  O   PRO C 169     -26.457 -55.228 112.050  1.00 23.48           O
ATOM   4560  CB  PRO C 169     -25.790 -52.569 110.525  1.00 17.06           C
ATOM   4561  CG  PRO C 169     -25.829 -51.348 111.350  1.00 17.09           C
ATOM   4562  CD  PRO C 169     -26.686 -51.660 112.546  1.00 22.12           C
ATOM   4563  N   ALA C 170     -27.222 -55.586 109.966  1.00 23.48           N
ATOM   4564  CA  ALA C 170     -27.009 -57.027 110.064  1.00 26.56           C
ATOM   4565  C   ALA C 170     -25.523 -57.369 110.178  1.00 25.54           C
ATOM   4566  O   ALA C 170     -24.650 -56.604 109.782  1.00 26.69           O
ATOM   4567  CB  ALA C 170     -27.591 -57.744 108.847  1.00 29.48           C
ATOM   4568  N   VAL C 171     -25.237 -58.531 110.747  1.00 26.07           N
ATOM   4569  CA  VAL C 171     -23.899 -59.104 110.683  1.00 24.19           C
ATOM   4570  C   VAL C 171     -23.934 -60.333 109.789  1.00 26.45           C
ATOM   4571  O   VAL C 171     -24.935 -61.047 109.711  1.00 31.14           O
ATOM   4572  CB  VAL C 171     -23.315 -59.455 112.072  1.00 29.65           C
ATOM   4573  CG1 VAL C 171     -23.042 -58.193 112.858  1.00 27.11           C
ATOM   4574  CG2 VAL C 171     -24.254 -60.404 112.853  1.00 25.85           C
ATOM   4575  N   LEU C 172     -22.832 -60.571 109.101  1.00 31.64           N
ATOM   4576  CA  LEU C 172     -22.658 -61.767 108.288  1.00 28.57           C
ATOM   4577  C   LEU C 172     -21.868 -62.750 109.143  1.00 26.67           C
ATOM   4578  O   LEU C 172     -20.718 -62.492 109.489  1.00 30.87           O
ATOM   4579  CB  LEU C 172     -21.937 -61.442 106.982  1.00 27.30           C
ATOM   4580  CG  LEU C 172     -21.662 -62.583 105.992  1.00 32.63           C
ATOM   4581  CD1 LEU C 172     -22.971 -63.245 105.549  1.00 26.83           C
ATOM   4582  CD2 LEU C 172     -20.839 -62.101 104.772  1.00 28.21           C
ATOM   4583  N   GLN C 173     -22.503 -63.845 109.522  1.00 27.90           N
ATOM   4584  CA  GLN C 173     -21.916 -64.862 110.372  1.00 32.35           C
ATOM   4585  C   GLN C 173     -21.087 -65.824 109.528  1.00 36.44           C
ATOM   4586  O   GLN C 173     -21.204 -65.870 108.294  1.00 34.30           O
ATOM   4587  CB  GLN C 173     -23.010 -65.632 111.111  1.00 33.56           C
ATOM   4588  CG  GLN C 173     -23.996 -64.769 111.851  1.00 29.57           C
ATOM   4589  CD  GLN C 173     -25.319 -65.478 112.079  1.00 34.07           C
ATOM   4590  OE1 GLN C 173     -25.724 -65.696 113.215  1.00 34.19           O
ATOM   4591  NE2 GLN C 173     -26.002 -65.836 110.991  1.00 32.53           N
ATOM   4592  N   SER C 174     -20.254 -66.622 110.208  1.00 36.04           N
ATOM   4593  CA  SER C 174     -19.363 -67.525 109.481  1.00 33.82           C
ATOM   4594  C   SER C 174     -20.138 -68.509 108.622  1.00 32.65           C
ATOM   4595  O   SER C 174     -19.561 -69.087 107.697  1.00 35.26           O
ATOM   4596  CB  SER C 174     -18.437 -68.272 110.441  1.00 31.17           C
ATOM   4597  OG  SER C 174     -18.868 -68.133 111.788  1.00 51.22           O
ATOM   4598  N   SER C 175     -21.438 -68.678 108.879  1.00 30.00           N
ATOM   4599  CA  SER C 175     -22.267 -69.541 108.055  1.00 23.99           C
ATOM   4600  C   SER C 175     -22.566 -68.950 106.691  1.00 33.95           C
ATOM   4601  O   SER C 175     -23.018 -69.689 105.810  1.00 36.33           O
ATOM   4602  CB  SER C 175     -23.588 -69.851 108.767  1.00 31.25           C
ATOM   4603  OG  SER C 175     -24.482 -68.743 108.809  1.00 33.60           O
ATOM   4604  N   GLY C 176     -22.299 -67.659 106.473  1.00 34.11           N
ATOM   4605  CA  GLY C 176     -22.780 -67.006 105.275  1.00 26.57           C
ATOM   4606  C   GLY C 176     -24.191 -66.479 105.380  1.00 33.77           C
ATOM   4607  O   GLY C 176     -24.690 -65.897 104.409  1.00 34.08           O
ATOM   4608  N   LEU C 177     -24.857 -66.682 106.515  1.00 32.19           N
ATOM   4609  CA  LEU C 177     -26.185 -66.145 106.765  1.00 30.75           C
ATOM   4610  C   LEU C 177     -26.072 -64.870 107.584  1.00 33.31           C
ATOM   4611  O   LEU C 177     -25.122 -64.683 108.347  1.00 33.18           O
```

```
ATOM   4612  CB  LEU C 177     -27.062 -67.141 107.512  1.00 35.99           C
ATOM   4613  CG  LEU C 177     -27.316 -68.487 106.843  1.00 34.64           C
ATOM   4614  CD1 LEU C 177     -28.208 -69.291 107.732  1.00 30.71           C
ATOM   4615  CD2 LEU C 177     -27.932 -68.291 105.469  1.00 29.23           C
ATOM   4616  N   TYR C 178     -27.048 -63.992 107.413  1.00 32.29           N
ATOM   4617  CA  TYR C 178     -27.076 -62.736 108.138  1.00 29.56           C
ATOM   4618  C   TYR C 178     -27.923 -62.834 109.408  1.00 32.53           C
ATOM   4619  O   TYR C 178     -28.819 -63.665 109.535  1.00 33.61           O
ATOM   4620  CB  TYR C 178     -27.616 -61.627 107.249  1.00 26.03           C
ATOM   4621  CG  TYR C 178     -26.708 -61.260 106.096  1.00 32.82           C
ATOM   4622  CD1 TYR C 178     -25.696 -60.309 106.248  1.00 25.25           C
ATOM   4623  CD2 TYR C 178     -26.874 -61.855 104.843  1.00 28.59           C
ATOM   4624  CE1 TYR C 178     -24.890 -59.978 105.188  1.00 27.51           C
ATOM   4625  CE2 TYR C 178     -26.075 -61.526 103.785  1.00 25.14           C
ATOM   4626  CZ  TYR C 178     -25.085 -60.589 103.952  1.00 33.10           C
ATOM   4627  OH  TYR C 178     -24.299 -60.260 102.873  1.00 31.54           O
ATOM   4628  N   SER C 179     -27.674 -61.906 110.316  1.00 30.12           N
ATOM   4629  CA  SER C 179     -28.377 -61.836 111.580  1.00 26.37           C
ATOM   4630  C   SER C 179     -28.484 -60.373 111.974  1.00 28.91           C
ATOM   4631  O   SER C 179     -27.473 -59.669 112.014  1.00 33.49           O
ATOM   4632  CB  SER C 179     -27.616 -62.615 112.653  1.00 31.79           C
ATOM   4633  OG  SER C 179     -28.434 -63.550 113.310  1.00 36.87           O
ATOM   4634  N   LEU C 180     -29.693 -59.908 112.244  1.00 24.41           N
ATOM   4635  CA  LEU C 180     -29.847 -58.581 112.796  1.00 26.13           C
ATOM   4636  C   LEU C 180     -30.787 -58.623 113.991  1.00 33.77           C
ATOM   4637  O   LEU C 180     -31.507 -59.597 114.238  1.00 33.18           O
ATOM   4638  CB  LEU C 180     -30.340 -57.570 111.757  1.00 32.63           C
ATOM   4639  CG  LEU C 180     -31.742 -57.362 111.177  1.00 31.41           C
ATOM   4640  CD1 LEU C 180     -32.886 -57.085 112.196  1.00 23.59           C
ATOM   4641  CD2 LEU C 180     -31.574 -56.181 110.212  1.00 23.09           C
ATOM   4642  N   SER C 181     -30.773 -57.531 114.735  1.00 33.23           N
ATOM   4643  CA  SER C 181     -31.662 -57.356 115.859  1.00 28.03           C
ATOM   4644  C   SER C 181     -32.311 -55.982 115.766  1.00 26.07           C
ATOM   4645  O   SER C 181     -31.777 -55.063 115.154  1.00 28.63           O
ATOM   4646  CB  SER C 181     -30.906 -57.540 117.184  1.00 30.44           C
ATOM   4647  OG  SER C 181     -29.984 -56.493 117.391  1.00 31.22           O
ATOM   4648  N   SER C 182     -33.506 -55.881 116.326  1.00 27.13           N
ATOM   4649  CA  SER C 182     -34.271 -54.649 116.409  1.00 27.94           C
ATOM   4650  C   SER C 182     -34.805 -54.551 117.827  1.00 28.64           C
ATOM   4651  O   SER C 182     -35.302 -55.543 118.363  1.00 26.17           O
ATOM   4652  CB  SER C 182     -35.424 -54.637 115.408  1.00 25.46           C
ATOM   4653  OG  SER C 182     -36.221 -53.487 115.599  1.00 27.32           O
ATOM   4654  N   VAL C 183     -34.683 -53.373 118.446  1.00 27.27           N
ATOM   4655  CA  VAL C 183     -35.089 -53.201 119.837  1.00 30.94           C
ATOM   4656  C   VAL C 183     -35.878 -51.909 120.005  1.00 30.82           C
ATOM   4657  O   VAL C 183     -35.875 -51.032 119.142  1.00 33.72           O
ATOM   4658  CB  VAL C 183     -33.886 -53.209 120.800  1.00 27.96           C
ATOM   4659  CG1 VAL C 183     -33.091 -54.486 120.621  1.00 17.87           C
ATOM   4660  CG2 VAL C 183     -33.031 -51.953 120.585  1.00 29.36           C
ATOM   4661  N   VAL C 184     -36.585 -51.813 121.122  1.00 25.36           N
ATOM   4662  CA  VAL C 184     -37.315 -50.601 121.452  1.00 29.08           C
ATOM   4663  C   VAL C 184     -37.320 -50.459 122.968  1.00 33.22           C
ATOM   4664  O   VAL C 184     -37.476 -51.444 123.700  1.00 34.38           O
ATOM   4665  CB  VAL C 184     -38.734 -50.602 120.812  1.00 30.67           C
ATOM   4666  CG1 VAL C 184     -39.523 -51.866 121.135  1.00 28.94           C
ATOM   4667  CG2 VAL C 184     -39.531 -49.352 121.221  1.00 30.72           C
ATOM   4668  N   THR C 185     -37.102 -49.234 123.440  1.00 31.38           N
ATOM   4669  CA  THR C 185     -37.213 -48.922 124.854  1.00 29.00           C
ATOM   4670  C   THR C 185     -38.591 -48.319 125.074  1.00 30.90           C
ATOM   4671  O   THR C 185     -39.048 -47.490 124.284  1.00 37.29           O
ATOM   4672  CB  THR C 185     -36.102 -47.977 125.330  1.00 24.92           C
ATOM   4673  OG1 THR C 185     -35.966 -46.874 124.424  1.00 32.54           O
ATOM   4674  CG2 THR C 185     -34.779 -48.706 125.402  1.00 26.78           C
ATOM   4675  N   VAL C 186     -39.273 -48.800 126.103  1.00 29.32           N
ATOM   4676  CA  VAL C 186     -40.625 -48.377 126.458  1.00 34.69           C
ATOM   4677  C   VAL C 186     -40.698 -48.292 127.970  1.00 36.57           C
ATOM   4678  O   VAL C 186     -39.835 -48.836 128.675  1.00 34.20           O
ATOM   4679  CB  VAL C 186     -41.699 -49.358 125.944  1.00 36.77           C
ATOM   4680  CG1 VAL C 186     -41.645 -49.516 124.421  1.00 27.93           C
ATOM   4681  CG2 VAL C 186     -41.571 -50.715 126.679  1.00 32.35           C
ATOM   4682  N   PRO C 187     -41.717 -47.608 128.499  1.00 38.80           N
```

```
ATOM   4683  CA  PRO C 187     -41.851 -47.521 129.958  1.00 40.40           C
ATOM   4684  C   PRO C 187     -42.128 -48.886 130.574  1.00 43.67           C
ATOM   4685  O   PRO C 187     -42.872 -49.703 130.024  1.00 42.12           O
ATOM   4686  CB  PRO C 187     -43.033 -46.566 130.145  1.00 36.03           C
ATOM   4687  CG  PRO C 187     -43.095 -45.798 128.889  1.00 29.12           C
ATOM   4688  CD  PRO C 187     -42.697 -46.739 127.820  1.00 34.04           C
ATOM   4689  N   SER C 188     -41.501 -49.128 131.728  1.00 47.08           N
ATOM   4690  CA  SER C 188     -41.753 -50.348 132.489  1.00 48.24           C
ATOM   4691  C   SER C 188     -43.244 -50.561 132.733  1.00 47.93           C
ATOM   4692  O   SER C 188     -43.776 -51.660 132.523  1.00 45.02           O
ATOM   4693  CB  SER C 188     -41.011 -50.260 133.813  1.00 50.96           C
ATOM   4694  OG  SER C 188     -39.631 -50.377 133.576  1.00 59.84           O
ATOM   4695  N   SER C 189     -43.941 -49.495 133.134  1.00 46.10           N
ATOM   4696  CA  SER C 189     -45.363 -49.574 133.444  1.00 51.64           C
ATOM   4697  C   SER C 189     -46.222 -50.037 132.263  1.00 51.86           C
ATOM   4698  O   SER C 189     -47.344 -50.512 132.481  1.00 58.15           O
ATOM   4699  CB  SER C 189     -45.834 -48.218 133.976  1.00 51.35           C
ATOM   4700  OG  SER C 189     -45.680 -47.208 133.001  1.00 55.98           O
ATOM   4701  N   SER C 190     -45.740 -49.918 131.022  1.00 51.05           N
ATOM   4702  CA  SER C 190     -46.558 -50.310 129.870  1.00 50.46           C
ATOM   4703  C   SER C 190     -46.527 -51.807 129.570  1.00 49.06           C
ATOM   4704  O   SER C 190     -47.396 -52.279 128.830  1.00 45.72           O
ATOM   4705  CB  SER C 190     -46.113 -49.566 128.610  1.00 40.88           C
ATOM   4706  OG  SER C 190     -44.817 -49.995 128.218  1.00 41.80           O
ATOM   4707  N   LEU C 191     -45.553 -52.559 130.096  1.00 47.92           N
ATOM   4708  CA  LEU C 191     -45.508 -53.993 129.838  1.00 42.80           C
ATOM   4709  C   LEU C 191     -46.706 -54.670 130.475  1.00 48.54           C
ATOM   4710  O   LEU C 191     -47.206 -54.244 131.517  1.00 56.38           O
ATOM   4711  CB  LEU C 191     -44.230 -54.612 130.387  1.00 39.21           C
ATOM   4712  CG  LEU C 191     -42.884 -54.023 129.982  1.00 44.80           C
ATOM   4713  CD1 LEU C 191     -41.792 -54.654 130.804  1.00 34.81           C
ATOM   4714  CD2 LEU C 191     -42.634 -54.240 128.501  1.00 37.00           C
ATOM   4715  N   GLY C 192     -47.170 -55.743 129.856  1.00 48.62           N
ATOM   4716  CA  GLY C 192     -48.335 -56.412 130.386  1.00 56.13           C
ATOM   4717  C   GLY C 192     -49.643 -55.692 130.132  1.00 55.78           C
ATOM   4718  O   GLY C 192     -50.704 -56.327 130.177  1.00 56.01           O
ATOM   4719  N   THR C 193     -49.601 -54.388 129.869  1.00 48.97           N
ATOM   4720  CA  THR C 193     -50.727 -53.607 129.378  1.00 49.79           C
ATOM   4721  C   THR C 193     -50.644 -53.332 127.883  1.00 49.11           C
ATOM   4722  O   THR C 193     -51.669 -53.324 127.197  1.00 53.12           O
ATOM   4723  CB  THR C 193     -50.780 -52.266 130.114  1.00 58.23           C
ATOM   4724  OG1 THR C 193     -50.126 -52.405 131.385  1.00 58.05           O
ATOM   4725  CG2 THR C 193     -52.227 -51.790 130.293  1.00 53.04           C
ATOM   4726  N   GLN C 194     -49.443 -53.103 127.361  1.00 48.44           N
ATOM   4727  CA  GLN C 194     -49.241 -52.741 125.967  1.00 42.09           C
ATOM   4728  C   GLN C 194     -48.676 -53.911 125.177  1.00 37.51           C
ATOM   4729  O   GLN C 194     -47.808 -54.636 125.660  1.00 40.92           O
ATOM   4730  CB  GLN C 194     -48.324 -51.517 125.873  1.00 43.18           C
ATOM   4731  CG  GLN C 194     -48.013 -51.097 124.469  1.00 46.41           C
ATOM   4732  CD  GLN C 194     -49.252 -50.772 123.679  1.00 49.54           C
ATOM   4733  OE1 GLN C 194     -49.610 -51.489 122.735  1.00 42.75           O
ATOM   4734  NE2 GLN C 194     -49.939 -49.707 124.080  1.00 49.73           N
ATOM   4735  N   THR C 195     -49.176 -54.093 123.963  1.00 36.34           N
ATOM   4736  CA  THR C 195     -48.744 -55.181 123.101  1.00 39.27           C
ATOM   4737  C   THR C 195     -47.657 -54.704 122.151  1.00 39.62           C
ATOM   4738  O   THR C 195     -47.782 -53.650 121.523  1.00 38.44           O
ATOM   4739  CB  THR C 195     -49.921 -55.761 122.312  1.00 43.59           C
ATOM   4740  OG1 THR C 195     -50.568 -56.759 123.110  1.00 45.10           O
ATOM   4741  CG2 THR C 195     -49.470 -56.364 120.984  1.00 36.94           C
ATOM   4742  N   TYR C 196     -46.604 -55.500 122.044  1.00 39.64           N
ATOM   4743  CA  TYR C 196     -45.452 -55.182 121.224  1.00 31.97           C
ATOM   4744  C   TYR C 196     -45.224 -56.327 120.252  1.00 32.44           C
ATOM   4745  O   TYR C 196     -44.912 -57.445 120.668  1.00 28.81           O
ATOM   4746  CB  TYR C 196     -44.231 -54.930 122.098  1.00 33.73           C
ATOM   4747  CG  TYR C 196     -44.426 -53.737 123.002  1.00 38.32           C
ATOM   4748  CD1 TYR C 196     -44.552 -52.458 122.474  1.00 33.41           C
ATOM   4749  CD2 TYR C 196     -44.483 -53.884 124.380  1.00 37.95           C
ATOM   4750  CE1 TYR C 196     -44.728 -51.370 123.289  1.00 33.25           C
ATOM   4751  CE2 TYR C 196     -44.660 -52.788 125.201  1.00 36.63           C
ATOM   4752  CZ  TYR C 196     -44.781 -51.541 124.647  1.00 33.58           C
ATOM   4753  OH  TYR C 196     -44.966 -50.453 125.459  1.00 38.73           O
```

```
ATOM   4754  N   ILE C 197     -45.395 -56.038 118.964  1.00 31.69           N
ATOM   4755  CA  ILE C 197     -45.176 -56.988 117.885  1.00 31.54           C
ATOM   4756  C   ILE C 197     -44.163 -56.386 116.919  1.00 33.20           C
ATOM   4757  O   ILE C 197     -44.321 -55.239 116.484  1.00 33.69           O
ATOM   4758  CB  ILE C 197     -46.476 -57.288 117.131  1.00 31.06           C
ATOM   4759  CG1 ILE C 197     -47.516 -57.886 118.042  1.00 33.48           C
ATOM   4760  CG2 ILE C 197     -46.201 -58.193 115.952  1.00 33.02           C
ATOM   4761  CD1 ILE C 197     -48.862 -57.783 117.425  1.00 24.92           C
ATOM   4762  N   CYS C 198     -43.163 -57.165 116.533  1.00 28.72           N
ATOM   4763  CA  CYS C 198     -42.254 -56.721 115.489  1.00 35.10           C
ATOM   4764  C   CYS C 198     -42.613 -57.390 114.159  1.00 33.06           C
ATOM   4765  O   CYS C 198     -42.986 -58.566 114.107  1.00 34.76           O
ATOM   4766  CB  CYS C 198     -40.798 -56.986 115.869  1.00 35.03           C
ATOM   4767  SG  CYS C 198     -40.302 -58.637 115.586  1.00 44.99           S
ATOM   4768  N   ASN C 199     -42.585 -56.609 113.098  1.00 28.45           N
ATOM   4769  CA  ASN C 199     -43.018 -57.057 111.786  1.00 29.27           C
ATOM   4770  C   ASN C 199     -41.775 -57.159 110.921  1.00 28.88           C
ATOM   4771  O   ASN C 199     -41.126 -56.148 110.645  1.00 34.72           O
ATOM   4772  CB  ASN C 199     -44.058 -56.094 111.214  1.00 29.40           C
ATOM   4773  CG  ASN C 199     -45.068 -55.631 112.274  1.00 35.22           C
ATOM   4774  OD1 ASN C 199     -45.044 -54.468 112.719  1.00 33.27           O
ATOM   4775  ND2 ASN C 199     -45.951 -56.546 112.693  1.00 28.65           N
ATOM   4776  N   VAL C 200     -41.435 -58.381 110.521  1.00 26.15           N
ATOM   4777  CA  VAL C 200     -40.230 -58.679 109.758  1.00 28.67           C
ATOM   4778  C   VAL C 200     -40.617 -59.030 108.329  1.00 30.60           C
ATOM   4779  O   VAL C 200     -41.478 -59.890 108.106  1.00 28.53           O
ATOM   4780  CB  VAL C 200     -39.450 -59.841 110.388  1.00 21.99           C
ATOM   4781  CG1 VAL C 200     -38.183 -60.065 109.624  1.00 27.77           C
ATOM   4782  CG2 VAL C 200     -39.182 -59.577 111.849  1.00 26.33           C
ATOM   4783  N   ASN C 201     -39.960 -58.406 107.359  1.00 31.19           N
ATOM   4784  CA  ASN C 201     -40.153 -58.800 105.970  1.00 33.45           C
ATOM   4785  C   ASN C 201     -38.805 -59.085 105.341  1.00 35.94           C
ATOM   4786  O   ASN C 201     -37.952 -58.195 105.238  1.00 38.25           O
ATOM   4787  CB  ASN C 201     -40.899 -57.739 105.160  1.00 34.65           C
ATOM   4788  CG  ASN C 201     -41.430 -58.284 103.832  1.00 38.40           C
ATOM   4789  OD1 ASN C 201     -42.045 -57.555 103.074  1.00 47.99           O
ATOM   4790  ND2 ASN C 201     -41.203 -59.568 103.557  1.00 39.32           N
ATOM   4791  N   HIS C 202     -38.630 -60.310 104.893  1.00 35.27           N
ATOM   4792  CA  HIS C 202     -37.474 -60.692 104.107  1.00 32.39           C
ATOM   4793  C   HIS C 202     -38.047 -60.925 102.719  1.00 34.80           C
ATOM   4794  O   HIS C 202     -38.424 -62.043 102.375  1.00 35.23           O
ATOM   4795  CB  HIS C 202     -36.777 -61.922 104.669  1.00 29.35           C
ATOM   4796  CG  HIS C 202     -35.529 -62.276 103.935  1.00 32.95           C
ATOM   4797  ND1 HIS C 202     -35.318 -63.520 103.385  1.00 37.12           N
ATOM   4798  CD2 HIS C 202     -34.440 -61.537 103.623  1.00 31.23           C
ATOM   4799  CE1 HIS C 202     -34.145 -63.538 102.778  1.00 33.20           C
ATOM   4800  NE2 HIS C 202     -33.593 -62.346 102.905  1.00 32.51           N
ATOM   4801  N   LYS C 203     -38.159 -59.837 101.948  1.00 37.66           N
ATOM   4802  CA  LYS C 203     -38.635 -59.928 100.569  1.00 34.00           C
ATOM   4803  C   LYS C 203     -37.907 -60.983  99.750  1.00 36.61           C
ATOM   4804  O   LYS C 203     -38.585 -61.707  99.002  1.00 36.77           O
ATOM   4805  CB  LYS C 203     -38.464 -58.583  99.854  1.00 31.21           C
ATOM   4806  CG  LYS C 203     -39.438 -57.458 100.162  1.00 39.44           C
ATOM   4807  CD  LYS C 203     -40.808 -57.621  99.534  1.00 41.59           C
ATOM   4808  CE  LYS C 203     -41.815 -56.681 100.199  1.00 47.06           C
ATOM   4809  NZ  LYS C 203     -41.248 -55.297 100.259  1.00 45.84           N1+
ATOM   4810  N   PRO C 204     -36.574 -61.155  99.854  1.00 38.41           N
ATOM   4811  CA  PRO C 204     -35.907 -62.124  98.962  1.00 33.23           C
ATOM   4812  C   PRO C 204     -36.392 -63.552  99.111  1.00 37.59           C
ATOM   4813  O   PRO C 204     -36.358 -64.297  98.129  1.00 44.57           O
ATOM   4814  CB  PRO C 204     -34.425 -61.994  99.342  1.00 28.63           C
ATOM   4815  CG  PRO C 204     -34.306 -60.634  99.898  1.00 32.37           C
ATOM   4816  CD  PRO C 204     -35.587 -60.346 100.603  1.00 28.15           C
ATOM   4817  N   SER C 205     -36.857 -63.964 100.287  1.00 37.25           N
ATOM   4818  CA  SER C 205     -37.381 -65.312 100.469  1.00 37.14           C
ATOM   4819  C   SER C 205     -38.895 -65.320 100.574  1.00 38.83           C
ATOM   4820  O   SER C 205     -39.480 -66.367 100.869  1.00 37.58           O
ATOM   4821  CB  SER C 205     -36.771 -65.963 101.709  1.00 34.91           C
ATOM   4822  OG  SER C 205     -37.253 -65.348 102.893  1.00 33.36           O
ATOM   4823  N   ASN C 206     -39.532 -64.173 100.334  1.00 40.37           N
ATOM   4824  CA  ASN C 206     -40.974 -63.989 100.466  1.00 40.89           C
```

```
ATOM   4825  C   ASN C 206     -41.484 -64.469 101.827  1.00 44.23           C
ATOM   4826  O   ASN C 206     -42.478 -65.192 101.926  1.00 46.80           O
ATOM   4827  CB  ASN C 206     -41.703 -64.684  99.332  1.00 49.25           C
ATOM   4828  CG  ASN C 206     -42.643 -63.766  98.626  1.00 60.95           C
ATOM   4829  OD1 ASN C 206     -42.272 -63.130  97.632  1.00 64.04           O
ATOM   4830  ND2 ASN C 206     -43.871 -63.660  99.141  1.00 62.21           N
ATOM   4831  N   THR C 207     -40.773 -64.069 102.880  1.00 37.63           N
ATOM   4832  CA  THR C 207     -41.070 -64.446 104.256  1.00 33.70           C
ATOM   4833  C   THR C 207     -41.518 -63.223 105.044  1.00 35.76           C
ATOM   4834  O   THR C 207     -40.806 -62.218 105.096  1.00 34.16           O
ATOM   4835  CB  THR C 207     -39.844 -65.055 104.920  1.00 30.61           C
ATOM   4836  OG1 THR C 207     -39.390 -66.163 104.140  1.00 32.93           O
ATOM   4837  CG2 THR C 207     -40.164 -65.490 106.323  1.00 30.98           C
ATOM   4838  N   LYS C 208     -42.686 -63.311 105.663  1.00 35.22           N
ATOM   4839  CA  LYS C 208     -43.154 -62.277 106.565  1.00 31.98           C
ATOM   4840  C   LYS C 208     -43.461 -62.906 107.915  1.00 33.42           C
ATOM   4841  O   LYS C 208     -44.079 -63.966 107.977  1.00 34.80           O
ATOM   4842  CB  LYS C 208     -44.375 -61.587 105.990  1.00 29.96           C
ATOM   4843  CG  LYS C 208     -44.038 -60.590 104.902  1.00 34.70           C
ATOM   4844  CD  LYS C 208     -45.215 -59.721 104.524  1.00 37.48           C
ATOM   4845  CE  LYS C 208     -46.304 -60.544 103.838  1.00 44.32           C
ATOM   4846  NZ  LYS C 208     -47.529 -59.739 103.513  1.00 56.22           N1+
ATOM   4847  N   VAL C 209     -43.064 -62.232 108.994  1.00 29.95           N
ATOM   4848  CA  VAL C 209     -43.234 -62.745 110.348  1.00 29.28           C
ATOM   4849  C   VAL C 209     -43.711 -61.614 111.255  1.00 31.89           C
ATOM   4850  O   VAL C 209     -43.177 -60.501 111.209  1.00 33.86           O
ATOM   4851  CB  VAL C 209     -41.930 -63.382 110.883  1.00 29.99           C
ATOM   4852  CG1 VAL C 209     -42.024 -63.631 112.364  1.00 29.51           C
ATOM   4853  CG2 VAL C 209     -41.659 -64.720 110.193  1.00 28.13           C
ATOM   4854  N   ASP C 210     -44.744 -61.888 112.051  1.00 32.06           N
ATOM   4855  CA  ASP C 210     -45.187 -61.015 113.137  1.00 31.18           C
ATOM   4856  C   ASP C 210     -44.963 -61.720 114.466  1.00 32.54           C
ATOM   4857  O   ASP C 210     -45.627 -62.717 114.749  1.00 37.02           O
ATOM   4858  CB  ASP C 210     -46.667 -60.664 112.988  1.00 32.07           C
ATOM   4859  CG  ASP C 210     -46.950 -59.774 111.779  1.00 38.99           C
ATOM   4860  OD1 ASP C 210     -46.283 -58.727 111.607  1.00 38.00           O
ATOM   4861  OD2 ASP C 210     -47.851 -60.125 110.993  1.00 43.24           O1-
ATOM   4862  N   LYS C 211     -44.090 -61.171 115.307  1.00 28.18           N
ATOM   4863  CA  LYS C 211     -43.714 -61.808 116.561  1.00 27.79           C
ATOM   4864  C   LYS C 211     -44.107 -60.919 117.735  1.00 35.35           C
ATOM   4865  O   LYS C 211     -43.646 -59.778 117.840  1.00 31.15           O
ATOM   4866  CB  LYS C 211     -42.214 -62.112 116.591  1.00 30.51           C
ATOM   4867  CG  LYS C 211     -41.695 -62.682 117.906  1.00 29.62           C
ATOM   4868  CD  LYS C 211     -42.354 -64.008 118.183  1.00 35.84           C
ATOM   4869  CE  LYS C 211     -41.473 -64.913 119.014  1.00 40.39           C
ATOM   4870  NZ  LYS C 211     -41.983 -66.295 118.890  1.00 39.30           N1+
ATOM   4871  N   LYS C 212     -44.971 -61.439 118.608  1.00 33.29           N
ATOM   4872  CA  LYS C 212     -45.256 -60.779 119.867  1.00 29.95           C
ATOM   4873  C   LYS C 212     -44.162 -61.099 120.869  1.00 33.39           C
ATOM   4874  O   LYS C 212     -43.713 -62.248 120.985  1.00 41.06           O
ATOM   4875  CB  LYS C 212     -46.621 -61.213 120.394  1.00 33.65           C
ATOM   4876  CG  LYS C 212     -47.235 -60.285 121.413  1.00 32.68           C
ATOM   4877  CD  LYS C 212     -48.491 -60.893 122.040  1.00 34.32           C
ATOM   4878  CE  LYS C 212     -49.020 -59.999 123.150  1.00 34.90           C
ATOM   4879  NZ  LYS C 212     -50.184 -60.548 123.882  1.00 52.78           N1+
ATOM   4880  N   VAL C 213     -43.742 -60.078 121.602  1.00 29.81           N
ATOM   4881  CA  VAL C 213     -42.705 -60.195 122.612  1.00 28.67           C
ATOM   4882  C   VAL C 213     -43.332 -59.803 123.948  1.00 35.48           C
ATOM   4883  O   VAL C 213     -43.668 -58.634 124.170  1.00 34.53           O
ATOM   4884  CB  VAL C 213     -41.493 -59.313 122.281  1.00 34.29           C
ATOM   4885  CG1 VAL C 213     -40.355 -59.481 123.311  1.00 29.32           C
ATOM   4886  CG2 VAL C 213     -41.022 -59.563 120.861  1.00 28.07           C
ATOM   4887  N   GLU C 214     -43.503 -60.781 124.833  1.00 43.40           N
ATOM   4888  CA  GLU C 214     -44.067 -60.573 126.149  1.00 43.27           C
ATOM   4889  C   GLU C 214     -42.990 -60.735 127.209  1.00 49.50           C
ATOM   4890  O   GLU C 214     -42.011 -61.461 126.997  1.00 50.46           O
ATOM   4891  CB  GLU C 214     -45.206 -61.558 126.434  1.00 48.02           C
ATOM   4892  CG  GLU C 214     -46.365 -61.449 125.439  1.00 53.85           C
ATOM   4893  CD  GLU C 214     -47.489 -62.450 125.686  1.00 57.28           C
ATOM   4894  OE1 GLU C 214     -48.525 -62.026 126.249  1.00 58.32           O
ATOM   4895  OE2 GLU C 214     -47.343 -63.644 125.318  1.00 60.40           O1-
```

```
ATOM   4896  N   PRO C 215     -43.109 -60.039 128.338  1.00 50.15           N
ATOM   4897  CA  PRO C 215     -42.182 -60.293 129.452  1.00 50.10           C
ATOM   4898  C   PRO C 215     -42.336 -61.727 129.928  1.00 54.89           C
ATOM   4899  O   PRO C 215     -43.450 -62.225 130.077  1.00 62.80           O
ATOM   4900  CB  PRO C 215     -42.606 -59.277 130.515  1.00 49.74           C
ATOM   4901  CG  PRO C 215     -43.879 -58.612 129.977  1.00 51.15           C
ATOM   4902  CD  PRO C 215     -43.892 -58.805 128.515  1.00 47.22           C
ATOM   4903  N   LYS C 216     -41.208 -62.402 130.137  1.00 59.54           N
ATOM   4904  CA  LYS C 216     -41.205 -63.833 130.410  1.00 68.05           C
ATOM   4905  C   LYS C 216     -40.699 -64.127 131.820  1.00 79.82           C
ATOM   4906  O   LYS C 216     -39.755 -63.482 132.304  1.00 68.19           O
ATOM   4907  CB  LYS C 216     -40.371 -64.581 129.359  1.00 67.81           C
ATOM   4908  CG  LYS C 216     -40.384 -66.093 129.519  1.00 71.95           C
ATOM   4909  CD  LYS C 216     -39.957 -66.793 128.233  1.00 73.44           C
ATOM   4910  CE  LYS C 216     -40.151 -68.301 128.345  1.00 66.41           C
ATOM   4911  NZ  LYS C 216     -40.055 -68.966 127.016  1.00 77.32           N1+
ATOM   4912  N   SER C 217     -41.360 -65.090 132.479  1.00 86.12           N
ATOM   4913  CA  SER C 217     -41.015 -65.548 133.838  1.00 92.36           C
ATOM   4914  C   SER C 217     -40.297 -66.901 133.836  1.00 83.50           C
ATOM   4915  O   SER C 217     -40.341 -67.644 132.851  1.00 85.79           O
ATOM   4916  CB  SER C 217     -42.273 -65.660 134.707  1.00 84.83           C
ATOM   4917  OG  SER C 217     -43.144 -66.656 134.191  1.00 75.85           O
TER
ATOM   4918  N   GLU D   1      -2.709 -44.362  88.539  1.00 46.38           N
ATOM   4919  CA  GLU D   1      -3.927 -43.604  88.796  1.00 40.18           C
ATOM   4920  C   GLU D   1      -3.692 -42.543  89.882  1.00 40.43           C
ATOM   4921  O   GLU D   1      -2.818 -42.704  90.730  1.00 41.89           O
ATOM   4922  CB  GLU D   1      -5.056 -44.548  89.205  1.00 33.14           C
ATOM   4923  CG  GLU D   1      -5.071 -44.860  90.693  1.00 34.96           C
ATOM   4924  CD  GLU D   1      -6.026 -45.981  91.081  1.00 47.71           C
ATOM   4925  OE1 GLU D   1      -6.745 -46.523  90.207  1.00 56.37           O
ATOM   4926  OE2 GLU D   1      -6.060 -46.324  92.281  1.00 57.65           O1-
ATOM   4927  N   ILE D   2      -4.482 -41.470  89.840  1.00 35.77           N
ATOM   4928  CA  ILE D   2      -4.431 -40.417  90.844  1.00 30.01           C
ATOM   4929  C   ILE D   2      -5.055 -40.916  92.141  1.00 34.99           C
ATOM   4930  O   ILE D   2      -6.246 -41.247  92.184  1.00 35.20           O
ATOM   4931  CB  ILE D   2      -5.147 -39.166  90.336  1.00 32.58           C
ATOM   4932  CG1 ILE D   2      -4.425 -38.645  89.088  1.00 29.66           C
ATOM   4933  CG2 ILE D   2      -5.297 -38.133  91.458  1.00 29.46           C
ATOM   4934  CD1 ILE D   2      -5.026 -37.400  88.488  1.00 28.66           C
ATOM   4935  N   VAL D   3      -4.263 -40.933  93.219  1.00 34.76           N
ATOM   4936  CA  VAL D   3      -4.726 -41.369  94.533  1.00 30.38           C
ATOM   4937  C   VAL D   3      -5.153 -40.143  95.325  1.00 31.44           C
ATOM   4938  O   VAL D   3      -4.409 -39.155  95.403  1.00 31.03           O
ATOM   4939  CB  VAL D   3      -3.641 -42.166  95.278  1.00 29.88           C
ATOM   4940  CG1 VAL D   3      -4.089 -42.450  96.695  1.00 25.14           C
ATOM   4941  CG2 VAL D   3      -3.355 -43.479  94.565  1.00 22.24           C
ATOM   4942  N   LEU D   4      -6.379 -40.174  95.851  1.00 30.04           N
ATOM   4943  CA  LEU D   4      -6.942 -39.055  96.604  1.00 28.75           C
ATOM   4944  C   LEU D   4      -7.087 -39.490  98.050  1.00 29.11           C
ATOM   4945  O   LEU D   4      -7.809 -40.450  98.337  1.00 37.17           O
ATOM   4946  CB  LEU D   4      -8.303 -38.607  96.057  1.00 27.56           C
ATOM   4947  CG  LEU D   4      -8.478 -38.095  94.619  1.00 27.56           C
ATOM   4948  CD1 LEU D   4      -9.887 -37.577  94.388  1.00 23.55           C
ATOM   4949  CD2 LEU D   4      -7.477 -37.038  94.270  1.00 27.03           C
ATOM   4950  N   THR D   5      -6.414 -38.795  98.956  1.00 27.89           N
ATOM   4951  CA  THR D   5      -6.535 -39.071 100.382  1.00 27.95           C
ATOM   4952  C   THR D   5      -7.291 -37.915 101.020  1.00 27.80           C
ATOM   4953  O   THR D   5      -6.899 -36.752 100.880  1.00 29.84           O
ATOM   4954  CB  THR D   5      -5.180 -39.257 101.067  1.00 25.13           C
ATOM   4955  OG1 THR D   5      -4.610 -37.975 101.281  1.00 44.55           O
ATOM   4956  CG2 THR D   5      -4.229 -40.091 100.229  1.00 22.72           C
ATOM   4957  N   GLN D   6      -8.379 -38.229 101.693  1.00 26.25           N
ATOM   4958  CA  GLN D   6      -9.154 -37.231 102.401  1.00 29.68           C
ATOM   4959  C   GLN D   6      -8.770 -37.227 103.870  1.00 29.42           C
ATOM   4960  O   GLN D   6      -8.596 -38.287 104.475  1.00 30.59           O
ATOM   4961  CB  GLN D   6     -10.645 -37.515 102.260  1.00 28.59           C
ATOM   4962  CG  GLN D   6     -11.199 -37.068 100.946  1.00 26.38           C
ATOM   4963  CD  GLN D   6     -12.674 -37.347 100.825  1.00 28.44           C
ATOM   4964  OE1 GLN D   6     -13.063 -38.310 100.182  1.00 30.52           O
ATOM   4965  NE2 GLN D   6     -13.507 -36.497 101.430  1.00 23.50           N
```

```
ATOM   4966  N   SER D   7      -8.646 -36.032 104.442  1.00 32.95           N
ATOM   4967  CA  SER D   7      -8.474 -35.923 105.893  1.00 34.15           C
ATOM   4968  C   SER D   7      -9.305 -34.779 106.507  1.00 36.23           C
ATOM   4969  O   SER D   7      -9.692 -33.818 105.822  1.00 34.31           O
ATOM   4970  CB  SER D   7      -7.007 -35.732 106.234  1.00 32.05           C
ATOM   4971  OG  SER D   7      -6.622 -34.406 105.965  1.00 36.70           O
ATOM   4972  N   PRO D   8      -9.657 -34.917 107.791  1.00 35.26           N
ATOM   4973  CA  PRO D   8      -9.493 -36.114 108.627  1.00 31.68           C
ATOM   4974  C   PRO D   8     -10.479 -37.209 108.218  1.00 35.24           C
ATOM   4975  O   PRO D   8     -11.338 -36.963 107.380  1.00 34.44           O
ATOM   4976  CB  PRO D   8      -9.812 -35.599 110.022  1.00 31.95           C
ATOM   4977  CG  PRO D   8     -10.849 -34.538 109.772  1.00 33.10           C
ATOM   4978  CD  PRO D   8     -10.446 -33.874 108.471  1.00 32.84           C
ATOM   4979  N   GLY D   9     -10.345 -38.409 108.776  1.00 36.77           N
ATOM   4980  CA  GLY D   9     -11.322 -39.448 108.496  1.00 26.26           C
ATOM   4981  C   GLY D   9     -12.671 -39.170 109.129  1.00 26.81           C
ATOM   4982  O   GLY D   9     -13.706 -39.472 108.541  1.00 29.93           O
ATOM   4983  N   THR D  10     -12.681 -38.619 110.349  1.00 29.94           N
ATOM   4984  CA  THR D  10     -13.909 -38.207 111.025  1.00 29.91           C
ATOM   4985  C   THR D  10     -13.748 -36.800 111.602  1.00 35.08           C
ATOM   4986  O   THR D  10     -12.672 -36.421 112.072  1.00 37.12           O
ATOM   4987  CB  THR D  10     -14.324 -39.175 112.138  1.00 28.55           C
ATOM   4988  OG1 THR D  10     -14.423 -40.503 111.612  1.00 29.83           O
ATOM   4989  CG2 THR D  10     -15.682 -38.775 112.712  1.00 26.70           C
ATOM   4990  N   LEU D  11     -14.823 -36.022 111.527  1.00 33.72           N
ATOM   4991  CA  LEU D  11     -14.874 -34.646 111.997  1.00 30.12           C
ATOM   4992  C   LEU D  11     -16.092 -34.516 112.895  1.00 32.24           C
ATOM   4993  O   LEU D  11     -17.220 -34.659 112.407  1.00 35.42           O
ATOM   4994  CB  LEU D  11     -15.010 -33.702 110.811  1.00 31.05           C
ATOM   4995  CG  LEU D  11     -14.043 -32.578 110.566  1.00 35.03           C
ATOM   4996  CD1 LEU D  11     -14.736 -31.626 109.611  1.00 32.51           C
ATOM   4997  CD2 LEU D  11     -13.741 -31.926 111.890  1.00 32.63           C
ATOM   4998  N   SER D  12     -15.880 -34.220 114.183  1.00 27.22           N
ATOM   4999  CA  SER D  12     -16.969 -34.041 115.149  1.00 31.54           C
ATOM   5000  C   SER D  12     -17.136 -32.563 115.466  1.00 26.28           C
ATOM   5001  O   SER D  12     -16.200 -31.925 115.940  1.00 31.22           O
ATOM   5002  CB  SER D  12     -16.711 -34.815 116.443  1.00 30.19           C
ATOM   5003  OG  SER D  12     -16.413 -36.172 116.169  1.00 30.39           O
ATOM   5004  N   LEU D  13     -18.320 -32.023 115.209  1.00 28.43           N
ATOM   5005  CA  LEU D  13     -18.535 -30.588 115.335  1.00 32.40           C
ATOM   5006  C   LEU D  13     -19.965 -30.311 115.779  1.00 32.08           C
ATOM   5007  O   LEU D  13     -20.889 -31.062 115.463  1.00 33.15           O
ATOM   5008  CB  LEU D  13     -18.229 -29.860 114.013  1.00 29.60           C
ATOM   5009  CG  LEU D  13     -16.792 -29.909 113.449  1.00 31.08           C
ATOM   5010  CD1 LEU D  13     -16.740 -29.357 112.045  1.00 34.57           C
ATOM   5011  CD2 LEU D  13     -15.818 -29.128 114.313  1.00 19.13           C
ATOM   5012  N   SER D  14     -20.148 -29.201 116.468  1.00 33.43           N
ATOM   5013  CA  SER D  14     -21.515 -28.841 116.784  1.00 34.69           C
ATOM   5014  C   SER D  14     -22.184 -28.181 115.589  1.00 30.63           C
ATOM   5015  O   SER D  14     -21.528 -27.507 114.789  1.00 26.53           O
ATOM   5016  CB  SER D  14     -21.563 -27.869 117.963  1.00 40.13           C
ATOM   5017  OG  SER D  14     -21.315 -28.526 119.189  1.00 49.17           O
ATOM   5018  N   PRO D  15     -23.496 -28.324 115.471  1.00 30.71           N
ATOM   5019  CA  PRO D  15     -24.231 -27.513 114.495  1.00 30.71           C
ATOM   5020  C   PRO D  15     -23.981 -26.030 114.753  1.00 33.52           C
ATOM   5021  O   PRO D  15     -23.778 -25.598 115.892  1.00 30.44           O
ATOM   5022  CB  PRO D  15     -25.694 -27.907 114.732  1.00 29.82           C
ATOM   5023  CG  PRO D  15     -25.633 -29.250 115.357  1.00 27.19           C
ATOM   5024  CD  PRO D  15     -24.368 -29.263 116.188  1.00 28.99           C
ATOM   5025  N   GLY D  16     -23.917 -25.264 113.673  1.00 34.76           N
ATOM   5026  CA  GLY D  16     -23.561 -23.872 113.725  1.00 30.06           C
ATOM   5027  C   GLY D  16     -22.093 -23.615 113.489  1.00 32.57           C
ATOM   5028  O   GLY D  16     -21.728 -22.532 113.024  1.00 34.09           O
ATOM   5029  N   GLU D  17     -21.243 -24.599 113.748  1.00 30.04           N
ATOM   5030  CA  GLU D  17     -19.828 -24.365 113.578  1.00 29.50           C
ATOM   5031  C   GLU D  17     -19.442 -24.466 112.111  1.00 33.26           C
ATOM   5032  O   GLU D  17     -20.236 -24.848 111.242  1.00 28.54           O
ATOM   5033  CB  GLU D  17     -18.997 -25.365 114.370  1.00 30.61           C
ATOM   5034  CG  GLU D  17     -18.967 -25.187 115.863  1.00 38.28           C
ATOM   5035  CD  GLU D  17     -17.955 -26.152 116.491  1.00 47.48           C
ATOM   5036  OE1 GLU D  17     -16.740 -25.933 116.281  1.00 51.97           O
```

```
ATOM   5037  OE2 GLU D  17     -18.365 -27.154 117.143  1.00 47.45           O1-
ATOM   5038  N   ARG D  18     -18.183 -24.132 111.861  1.00 33.39           N
ATOM   5039  CA  ARG D  18     -17.585 -24.128 110.544  1.00 30.46           C
ATOM   5040  C   ARG D  18     -16.823 -25.439 110.354  1.00 35.01           C
ATOM   5041  O   ARG D  18     -16.148 -25.911 111.273  1.00 36.75           O
ATOM   5042  CB  ARG D  18     -16.673 -22.903 110.427  1.00 30.90           C
ATOM   5043  CG  ARG D  18     -15.935 -22.722 109.136  1.00 33.87           C
ATOM   5044  CD  ARG D  18     -14.967 -21.575 109.278  1.00 28.90           C
ATOM   5045  NE  ARG D  18     -14.168 -21.350 108.073  1.00 42.50           N
ATOM   5046  CZ  ARG D  18     -14.603 -20.689 106.995  1.00 46.47           C
ATOM   5047  NH1 ARG D  18     -15.851 -20.199 106.968  1.00 39.59           N1+
ATOM   5048  NH2 ARG D  18     -13.799 -20.529 105.939  1.00 36.96           N
ATOM   5049  N   ALA D  19     -16.955 -26.046 109.172  1.00 33.54           N
ATOM   5050  CA  ALA D  19     -16.302 -27.317 108.864  1.00 31.96           C
ATOM   5051  C   ALA D  19     -15.394 -27.131 107.661  1.00 27.02           C
ATOM   5052  O   ALA D  19     -15.760 -26.443 106.707  1.00 28.38           O
ATOM   5053  CB  ALA D  19     -17.319 -28.428 108.564  1.00 30.29           C
ATOM   5054  N   THR D  20     -14.203 -27.715 107.720  1.00 24.79           N
ATOM   5055  CA  THR D  20     -13.250 -27.647 106.619  1.00 25.95           C
ATOM   5056  C   THR D  20     -12.657 -29.031 106.370  1.00 28.87           C
ATOM   5057  O   THR D  20     -12.056 -29.619 107.272  1.00 27.37           O
ATOM   5058  CB  THR D  20     -12.160 -26.618 106.920  1.00 33.57           C
ATOM   5059  OG1 THR D  20     -12.678 -25.302 106.669  1.00 35.59           O
ATOM   5060  CG2 THR D  20     -10.942 -26.842 106.026  1.00 35.30           C
ATOM   5061  N   LEU D  21     -12.845 -29.553 105.153  1.00 27.92           N
ATOM   5062  CA  LEU D  21     -12.408 -30.885 104.753  1.00 21.26           C
ATOM   5063  C   LEU D  21     -11.291 -30.788 103.721  1.00 27.12           C
ATOM   5064  O   LEU D  21     -11.276 -29.891 102.879  1.00 25.65           O
ATOM   5065  CB  LEU D  21     -13.567 -31.688 104.171  1.00 24.71           C
ATOM   5066  CG  LEU D  21     -14.800 -31.873 105.044  1.00 24.88           C
ATOM   5067  CD1 LEU D  21     -15.745 -32.804 104.393  1.00 25.75           C
ATOM   5068  CD2 LEU D  21     -14.358 -32.453 106.324  1.00 36.95           C
ATOM   5069  N   SER D  22     -10.364 -31.732 103.777  1.00 25.30           N
ATOM   5070  CA  SER D  22      -9.207 -31.718 102.906  1.00 29.86           C
ATOM   5071  C   SER D  22      -9.228 -32.907 101.960  1.00 31.55           C
ATOM   5072  O   SER D  22      -9.637 -34.010 102.338  1.00 32.22           O
ATOM   5073  CB  SER D  22      -7.908 -31.743 103.711  1.00 29.48           C
ATOM   5074  OG  SER D  22      -7.484 -30.430 103.983  1.00 48.01           O
ATOM   5075  N   CYS D  23      -8.748 -32.668 100.743  1.00 23.08           N
ATOM   5076  CA  CYS D  23      -8.493 -33.696  99.746  1.00 29.55           C
ATOM   5077  C   CYS D  23      -7.132 -33.425  99.133  1.00 28.60           C
ATOM   5078  O   CYS D  23      -6.927 -32.375  98.510  1.00 28.22           O
ATOM   5079  CB  CYS D  23      -9.577 -33.692  98.661  1.00 32.45           C
ATOM   5080  SG  CYS D  23      -9.448 -34.937  97.349  1.00 34.53           S
ATOM   5081  N   ARG D  24      -6.215 -34.370  99.282  1.00 27.16           N
ATOM   5082  CA  ARG D  24      -4.896 -34.261  98.682  1.00 30.26           C
ATOM   5083  C   ARG D  24      -4.755 -35.243  97.517  1.00 29.93           C
ATOM   5084  O   ARG D  24      -5.021 -36.442  97.663  1.00 32.04           O
ATOM   5085  CB  ARG D  24      -3.830 -34.452  99.759  1.00 30.70           C
ATOM   5086  CG  ARG D  24      -3.797 -33.212 100.656  1.00 40.46           C
ATOM   5087  CD  ARG D  24      -3.107 -33.392 101.998  1.00 47.57           C
ATOM   5088  NE  ARG D  24      -2.760 -32.094 102.596  1.00 64.41           N
ATOM   5089  CZ  ARG D  24      -3.482 -31.436 103.512  1.00 65.33           C
ATOM   5090  NH1 ARG D  24      -4.626 -31.944 103.967  1.00 59.49           N1+
ATOM   5091  NH2 ARG D  24      -3.054 -30.259 103.979  1.00 59.83           N
ATOM   5092  N   ALA D  25      -4.379 -34.715  96.351  1.00 25.59           N
ATOM   5093  CA  ALA D  25      -4.224 -35.487  95.126  1.00 27.28           C
ATOM   5094  C   ALA D  25      -2.745 -35.776  94.882  1.00 29.22           C
ATOM   5095  O   ALA D  25      -1.914 -34.868  94.943  1.00 32.95           O
ATOM   5096  CB  ALA D  25      -4.810 -34.736  93.927  1.00 21.36           C
ATOM   5097  N   SER D  26      -2.428 -37.029  94.593  1.00 26.23           N
ATOM   5098  CA  SER D  26      -1.100 -37.425  94.171  1.00 26.45           C
ATOM   5099  C   SER D  26      -1.179 -38.425  93.014  1.00 36.59           C
ATOM   5100  O   SER D  26      -1.636 -39.568  93.195  1.00 38.09           O
ATOM   5101  CB  SER D  26      -0.330 -38.048  95.323  1.00 31.96           C
ATOM   5102  OG  SER D  26       0.947 -38.468  94.888  1.00 40.33           O
ATOM   5103  N   PRO D  27      -0.729 -38.019  91.817  1.00 33.93           N
ATOM   5104  CA  PRO D  27      -0.176 -36.725  91.413  1.00 32.59           C
ATOM   5105  C   PRO D  27      -1.180 -35.587  91.464  1.00 31.97           C
ATOM   5106  O   PRO D  27      -2.361 -35.800  91.744  1.00 29.04           O
ATOM   5107  CB  PRO D  27       0.255 -36.957  89.967  1.00 25.77           C
```

```
ATOM   5108  CG  PRO D  27       0.295 -38.395  89.799  1.00 30.50           C
ATOM   5109  CD  PRO D  27      -0.695 -38.986  90.712  1.00 33.60           C
ATOM   5110  N   SER D  28      -0.691 -34.384  91.176  1.00 29.51           N
ATOM   5111  CA  SER D  28      -1.531 -33.204  91.247  1.00 33.06           C
ATOM   5112  C   SER D  28      -2.689 -33.306  90.258  1.00 31.21           C
ATOM   5113  O   SER D  28      -2.658 -34.064  89.292  1.00 32.08           O
ATOM   5114  CB  SER D  28      -0.708 -31.948  90.968  1.00 30.39           C
ATOM   5115  OG  SER D  28       0.122 -31.650  92.075  1.00 39.06           O
ATOM   5116  N   VAL D  29      -3.741 -32.552  90.537  1.00 31.26           N
ATOM   5117  CA  VAL D  29      -4.834 -32.398  89.589  1.00 31.02           C
ATOM   5118  C   VAL D  29      -4.828 -30.937  89.154  1.00 30.74           C
ATOM   5119  O   VAL D  29      -5.671 -30.137  89.581  1.00 32.15           O
ATOM   5120  CB  VAL D  29      -6.180 -32.849  90.199  1.00 28.79           C
ATOM   5121  CG1 VAL D  29      -7.331 -32.660  89.220  1.00 29.57           C
ATOM   5122  CG2 VAL D  29      -6.092 -34.296  90.584  1.00 28.20           C
ATOM   5123  N   ASN D  30      -3.867 -30.579  88.300  1.00 29.06           N
ATOM   5124  CA  ASN D  30      -3.706 -29.191  87.881  1.00 27.78           C
ATOM   5125  C   ASN D  30      -4.829 -28.695  86.974  1.00 28.98           C
ATOM   5126  O   ASN D  30      -4.903 -27.494  86.715  1.00 34.22           O
ATOM   5127  CB  ASN D  30      -2.371 -29.012  87.165  1.00 25.95           C
ATOM   5128  CG  ASN D  30      -1.177 -29.247  88.072  1.00 29.67           C
ATOM   5129  OD1 ASN D  30      -1.142 -28.823  89.232  1.00 38.01           O
ATOM   5130  ND2 ASN D  30      -0.188 -29.923  87.546  1.00 31.76           N
ATOM   5131  N   SER D  31      -5.715 -29.565  86.496  1.00 32.77           N
ATOM   5132  CA  SER D  31      -6.854 -29.076  85.733  1.00 29.44           C
ATOM   5133  C   SER D  31      -7.919 -28.456  86.623  1.00 29.07           C
ATOM   5134  O   SER D  31      -8.807 -27.763  86.115  1.00 30.00           O
ATOM   5135  CB  SER D  31      -7.480 -30.207  84.911  1.00 30.70           C
ATOM   5136  OG  SER D  31      -7.863 -31.300  85.728  1.00 28.68           O
ATOM   5137  N   GLY D  32      -7.865 -28.708  87.928  1.00 26.73           N
ATOM   5138  CA  GLY D  32      -8.956 -28.326  88.788  1.00 24.35           C
ATOM   5139  C   GLY D  32     -10.205 -29.141  88.582  1.00 28.63           C
ATOM   5140  O   GLY D  32     -11.275 -28.720  89.003  1.00 23.12           O
ATOM   5141  N   TYR D  33     -10.109 -30.294  87.917  1.00 28.39           N
ATOM   5142  CA  TYR D  33     -11.280 -31.144  87.695  1.00 27.10           C
ATOM   5143  C   TYR D  33     -11.513 -31.989  88.947  1.00 25.88           C
ATOM   5144  O   TYR D  33     -11.254 -33.194  88.991  1.00 26.06           O
ATOM   5145  CB  TYR D  33     -11.095 -32.028  86.468  1.00 27.24           C
ATOM   5146  CG  TYR D  33     -11.026 -31.318  85.121  1.00 30.30           C
ATOM   5147  CD1 TYR D  33     -11.355 -29.972  84.977  1.00 24.29           C
ATOM   5148  CD2 TYR D  33     -10.625 -32.014  83.988  1.00 29.73           C
ATOM   5149  CE1 TYR D  33     -11.272 -29.351  83.739  1.00 29.00           C
ATOM   5150  CE2 TYR D  33     -10.535 -31.403  82.757  1.00 27.95           C
ATOM   5151  CZ  TYR D  33     -10.851 -30.083  82.626  1.00 29.77           C
ATOM   5152  OH  TYR D  33     -10.753 -29.528  81.366  1.00 27.33           O
ATOM   5153  N   LEU D  34     -11.990 -31.331  89.993  1.00 24.59           N
ATOM   5154  CA  LEU D  34     -12.197 -32.008  91.264  1.00 22.23           C
ATOM   5155  C   LEU D  34     -13.626 -31.783  91.730  1.00 22.58           C
ATOM   5156  O   LEU D  34     -14.082 -30.644  91.811  1.00 30.13           O
ATOM   5157  CB  LEU D  34     -11.211 -31.517  92.326  1.00 22.34           C
ATOM   5158  CG  LEU D  34     -11.174 -32.540  93.472  1.00 25.73           C
ATOM   5159  CD1 LEU D  34      -9.862 -33.273  93.510  1.00 24.20           C
ATOM   5160  CD2 LEU D  34     -11.517 -31.936  94.803  1.00 22.15           C
ATOM   5161  N   ALA D  35     -14.331 -32.856  92.019  1.00 19.87           N
ATOM   5162  CA  ALA D  35     -15.711 -32.778  92.454  1.00 21.92           C
ATOM   5163  C   ALA D  35     -15.824 -33.191  93.917  1.00 23.07           C
ATOM   5164  O   ALA D  35     -14.962 -33.884  94.461  1.00 19.99           O
ATOM   5165  CB  ALA D  35     -16.614 -33.657  91.593  1.00 18.13           C
ATOM   5166  N   TRP D  36     -16.908 -32.743  94.544  1.00 22.34           N
ATOM   5167  CA  TRP D  36     -17.251 -33.112  95.911  1.00 25.99           C
ATOM   5168  C   TRP D  36     -18.673 -33.656  95.941  1.00 24.08           C
ATOM   5169  O   TRP D  36     -19.573 -33.115  95.291  1.00 23.80           O
ATOM   5170  CB  TRP D  36     -17.138 -31.920  96.890  1.00 24.75           C
ATOM   5171  CG  TRP D  36     -15.751 -31.504  97.216  1.00 23.08           C
ATOM   5172  CD1 TRP D  36     -15.013 -30.555  96.564  1.00 27.42           C
ATOM   5173  CD2 TRP D  36     -14.917 -32.009  98.268  1.00 23.07           C
ATOM   5174  NE1 TRP D  36     -13.774 -30.439  97.142  1.00 26.35           N
ATOM   5175  CE2 TRP D  36     -13.685 -31.316  98.193  1.00 26.49           C
ATOM   5176  CE3 TRP D  36     -15.096 -32.959  99.275  1.00 23.59           C
ATOM   5177  CZ2 TRP D  36     -12.630 -31.546  99.092  1.00 24.68           C
ATOM   5178  CZ3 TRP D  36     -14.049 -33.189 100.167  1.00 27.30           C
```

```
ATOM   5179  CH2 TRP D  36     -12.829 -32.484 100.064  1.00 27.81           C
ATOM   5180  N   TYR D  37     -18.861 -34.737  96.689  1.00 22.56           N
ATOM   5181  CA  TYR D  37     -20.166 -35.347  96.873  1.00 23.04           C
ATOM   5182  C   TYR D  37     -20.507 -35.457  98.354  1.00 24.32           C
ATOM   5183  O   TYR D  37     -19.638 -35.621  99.213  1.00 21.76           O
ATOM   5184  CB  TYR D  37     -20.222 -36.732  96.232  1.00 22.03           C
ATOM   5185  CG  TYR D  37     -19.937 -36.707  94.768  1.00 22.72           C
ATOM   5186  CD1 TYR D  37     -18.634 -36.802  94.302  1.00 19.01           C
ATOM   5187  CD2 TYR D  37     -20.965 -36.569  93.840  1.00 22.13           C
ATOM   5188  CE1 TYR D  37     -18.355 -36.772  92.962  1.00 20.66           C
ATOM   5189  CE2 TYR D  37     -20.690 -36.541  92.487  1.00 21.78           C
ATOM   5190  CZ  TYR D  37     -19.378 -36.642  92.056  1.00 23.03           C
ATOM   5191  OH  TYR D  37     -19.071 -36.606  90.716  1.00 26.68           O
ATOM   5192  N   GLN D  38     -21.790 -35.368  98.640  1.00 24.80           N
ATOM   5193  CA  GLN D  38     -22.316 -35.653  99.956  1.00 24.70           C
ATOM   5194  C   GLN D  38     -23.084 -36.960  99.888  1.00 25.31           C
ATOM   5195  O   GLN D  38     -23.766 -37.233  98.901  1.00 29.60           O
ATOM   5196  CB  GLN D  38     -23.231 -34.524 100.429  1.00 26.48           C
ATOM   5197  CG  GLN D  38     -23.861 -34.780 101.757  1.00 29.22           C
ATOM   5198  CD  GLN D  38     -24.925 -33.785 102.068  1.00 32.98           C
ATOM   5199  OE1 GLN D  38     -26.040 -33.894 101.560  1.00 39.02           O
ATOM   5200  NE2 GLN D  38     -24.591 -32.780 102.888  1.00 28.25           N
ATOM   5201  N   GLN D  39     -22.956 -37.781 100.916  1.00 22.53           N
ATOM   5202  CA  GLN D  39     -23.703 -39.024 100.962  1.00 27.58           C
ATOM   5203  C   GLN D  39     -24.189 -39.277 102.379  1.00 28.58           C
ATOM   5204  O   GLN D  39     -23.379 -39.372 103.304  1.00 23.07           O
ATOM   5205  CB  GLN D  39     -22.875 -40.207 100.468  1.00 26.29           C
ATOM   5206  CG  GLN D  39     -23.719 -41.455 100.412  1.00 24.76           C
ATOM   5207  CD  GLN D  39     -23.000 -42.610  99.847  1.00 27.83           C
ATOM   5208  OE1 GLN D  39     -21.818 -42.804 100.103  1.00 28.43           O
ATOM   5209  NE2 GLN D  39     -23.697 -43.390  99.042  1.00 31.88           N
ATOM   5210  N   LYS D  40     -25.520 -39.390 102.538  1.00 28.80           N
ATOM   5211  CA  LYS D  40     -26.175 -39.790 103.771  1.00 29.70           C
ATOM   5212  C   LYS D  40     -26.436 -41.289 103.763  1.00 34.10           C
ATOM   5213  O   LYS D  40     -26.510 -41.910 102.691  1.00 30.33           O
ATOM   5214  CB  LYS D  40     -27.478 -39.021 103.946  1.00 31.38           C
ATOM   5215  CG  LYS D  40     -27.272 -37.656 104.529  1.00 32.07           C
ATOM   5216  CD  LYS D  40     -28.432 -36.768 104.221  1.00 42.17           C
ATOM   5217  CE  LYS D  40     -28.195 -35.363 104.744  1.00 44.38           C
ATOM   5218  NZ  LYS D  40     -28.086 -35.382 106.237  1.00 45.69           N1+
ATOM   5219  N   PRO D  41     -26.551 -41.899 104.951  1.00 33.47           N
ATOM   5220  CA  PRO D  41     -26.573 -43.373 105.051  1.00 33.11           C
ATOM   5221  C   PRO D  41     -27.702 -44.029 104.267  1.00 30.28           C
ATOM   5222  O   PRO D  41     -28.872 -43.660 104.394  1.00 32.79           O
ATOM   5223  CB  PRO D  41     -26.726 -43.612 106.558  1.00 34.12           C
ATOM   5224  CG  PRO D  41     -26.096 -42.407 107.186  1.00 25.92           C
ATOM   5225  CD  PRO D  41     -26.471 -41.265 106.280  1.00 26.33           C
ATOM   5226  N   GLY D  42     -27.342 -45.026 103.460  1.00 29.14           N
ATOM   5227  CA  GLY D  42     -28.337 -45.688 102.630  1.00 29.58           C
ATOM   5228  C   GLY D  42     -28.914 -44.852 101.497  1.00 36.52           C
ATOM   5229  O   GLY D  42     -29.956 -45.213 100.952  1.00 36.30           O
ATOM   5230  N   GLN D  43     -28.242 -43.771 101.092  1.00 32.91           N
ATOM   5231  CA  GLN D  43     -28.685 -42.898 100.016  1.00 27.04           C
ATOM   5232  C   GLN D  43     -27.619 -42.825  98.930  1.00 27.93           C
ATOM   5233  O   GLN D  43     -26.452 -43.162  99.153  1.00 27.99           O
ATOM   5234  CB  GLN D  43     -28.952 -41.481 100.523  1.00 30.13           C
ATOM   5235  CG  GLN D  43     -29.659 -41.422 101.838  1.00 33.40           C
ATOM   5236  CD  GLN D  43     -31.073 -41.941 101.754  1.00 45.27           C
ATOM   5237  OE1 GLN D  43     -31.760 -41.731 100.750  1.00 42.82           O
ATOM   5238  NE2 GLN D  43     -31.511 -42.665 102.800  1.00 44.71           N
ATOM   5239  N   THR D  44     -28.032 -42.367  97.742  1.00 25.68           N
ATOM   5240  CA  THR D  44     -27.045 -42.187  96.692  1.00 30.33           C
ATOM   5241  C   THR D  44     -26.306 -40.848  96.866  1.00 30.71           C
ATOM   5242  O   THR D  44     -26.834 -39.904  97.464  1.00 26.05           O
ATOM   5243  CB  THR D  44     -27.702 -42.278  95.303  1.00 28.63           C
ATOM   5244  OG1 THR D  44     -28.240 -41.013  94.924  1.00 32.11           O
ATOM   5245  CG2 THR D  44     -28.834 -43.319  95.292  1.00 29.12           C
ATOM   5246  N   PRO D  45     -25.070 -40.756  96.375  1.00 25.93           N
ATOM   5247  CA  PRO D  45     -24.312 -39.512  96.515  1.00 25.74           C
ATOM   5248  C   PRO D  45     -24.977 -38.343  95.801  1.00 24.98           C
ATOM   5249  O   PRO D  45     -25.616 -38.493  94.761  1.00 23.19           O
```

```
ATOM   5250  CB  PRO D  45     -22.962 -39.857  95.878  1.00 28.44           C
ATOM   5251  CG  PRO D  45     -22.886 -41.342  95.963  1.00 23.47           C
ATOM   5252  CD  PRO D  45     -24.265 -41.820  95.764  1.00 23.77           C
ATOM   5253  N   ARG D  46     -24.812 -37.163  96.382  1.00 28.06           N
ATOM   5254  CA  ARG D  46     -25.306 -35.910  95.824  1.00 26.21           C
ATOM   5255  C   ARG D  46     -24.120 -35.028  95.449  1.00 27.60           C
ATOM   5256  O   ARG D  46     -23.212 -34.814  96.265  1.00 24.95           O
ATOM   5257  CB  ARG D  46     -26.203 -35.199  96.836  1.00 28.93           C
ATOM   5258  CG  ARG D  46     -26.747 -33.885  96.372  1.00 35.19           C
ATOM   5259  CD  ARG D  46     -28.129 -33.660  96.926  1.00 42.94           C
ATOM   5260  NE  ARG D  46     -28.813 -32.616  96.172  1.00 54.78           N
ATOM   5261  CZ  ARG D  46     -28.994 -31.379  96.619  1.00 62.11           C
ATOM   5262  NH1 ARG D  46     -29.621 -30.481  95.858  1.00 53.78           N1+
ATOM   5263  NH2 ARG D  46     -28.553 -31.045  97.837  1.00 63.79           N
ATOM   5264  N   LEU D  47     -24.116 -34.535  94.216  1.00 26.63           N
ATOM   5265  CA  LEU D  47     -23.029 -33.680  93.772  1.00 24.56           C
ATOM   5266  C   LEU D  47     -23.125 -32.333  94.474  1.00 23.50           C
ATOM   5267  O   LEU D  47     -24.201 -31.746  94.529  1.00 28.69           O
ATOM   5268  CB  LEU D  47     -23.083 -33.508  92.264  1.00 21.59           C
ATOM   5269  CG  LEU D  47     -22.042 -32.542  91.689  1.00 28.11           C
ATOM   5270  CD1 LEU D  47     -20.587 -33.047  91.831  1.00 23.37           C
ATOM   5271  CD2 LEU D  47     -22.396 -32.293  90.251  1.00 26.58           C
ATOM   5272  N   LEU D  48     -22.020 -31.872  95.064  1.00 25.20           N
ATOM   5273  CA  LEU D  48     -21.967 -30.576  95.756  1.00 29.85           C
ATOM   5274  C   LEU D  48     -21.153 -29.530  95.021  1.00 28.28           C
ATOM   5275  O   LEU D  48     -21.553 -28.371  94.962  1.00 26.16           O
ATOM   5276  CB  LEU D  48     -21.354 -30.705  97.156  1.00 24.38           C
ATOM   5277  CG  LEU D  48     -22.032 -31.429  98.300  1.00 29.64           C
ATOM   5278  CD1 LEU D  48     -21.124 -31.235  99.476  1.00 28.92           C
ATOM   5279  CD2 LEU D  48     -23.421 -30.868  98.604  1.00 30.54           C
ATOM   5280  N   ILE D  49     -19.998 -29.933  94.505  1.00 24.89           N
ATOM   5281  CA  ILE D  49     -19.008 -29.059  93.903  1.00 25.06           C
ATOM   5282  C   ILE D  49     -18.484 -29.781  92.672  1.00 28.83           C
ATOM   5283  O   ILE D  49     -18.212 -30.986  92.726  1.00 25.60           O
ATOM   5284  CB  ILE D  49     -17.833 -28.787  94.879  1.00 27.73           C
ATOM   5285  CG1 ILE D  49     -18.307 -28.181  96.214  1.00 22.96           C
ATOM   5286  CG2 ILE D  49     -16.678 -28.055  94.176  1.00 21.77           C
ATOM   5287  CD1 ILE D  49     -18.656 -26.704  96.180  1.00 28.66           C
ATOM   5288  N   PHE D  50     -18.308 -29.049  91.573  1.00 25.66           N
ATOM   5289  CA  PHE D  50     -17.533 -29.563  90.460  1.00 23.52           C
ATOM   5290  C   PHE D  50     -16.420 -28.576  90.149  1.00 30.77           C
ATOM   5291  O   PHE D  50     -16.505 -27.377  90.451  1.00 26.94           O
ATOM   5292  CB  PHE D  50     -18.381 -29.861  89.202  1.00 25.10           C
ATOM   5293  CG  PHE D  50     -19.084 -28.669  88.645  1.00 29.89           C
ATOM   5294  CD2 PHE D  50     -20.394 -28.380  89.034  1.00 28.85           C
ATOM   5295  CD1 PHE D  50     -18.460 -27.848  87.720  1.00 26.32           C
ATOM   5296  CE2 PHE D  50     -21.038 -27.263  88.538  1.00 33.45           C
ATOM   5297  CE1 PHE D  50     -19.111 -26.747  87.212  1.00 31.34           C
ATOM   5298  CZ  PHE D  50     -20.412 -26.457  87.616  1.00 33.07           C
ATOM   5299  N   GLY D  51     -15.381 -29.125  89.536  1.00 29.64           N
ATOM   5300  CA  GLY D  51     -14.110 -28.473  89.344  1.00 31.07           C
ATOM   5301  C   GLY D  51     -13.912 -27.013  89.635  1.00 29.90           C
ATOM   5302  O   GLY D  51     -14.299 -26.190  88.823  1.00 41.98           O
ATOM   5303  N   ALA D  52     -13.331 -26.633  90.761  1.00 29.04           N
ATOM   5304  CA  ALA D  52     -13.045 -27.404  91.963  1.00 27.42           C
ATOM   5305  C   ALA D  52     -13.634 -26.483  93.033  1.00 31.29           C
ATOM   5306  O   ALA D  52     -13.389 -26.630  94.242  1.00 26.21           O
ATOM   5307  CB  ALA D  52     -11.545 -27.613  92.180  1.00 24.46           C
ATOM   5308  N   SER D  53     -14.356 -25.473  92.528  1.00 25.45           N
ATOM   5309  CA  SER D  53     -14.951 -24.408  93.321  1.00 29.64           C
ATOM   5310  C   SER D  53     -16.366 -24.061  92.909  1.00 29.31           C
ATOM   5311  O   SER D  53     -17.001 -23.251  93.595  1.00 29.52           O
ATOM   5312  CB  SER D  53     -14.102 -23.144  93.229  1.00 24.22           C
ATOM   5313  OG  SER D  53     -13.751 -22.931  91.878  1.00 30.08           O
ATOM   5314  N   SER D  54     -16.872 -24.618  91.819  1.00 24.59           N
ATOM   5315  CA  SER D  54     -18.183 -24.249  91.320  1.00 28.33           C
ATOM   5316  C   SER D  54     -19.261 -25.017  92.073  1.00 29.42           C
ATOM   5317  O   SER D  54     -19.261 -26.252  92.107  1.00 28.83           O
ATOM   5318  CB  SER D  54     -18.294 -24.510  89.818  1.00 30.14           C
ATOM   5319  OG  SER D  54     -17.503 -23.611  89.086  1.00 31.63           O
ATOM   5320  N   ARG D  55     -20.185 -24.274  92.653  1.00 26.56           N
```

```
ATOM   5321  CA  ARG D  55     -21.342 -24.858  93.293  1.00 26.99           C
ATOM   5322  C   ARG D  55     -22.293 -25.465  92.261  1.00 31.42           C
ATOM   5323  O   ARG D  55     -22.594 -24.854  91.230  1.00 34.25           O
ATOM   5324  CB  ARG D  55     -22.033 -23.773  94.100  1.00 31.93           C
ATOM   5325  CG  ARG D  55     -22.782 -24.249  95.296  1.00 39.96           C
ATOM   5326  CD  ARG D  55     -23.378 -23.054  96.043  1.00 42.71           C
ATOM   5327  NE  ARG D  55     -22.393 -22.357  96.853  1.00 39.62           N
ATOM   5328  CZ  ARG D  55     -21.943 -21.142  96.574  1.00 42.81           C
ATOM   5329  NH1 ARG D  55     -21.042 -20.564  97.367  1.00 46.41           N1+
ATOM   5330  NH2 ARG D  55     -22.396 -20.516  95.497  1.00 41.95           N
ATOM   5331  N   ALA D  56     -22.783 -26.668  92.562  1.00 29.25           N
ATOM   5332  CA  ALA D  56     -23.814 -27.344  91.783  1.00 34.27           C
ATOM   5333  C   ALA D  56     -25.176 -26.678  91.997  1.00 36.12           C
ATOM   5334  O   ALA D  56     -25.355 -25.830  92.877  1.00 36.11           O
ATOM   5335  CB  ALA D  56     -23.891 -28.823  92.166  1.00 31.23           C
ATOM   5336  N   THR D  57     -26.154 -27.081  91.184  1.00 36.05           N
ATOM   5337  CA  THR D  57     -27.475 -26.471  91.274  1.00 46.10           C
ATOM   5338  C   THR D  57     -28.178 -26.905  92.546  1.00 41.98           C
ATOM   5339  O   THR D  57     -28.091 -28.063  92.960  1.00 44.69           O
ATOM   5340  CB  THR D  57     -28.345 -26.861  90.081  1.00 48.23           C
ATOM   5341  OG1 THR D  57     -27.504 -27.188  88.968  1.00 51.51           O
ATOM   5342  CG2 THR D  57     -29.281 -25.707  89.713  1.00 39.36           C
ATOM   5343  N   GLY D  58     -28.898 -25.966  93.148  1.00 36.11           N
ATOM   5344  CA  GLY D  58     -29.589 -26.198  94.396  1.00 36.25           C
ATOM   5345  C   GLY D  58     -28.722 -26.367  95.629  1.00 35.95           C
ATOM   5346  O   GLY D  58     -29.266 -26.615  96.706  1.00 46.21           O
ATOM   5347  N   ILE D  59     -27.406 -26.270  95.526  1.00 35.23           N
ATOM   5348  CA  ILE D  59     -26.552 -26.443  96.707  1.00 37.35           C
ATOM   5349  C   ILE D  59     -26.499 -25.124  97.480  1.00 32.79           C
ATOM   5350  O   ILE D  59     -26.110 -24.102  96.902  1.00 34.26           O
ATOM   5351  CB  ILE D  59     -25.147 -26.884  96.291  1.00 34.60           C
ATOM   5352  CG1 ILE D  59     -25.150 -28.289  95.658  1.00 33.46           C
ATOM   5353  CG2 ILE D  59     -24.257 -26.892  97.511  1.00 28.92           C
ATOM   5354  CD1 ILE D  59     -25.990 -29.321  96.371  1.00 33.20           C
ATOM   5355  N   PRO D  60     -26.822 -25.098  98.776  1.00 35.94           N
ATOM   5356  CA  PRO D  60     -26.753 -23.831  99.528  1.00 36.87           C
ATOM   5357  C   PRO D  60     -25.384 -23.165  99.443  1.00 39.65           C
ATOM   5358  O   PRO D  60     -24.357 -23.825  99.258  1.00 40.06           O
ATOM   5359  CB  PRO D  60     -27.068 -24.261 100.967  1.00 39.32           C
ATOM   5360  CG  PRO D  60     -27.875 -25.486 100.816  1.00 40.27           C
ATOM   5361  CD  PRO D  60     -27.346 -26.199  99.601  1.00 37.18           C
ATOM   5362  N   ASP D  61     -25.355 -21.841  99.615  1.00 37.82           N
ATOM   5363  CA  ASP D  61     -24.047 -21.197  99.529  1.00 38.85           C
ATOM   5364  C   ASP D  61     -23.271 -21.286 100.830  1.00 38.37           C
ATOM   5365  O   ASP D  61     -22.161 -20.757 100.895  1.00 43.54           O
ATOM   5366  CB  ASP D  61     -24.153 -19.736  99.070  1.00 39.37           C
ATOM   5367  CG  ASP D  61     -25.124 -18.914  99.898  1.00 54.57           C
ATOM   5368  OD1 ASP D  61     -25.360 -19.253 101.082  1.00 61.72           O
ATOM   5369  OD2 ASP D  61     -25.635 -17.901  99.363  1.00 51.55           O1-
ATOM   5370  N   ARG D  62     -23.833 -21.947 101.850  1.00 39.40           N
ATOM   5371  CA  ARG D  62     -23.032 -22.496 102.939  1.00 36.54           C
ATOM   5372  C   ARG D  62     -21.805 -23.229 102.414  1.00 34.81           C
ATOM   5373  O   ARG D  62     -20.738 -23.199 103.037  1.00 31.24           O
ATOM   5374  CB  ARG D  62     -23.837 -23.511 103.745  1.00 37.64           C
ATOM   5375  CG  ARG D  62     -25.054 -23.076 104.366  1.00 36.64           C
ATOM   5376  CD  ARG D  62     -25.298 -24.006 105.536  1.00 40.91           C
ATOM   5377  NE  ARG D  62     -25.716 -25.370 105.214  1.00 38.63           N
ATOM   5378  CZ  ARG D  62     -26.848 -25.692 104.593  1.00 43.76           C
ATOM   5379  NH1 ARG D  62     -27.662 -24.743 104.160  1.00 45.94           N1+
ATOM   5380  NH2 ARG D  62     -27.159 -26.964 104.383  1.00 41.39           N
ATOM   5381  N   PHE D  63     -21.980 -23.979 101.323  1.00 34.78           N
ATOM   5382  CA  PHE D  63     -20.936 -24.809 100.738  1.00 34.76           C
ATOM   5383  C   PHE D  63     -20.101 -23.966  99.797  1.00 32.41           C
ATOM   5384  O   PHE D  63     -20.646 -23.271  98.933  1.00 35.79           O
ATOM   5385  CB  PHE D  63     -21.536 -26.013  99.992  1.00 29.42           C
ATOM   5386  CG  PHE D  63     -22.210 -27.001 100.898  1.00 28.36           C
ATOM   5387  CD1 PHE D  63     -23.504 -26.790 101.344  1.00 31.54           C
ATOM   5388  CD2 PHE D  63     -21.537 -28.120 101.336  1.00 28.75           C
ATOM   5389  CE1 PHE D  63     -24.117 -27.686 102.190  1.00 29.90           C
ATOM   5390  CE2 PHE D  63     -22.149 -29.017 102.180  1.00 31.42           C
ATOM   5391  CZ  PHE D  63     -23.441 -28.796 102.611  1.00 27.00           C
```

```
ATOM   5392  N   SER D  64     -18.783 -24.021  99.986  1.00 32.03           N
ATOM   5393  CA  SER D  64     -17.815 -23.408  99.081  1.00 33.91           C
ATOM   5394  C   SER D  64     -16.566 -24.279  99.051  1.00 26.96           C
ATOM   5395  O   SER D  64     -16.345 -25.111  99.934  1.00 29.99           O
ATOM   5396  CB  SER D  64     -17.482 -21.975  99.511  1.00 31.16           C
ATOM   5397  OG  SER D  64     -16.576 -21.995 100.592  1.00 35.76           O
ATOM   5398  N   ALA D  65     -15.766 -24.128  98.007  1.00 21.94           N
ATOM   5399  CA  ALA D  65     -14.588 -24.982  97.928  1.00 27.79           C
ATOM   5400  C   ALA D  65     -13.547 -24.302  97.063  1.00 28.20           C
ATOM   5401  O   ALA D  65     -13.859 -23.392  96.297  1.00 28.35           O
ATOM   5402  CB  ALA D  65     -14.930 -26.370  97.382  1.00 26.70           C
ATOM   5403  N   SER D  66     -12.305 -24.767  97.185  1.00 31.90           N
ATOM   5404  CA  SER D  66     -11.196 -24.189  96.432  1.00 32.71           C
ATOM   5405  C   SER D  66     -10.001 -25.141  96.468  1.00 32.60           C
ATOM   5406  O   SER D  66     -10.005 -26.170  97.149  1.00 34.80           O
ATOM   5407  CB  SER D  66     -10.787 -22.831  97.003  1.00 27.36           C
ATOM   5408  OG  SER D  66     -10.156 -23.031  98.253  1.00 32.54           O
ATOM   5409  N   GLY D  67      -8.948 -24.745  95.780  1.00 31.68           N
ATOM   5410  CA  GLY D  67      -7.719 -25.498  95.795  1.00 28.89           C
ATOM   5411  C   GLY D  67      -7.316 -25.711  94.364  1.00 38.37           C
ATOM   5412  O   GLY D  67      -8.135 -25.485  93.466  1.00 39.57           O
ATOM   5413  N   SER D  68      -6.057 -26.066  94.125  1.00 36.68           N
ATOM   5414  CA  SER D  68      -5.677 -26.559  92.813  1.00 36.53           C
ATOM   5415  C   SER D  68      -4.366 -27.296  92.959  1.00 30.07           C
ATOM   5416  O   SER D  68      -3.660 -27.148  93.952  1.00 38.18           O
ATOM   5417  CB  SER D  68      -5.559 -25.449  91.757  1.00 44.96           C
ATOM   5418  OG  SER D  68      -5.439 -26.014  90.444  1.00 48.06           O
ATOM   5419  N   GLY D  69      -4.062 -28.097  91.954  1.00 29.21           N
ATOM   5420  CA  GLY D  69      -2.896 -28.929  91.987  1.00 29.40           C
ATOM   5421  C   GLY D  69      -3.069 -30.067  92.949  1.00 31.99           C
ATOM   5422  O   GLY D  69      -3.815 -31.018  92.687  1.00 33.63           O
ATOM   5423  N   ALA D  70      -2.379 -29.966  94.080  1.00 31.64           N
ATOM   5424  CA  ALA D  70      -2.287 -31.065  95.022  1.00 31.80           C
ATOM   5425  C   ALA D  70      -3.275 -30.980  96.171  1.00 31.37           C
ATOM   5426  O   ALA D  70      -3.550 -32.008  96.792  1.00 36.24           O
ATOM   5427  CB  ALA D  70      -0.868 -31.140  95.594  1.00 28.13           C
ATOM   5428  N   ASP D  71      -3.817 -29.803  96.471  1.00 30.57           N
ATOM   5429  CA  ASP D  71      -4.565 -29.587  97.706  1.00 33.18           C
ATOM   5430  C   ASP D  71      -5.945 -29.009  97.415  1.00 32.16           C
ATOM   5431  O   ASP D  71      -6.063 -27.965  96.768  1.00 31.72           O
ATOM   5432  CB  ASP D  71      -3.800 -28.638  98.622  1.00 31.72           C
ATOM   5433  CG  ASP D  71      -2.722 -29.331  99.396  1.00 47.35           C
ATOM   5434  OD1 ASP D  71      -3.025 -30.000 100.408  1.00 54.93           O
ATOM   5435  OD2 ASP D  71      -1.553 -29.211  98.980  1.00 57.78           O1-
ATOM   5436  N   PHE D  72      -6.981 -29.643  97.939  1.00 28.95           N
ATOM   5437  CA  PHE D  72      -8.335 -29.145  97.771  1.00 25.33           C
ATOM   5438  C   PHE D  72      -8.994 -29.122  99.135  1.00 24.96           C
ATOM   5439  O   PHE D  72      -8.687 -29.939 100.005  1.00 21.64           O
ATOM   5440  CB  PHE D  72      -9.121 -30.008  96.781  1.00 26.11           C
ATOM   5441  CG  PHE D  72      -8.492 -30.051  95.425  1.00 30.35           C
ATOM   5442  CD1 PHE D  72      -7.479 -30.982  95.144  1.00 29.20           C
ATOM   5443  CD2 PHE D  72      -8.862 -29.139  94.444  1.00 27.20           C
ATOM   5444  CE1 PHE D  72      -6.862 -31.014  93.898  1.00 31.22           C
ATOM   5445  CE2 PHE D  72      -8.250 -29.161  93.189  1.00 30.03           C
ATOM   5446  CZ  PHE D  72      -7.251 -30.105  92.913  1.00 29.83           C
ATOM   5447  N   THR D  73      -9.842 -28.133  99.354  1.00 23.98           N
ATOM   5448  CA  THR D  73     -10.593 -28.118 100.589  1.00 27.63           C
ATOM   5449  C   THR D  73     -12.045 -27.791 100.275  1.00 28.02           C
ATOM   5450  O   THR D  73     -12.363 -27.129  99.275  1.00 25.48           O
ATOM   5451  CB  THR D  73      -9.993 -27.156 101.661  1.00 32.96           C
ATOM   5452  OG1 THR D  73     -10.611 -25.872 101.585  1.00 38.47           O
ATOM   5453  CG2 THR D  73      -8.473 -26.987 101.511  1.00 24.84           C
ATOM   5454  N   LEU D  74     -12.926 -28.368 101.090  1.00 30.82           N
ATOM   5455  CA  LEU D  74     -14.351 -28.062 101.114  1.00 26.16           C
ATOM   5456  C   LEU D  74     -14.662 -27.367 102.433  1.00 27.40           C
ATOM   5457  O   LEU D  74     -14.247 -27.843 103.499  1.00 27.12           O
ATOM   5458  CB  LEU D  74     -15.184 -29.336 100.953  1.00 21.42           C
ATOM   5459  CG  LEU D  74     -16.696 -29.239 101.152  1.00 21.05           C
ATOM   5460  CD1 LEU D  74     -17.360 -28.535 100.013  1.00 24.58           C
ATOM   5461  CD2 LEU D  74     -17.329 -30.584 101.345  1.00 20.48           C
ATOM   5462  N   THR D  75     -15.378 -26.243 102.365  1.00 24.12           N
```

```
ATOM   5463  CA  THR D  75     -15.762 -25.486 103.548  1.00 24.98           C
ATOM   5464  C   THR D  75     -17.286 -25.435 103.651  1.00 28.91           C
ATOM   5465  O   THR D  75     -17.971 -25.077 102.687  1.00 33.13           O
ATOM   5466  CB  THR D  75     -15.167 -24.066 103.513  1.00 29.48           C
ATOM   5467  OG1 THR D  75     -13.776 -24.123 103.842  1.00 31.85           O
ATOM   5468  CG2 THR D  75     -15.840 -23.161 104.544  1.00 30.01           C
ATOM   5469  N   ILE D  76     -17.820 -25.840 104.799  1.00 25.85           N
ATOM   5470  CA  ILE D  76     -19.217 -25.616 105.141  1.00 25.76           C
ATOM   5471  C   ILE D  76     -19.211 -24.568 106.232  1.00 30.23           C
ATOM   5472  O   ILE D  76     -18.718 -24.829 107.337  1.00 34.43           O
ATOM   5473  CB  ILE D  76     -19.922 -26.893 105.619  1.00 28.28           C
ATOM   5474  CG1 ILE D  76     -19.619 -28.063 104.696  1.00 28.54           C
ATOM   5475  CG2 ILE D  76     -21.443 -26.672 105.686  1.00 28.62           C
ATOM   5476  CD1 ILE D  76     -20.092 -29.368 105.257  1.00 27.59           C
ATOM   5477  N   SER D  77     -19.775 -23.395 105.945  1.00 30.77           N
ATOM   5478  CA  SER D  77     -19.475 -22.251 106.803  1.00 33.53           C
ATOM   5479  C   SER D  77     -20.286 -22.267 108.097  1.00 32.03           C
ATOM   5480  O   SER D  77     -19.781 -21.840 109.141  1.00 35.78           O
ATOM   5481  CB  SER D  77     -19.681 -20.943 106.038  1.00 25.30           C
ATOM   5482  OG  SER D  77     -21.029 -20.795 105.672  1.00 30.61           O
ATOM   5483  N   ARG D  78     -21.539 -22.727 108.051  1.00 34.30           N
ATOM   5484  CA  ARG D  78     -22.346 -22.937 109.254  1.00 33.67           C
ATOM   5485  C   ARG D  78     -23.026 -24.294 109.107  1.00 33.98           C
ATOM   5486  O   ARG D  78     -23.982 -24.422 108.341  1.00 30.96           O
ATOM   5487  CB  ARG D  78     -23.387 -21.830 109.423  1.00 34.14           C
ATOM   5488  CG  ARG D  78     -24.425 -22.137 110.499  1.00 46.20           C
ATOM   5489  CD  ARG D  78     -25.375 -20.962 110.761  1.00 46.68           C
ATOM   5490  NE  ARG D  78     -25.737 -20.874 112.185  1.00 49.36           N
ATOM   5491  CZ  ARG D  78     -26.801 -21.439 112.763  1.00 57.02           C
ATOM   5492  NH1 ARG D  78     -27.008 -21.283 114.074  1.00 54.06           N1+
ATOM   5493  NH2 ARG D  78     -27.666 -22.153 112.047  1.00 59.27           N
ATOM   5494  N   LEU D  79     -22.616 -25.273 109.904  1.00 31.63           N
ATOM   5495  CA  LEU D  79     -23.146 -26.627 109.772  1.00 29.40           C
ATOM   5496  C   LEU D  79     -24.623 -26.674 110.172  1.00 34.83           C
ATOM   5497  O   LEU D  79     -24.969 -26.417 111.328  1.00 36.97           O
ATOM   5498  CB  LEU D  79     -22.333 -27.580 110.640  1.00 26.40           C
ATOM   5499  CG  LEU D  79     -21.373 -28.630 110.107  1.00 26.42           C
ATOM   5500  CD1 LEU D  79     -21.113 -28.496 108.643  1.00 29.85           C
ATOM   5501  CD2 LEU D  79     -20.083 -28.535 110.868  1.00 29.71           C
ATOM   5502  N   GLU D  80     -25.507 -26.990 109.211  1.00 35.29           N
ATOM   5503  CA  GLU D  80     -26.911 -27.234 109.503  1.00 33.25           C
ATOM   5504  C   GLU D  80     -27.130 -28.711 109.784  1.00 37.31           C
ATOM   5505  O   GLU D  80     -26.269 -29.536 109.472  1.00 34.23           O
ATOM   5506  CB  GLU D  80     -27.771 -26.790 108.334  1.00 37.10           C
ATOM   5507  CG  GLU D  80     -27.822 -25.300 108.123  1.00 37.33           C
ATOM   5508  CD  GLU D  80     -28.430 -24.559 109.292  1.00 45.25           C
ATOM   5509  OE1 GLU D  80     -29.311 -25.110 109.996  1.00 48.39           O
ATOM   5510  OE2 GLU D  80     -28.039 -23.395 109.496  1.00 54.67           O1-
ATOM   5511  N   PRO D  81     -28.261 -29.088 110.403  1.00 43.56           N
ATOM   5512  CA  PRO D  81     -28.458 -30.514 110.743  1.00 45.48           C
ATOM   5513  C   PRO D  81     -28.252 -31.464 109.571  1.00 42.65           C
ATOM   5514  O   PRO D  81     -27.600 -32.508 109.728  1.00 39.13           O
ATOM   5515  CB  PRO D  81     -29.909 -30.547 111.254  1.00 44.07           C
ATOM   5516  CG  PRO D  81     -30.130 -29.185 111.794  1.00 40.26           C
ATOM   5517  CD  PRO D  81     -29.382 -28.259 110.884  1.00 41.88           C
ATOM   5518  N   GLU D  82     -28.761 -31.107 108.389  1.00 40.42           N
ATOM   5519  CA  GLU D  82     -28.620 -31.911 107.178  1.00 37.02           C
ATOM   5520  C   GLU D  82     -27.222 -31.924 106.602  1.00 38.11           C
ATOM   5521  O   GLU D  82     -27.053 -32.461 105.498  1.00 37.79           O
ATOM   5522  CB  GLU D  82     -29.528 -31.396 106.079  1.00 34.91           C
ATOM   5523  CG  GLU D  82     -29.092 -30.088 105.479  1.00 42.26           C
ATOM   5524  CD  GLU D  82     -30.094 -28.977 105.612  1.00 49.69           C
ATOM   5525  OE1 GLU D  82     -30.683 -28.801 106.716  1.00 59.37           O
ATOM   5526  OE2 GLU D  82     -30.297 -28.286 104.582  1.00 55.07           O1-
ATOM   5527  N   ASP D  83     -26.234 -31.314 107.246  1.00 31.73           N
ATOM   5528  CA  ASP D  83     -24.893 -31.308 106.690  1.00 31.81           C
ATOM   5529  C   ASP D  83     -24.033 -32.399 107.278  1.00 27.67           C
ATOM   5530  O   ASP D  83     -22.905 -32.577 106.833  1.00 28.90           O
ATOM   5531  CB  ASP D  83     -24.205 -29.949 106.911  1.00 35.00           C
ATOM   5532  CG  ASP D  83     -24.923 -28.802 106.203  1.00 36.30           C
ATOM   5533  OD1 ASP D  83     -25.767 -29.091 105.334  1.00 39.93           O
```

```
ATOM   5534  OD2 ASP D  83     -24.663 -27.615 106.524  1.00 33.84           O1-
ATOM   5535  N   PHE D  84     -24.531 -33.133 108.262  1.00 28.52           N
ATOM   5536  CA  PHE D  84     -23.736 -34.160 108.921  1.00 27.69           C
ATOM   5537  C   PHE D  84     -23.892 -35.469 108.164  1.00 27.68           C
ATOM   5538  O   PHE D  84     -24.963 -36.083 108.176  1.00 27.12           O
ATOM   5539  CB  PHE D  84     -24.127 -34.276 110.391  1.00 26.49           C
ATOM   5540  CG  PHE D  84     -23.758 -33.065 111.194  1.00 27.03           C
ATOM   5541  CD1 PHE D  84     -22.520 -32.992 111.822  1.00 27.26           C
ATOM   5542  CD2 PHE D  84     -24.628 -31.981 111.289  1.00 30.67           C
ATOM   5543  CE1 PHE D  84     -22.156 -31.865 112.562  1.00 31.27           C
ATOM   5544  CE2 PHE D  84     -24.281 -30.849 112.016  1.00 29.02           C
ATOM   5545  CZ  PHE D  84     -23.039 -30.794 112.667  1.00 32.36           C
ATOM   5546  N   ALA D  85     -22.815 -35.890 107.516  1.00 25.77           N
ATOM   5547  CA  ALA D  85     -22.859 -36.899 106.469  1.00 21.15           C
ATOM   5548  C   ALA D  85     -21.420 -37.274 106.118  1.00 22.96           C
ATOM   5549  O   ALA D  85     -20.472 -36.875 106.800  1.00 22.25           O
ATOM   5550  CB  ALA D  85     -23.660 -36.381 105.275  1.00 25.38           C
ATOM   5551  N   VAL D  86     -21.251 -38.069 105.059  1.00 25.06           N
ATOM   5552  CA  VAL D  86     -19.939 -38.399 104.521  1.00 20.70           C
ATOM   5553  C   VAL D  86     -19.708 -37.553 103.278  1.00 22.14           C
ATOM   5554  O   VAL D  86     -20.628 -37.341 102.488  1.00 27.68           O
ATOM   5555  CB  VAL D  86     -19.841 -39.901 104.217  1.00 19.64           C
ATOM   5556  CG1 VAL D  86     -18.533 -40.230 103.523  1.00 22.34           C
ATOM   5557  CG2 VAL D  86     -19.953 -40.660 105.485  1.00 16.64           C
ATOM   5558  N   TYR D  87     -18.497 -37.033 103.120  1.00 21.19           N
ATOM   5559  CA  TYR D  87     -18.151 -36.206 101.975  1.00 24.17           C
ATOM   5560  C   TYR D  87     -17.024 -36.879 101.219  1.00 25.06           C
ATOM   5561  O   TYR D  87     -16.084 -37.381 101.837  1.00 25.52           O
ATOM   5562  CB  TYR D  87     -17.765 -34.766 102.410  1.00 25.82           C
ATOM   5563  CG  TYR D  87     -18.963 -34.036 102.978  1.00 24.53           C
ATOM   5564  CD1 TYR D  87     -19.368 -34.249 104.286  1.00 22.98           C
ATOM   5565  CD2 TYR D  87     -19.735 -33.198 102.178  1.00 22.74           C
ATOM   5566  CE1 TYR D  87     -20.502 -33.616 104.791  1.00 27.82           C
ATOM   5567  CE2 TYR D  87     -20.857 -32.573 102.662  1.00 22.11           C
ATOM   5568  CZ  TYR D  87     -21.244 -32.777 103.966  1.00 28.03           C
ATOM   5569  OH  TYR D  87     -22.379 -32.154 104.449  1.00 29.25           O
ATOM   5570  N   PHE D  88     -17.140 -36.897  99.885  1.00 22.99           N
ATOM   5571  CA  PHE D  88     -16.222 -37.590  98.990  1.00 25.06           C
ATOM   5572  C   PHE D  88     -15.653 -36.649  97.952  1.00 27.58           C
ATOM   5573  O   PHE D  88     -16.403 -35.890  97.327  1.00 28.74           O
ATOM   5574  CB  PHE D  88     -16.920 -38.715  98.216  1.00 29.50           C
ATOM   5575  CG  PHE D  88     -17.173 -39.937  99.013  1.00 30.12           C
ATOM   5576  CD1 PHE D  88     -16.133 -40.820  99.283  1.00 27.68           C
ATOM   5577  CD2 PHE D  88     -18.442 -40.231  99.470  1.00 26.34           C
ATOM   5578  CE1 PHE D  88     -16.354 -41.984 100.003  1.00 31.19           C
ATOM   5579  CE2 PHE D  88     -18.664 -41.389 100.198  1.00 31.81           C
ATOM   5580  CZ  PHE D  88     -17.614 -42.268 100.470  1.00 27.93           C
ATOM   5581  N   CYS D  89     -14.350 -36.745  97.704  1.00 26.11           N
ATOM   5582  CA  CYS D  89     -13.809 -36.023  96.567  1.00 24.60           C
ATOM   5583  C   CYS D  89     -13.561 -36.988  95.406  1.00 25.26           C
ATOM   5584  O   CYS D  89     -13.464 -38.206  95.575  1.00 23.50           O
ATOM   5585  CB  CYS D  89     -12.537 -35.249  96.941  1.00 23.65           C
ATOM   5586  SG  CYS D  89     -11.143 -36.170  97.584  1.00 38.72           S
ATOM   5587  N   GLN D  90     -13.489 -36.424  94.208  1.00 21.35           N
ATOM   5588  CA  GLN D  90     -13.364 -37.237  93.006  1.00 24.00           C
ATOM   5589  C   GLN D  90     -12.697 -36.404  91.921  1.00 24.00           C
ATOM   5590  O   GLN D  90     -13.073 -35.249  91.715  1.00 23.20           O
ATOM   5591  CB  GLN D  90     -14.732 -37.733  92.536  1.00 21.84           C
ATOM   5592  CG  GLN D  90     -14.703 -38.606  91.307  1.00 21.39           C
ATOM   5593  CD  GLN D  90     -15.439 -37.976  90.144  1.00 26.00           C
ATOM   5594  OE1 GLN D  90     -16.481 -37.331  90.333  1.00 29.02           O
ATOM   5595  NE2 GLN D  90     -14.915 -38.158  88.933  1.00 21.45           N
ATOM   5596  N   GLN D  91     -11.714 -36.984  91.236  1.00 22.32           N
ATOM   5597  CA  GLN D  91     -11.051 -36.316  90.130  1.00 24.41           C
ATOM   5598  C   GLN D  91     -11.459 -36.980  88.818  1.00 26.03           C
ATOM   5599  O   GLN D  91     -11.628 -38.205  88.750  1.00 23.79           O
ATOM   5600  CB  GLN D  91      -9.520 -36.329  90.308  1.00 21.11           C
ATOM   5601  CG  GLN D  91      -8.866 -37.697  90.214  1.00 21.28           C
ATOM   5602  CD  GLN D  91      -8.585 -38.091  88.785  1.00 26.27           C
ATOM   5603  OE1 GLN D  91      -8.432 -37.231  87.917  1.00 28.92           O
ATOM   5604  NE2 GLN D  91      -8.567 -39.384  88.514  1.00 26.42           N
```

```
ATOM   5605  N   TYR D  92     -11.588 -36.162  87.776  1.00 22.58           N
ATOM   5606  CA  TYR D  92     -11.946 -36.594  86.432  1.00 26.01           C
ATOM   5607  C   TYR D  92     -11.013 -35.927  85.432  1.00 27.20           C
ATOM   5608  O   TYR D  92     -11.409 -35.517  84.334  1.00 25.89           O
ATOM   5609  CB  TYR D  92     -13.413 -36.300  86.093  1.00 22.29           C
ATOM   5610  CG  TYR D  92     -13.889 -34.864  86.367  1.00 26.32           C
ATOM   5611  CD1 TYR D  92     -14.320 -34.475  87.646  1.00 21.74           C
ATOM   5612  CD2 TYR D  92     -13.903 -33.893  85.344  1.00 26.96           C
ATOM   5613  CE1 TYR D  92     -14.755 -33.186  87.894  1.00 22.81           C
ATOM   5614  CE2 TYR D  92     -14.347 -32.585  85.587  1.00 24.44           C
ATOM   5615  CZ  TYR D  92     -14.764 -32.247  86.867  1.00 27.75           C
ATOM   5616  OH  TYR D  92     -15.189 -30.972  87.141  1.00 29.35           O
ATOM   5617  N   GLU D  93      -9.755 -35.782  85.826  1.00 27.70           N
ATOM   5618  CA  GLU D  93      -8.729 -35.263  84.936  1.00 29.92           C
ATOM   5619  C   GLU D  93      -8.055 -36.384  84.141  1.00 31.61           C
ATOM   5620  O   GLU D  93      -7.883 -36.278  82.926  1.00 33.23           O
ATOM   5621  CB  GLU D  93      -7.687 -34.482  85.744  1.00 25.29           C
ATOM   5622  CG  GLU D  93      -6.386 -34.312  84.993  1.00 28.20           C
ATOM   5623  CD  GLU D  93      -5.369 -33.447  85.700  1.00 32.11           C
ATOM   5624  OE1 GLU D  93      -5.735 -32.389  86.285  1.00 26.85           O
ATOM   5625  OE2 GLU D  93      -4.183 -33.828  85.637  1.00 36.40           O1-
ATOM   5626  N   SER D  94      -7.694 -37.471  84.810  1.00 28.99           N
ATOM   5627  CA  SER D  94      -6.939 -38.555  84.213  1.00 28.53           C
ATOM   5628  C   SER D  94      -7.651 -39.859  84.514  1.00 28.50           C
ATOM   5629  O   SER D  94      -8.040 -40.110  85.661  1.00 26.38           O
ATOM   5630  CB  SER D  94      -5.499 -38.586  84.754  1.00 27.94           C
ATOM   5631  OG  SER D  94      -4.912 -39.865  84.570  1.00 33.48           O
ATOM   5632  N   SER D  95      -7.844 -40.669  83.487  1.00 25.22           N
ATOM   5633  CA  SER D  95      -8.488 -41.943  83.683  1.00 29.13           C
ATOM   5634  C   SER D  95      -7.512 -42.941  84.345  1.00 28.02           C
ATOM   5635  O   SER D  95      -6.324 -42.923  84.083  1.00 28.38           O
ATOM   5636  CB  SER D  95      -9.012 -42.479  82.363  1.00 30.42           C
ATOM   5637  OG  SER D  95      -9.598 -43.754  82.570  1.00 42.60           O
ATOM   5638  N   PRO D  96      -8.018 -43.796  85.228  1.00 25.83           N
ATOM   5639  CA  PRO D  96      -9.421 -43.894  85.652  1.00 27.86           C
ATOM   5640  C   PRO D  96      -9.883 -42.764  86.572  1.00 29.69           C
ATOM   5641  O   PRO D  96      -9.078 -42.248  87.363  1.00 29.09           O
ATOM   5642  CB  PRO D  96      -9.454 -45.229  86.397  1.00 32.44           C
ATOM   5643  CG  PRO D  96      -8.081 -45.372  86.953  1.00 29.69           C
ATOM   5644  CD  PRO D  96      -7.169 -44.788  85.901  1.00 25.85           C
ATOM   5645  N   TRP D  97     -11.153 -42.369  86.470  1.00 27.79           N
ATOM   5646  CA  TRP D  97     -11.727 -41.539  87.513  1.00 23.51           C
ATOM   5647  C   TRP D  97     -11.541 -42.239  88.855  1.00 27.99           C
ATOM   5648  O   TRP D  97     -11.697 -43.459  88.964  1.00 26.14           O
ATOM   5649  CB  TRP D  97     -13.205 -41.292  87.265  1.00 26.18           C
ATOM   5650  CG  TRP D  97     -13.628 -40.489  86.072  1.00 26.55           C
ATOM   5651  CD1 TRP D  97     -14.907 -40.229  85.726  1.00 23.15           C
ATOM   5652  CD2 TRP D  97     -12.804 -39.864  85.056  1.00 32.73           C
ATOM   5653  NE1 TRP D  97     -14.953 -39.474  84.583  1.00 28.40           N
ATOM   5654  CE2 TRP D  97     -13.683 -39.228  84.151  1.00 27.44           C
ATOM   5655  CE3 TRP D  97     -11.419 -39.760  84.835  1.00 25.48           C
ATOM   5656  CZ2 TRP D  97     -13.232 -38.510  83.046  1.00 28.49           C
ATOM   5657  CZ3 TRP D  97     -10.975 -39.045  83.734  1.00 23.95           C
ATOM   5658  CH2 TRP D  97     -11.876 -38.438  82.849  1.00 28.01           C
ATOM   5659  N   THR D  98     -11.174 -41.469  89.877  1.00 28.12           N
ATOM   5660  CA  THR D  98     -10.911 -42.018  91.196  1.00 28.04           C
ATOM   5661  C   THR D  98     -11.606 -41.178  92.255  1.00 27.40           C
ATOM   5662  O   THR D  98     -11.797 -39.972  92.089  1.00 24.69           O
ATOM   5663  CB  THR D  98      -9.390 -42.067  91.493  1.00 30.50           C
ATOM   5664  OG1 THR D  98      -8.813 -40.781  91.230  1.00 29.88           O
ATOM   5665  CG2 THR D  98      -8.687 -43.122  90.648  1.00 24.32           C
ATOM   5666  N   PHE D  99     -11.928 -41.821  93.372  1.00 28.87           N
ATOM   5667  CA  PHE D  99     -12.603 -41.187  94.492  1.00 28.08           C
ATOM   5668  C   PHE D  99     -11.686 -41.223  95.704  1.00 31.16           C
ATOM   5669  O   PHE D  99     -10.854 -42.128  95.835  1.00 28.56           O
ATOM   5670  CB  PHE D  99     -13.931 -41.891  94.859  1.00 22.78           C
ATOM   5671  CG  PHE D  99     -15.028 -41.690  93.863  1.00 25.65           C
ATOM   5672  CD1 PHE D  99     -15.156 -42.534  92.778  1.00 25.60           C
ATOM   5673  CD2 PHE D  99     -15.945 -40.658  94.015  1.00 25.03           C
ATOM   5674  CE1 PHE D  99     -16.171 -42.362  91.864  1.00 23.95           C
ATOM   5675  CE2 PHE D  99     -16.957 -40.474  93.100  1.00 25.16           C
```

```
ATOM   5676  CZ  PHE D  99     -17.066 -41.336  92.011  1.00 23.49           C
ATOM   5677  N   GLY D 100     -11.852 -40.218  96.597  1.00 26.03           N
ATOM   5678  CA  GLY D 100     -11.280 -40.302  97.918  1.00 25.35           C
ATOM   5679  C   GLY D 100     -12.110 -41.227  98.769  1.00 29.26           C
ATOM   5680  O   GLY D 100     -13.227 -41.602  98.411  1.00 31.89           O
ATOM   5681  N   GLN D 101     -11.553 -41.623  99.901  1.00 26.91           N
ATOM   5682  CA  GLN D 101     -12.213 -42.607 100.740  1.00 29.14           C
ATOM   5683  C   GLN D 101     -13.218 -42.004 101.718  1.00 33.18           C
ATOM   5684  O   GLN D 101     -13.871 -42.757 102.446  1.00 31.79           O
ATOM   5685  CB  GLN D 101     -11.163 -43.426 101.480  1.00 37.07           C
ATOM   5686  CG  GLN D 101     -10.254 -44.203 100.497  1.00 50.48           C
ATOM   5687  CD  GLN D 101     -10.653 -45.667 100.316  1.00 57.12           C
ATOM   5688  OE1 GLN D 101     -10.139 -46.549 101.022  1.00 66.11           O
ATOM   5689  NE2 GLN D 101     -11.564 -45.935  99.371  1.00 48.92           N
ATOM   5690  N   GLY D 102     -13.381 -40.691 101.740  1.00 27.41           N
ATOM   5691  CA  GLY D 102     -14.489 -40.090 102.452  1.00 24.59           C
ATOM   5692  C   GLY D 102     -14.084 -39.542 103.806  1.00 24.13           C
ATOM   5693  O   GLY D 102     -13.158 -40.032 104.454  1.00 30.96           O
ATOM   5694  N   THR D 103     -14.767 -38.478 104.226  1.00 26.72           N
ATOM   5695  CA  THR D 103     -14.681 -37.929 105.577  1.00 25.89           C
ATOM   5696  C   THR D 103     -16.080 -37.902 106.164  1.00 25.39           C
ATOM   5697  O   THR D 103     -16.997 -37.334 105.560  1.00 19.85           O
ATOM   5698  CB  THR D 103     -14.116 -36.500 105.626  1.00 28.14           C
ATOM   5699  OG1 THR D 103     -12.740 -36.480 105.221  1.00 28.24           O
ATOM   5700  CG2 THR D 103     -14.269 -35.913 107.044  1.00 26.41           C
ATOM   5701  N   LYS D 104     -16.230 -38.501 107.344  1.00 27.38           N
ATOM   5702  CA  LYS D 104     -17.489 -38.491 108.073  1.00 27.31           C
ATOM   5703  C   LYS D 104     -17.515 -37.253 108.966  1.00 28.48           C
ATOM   5704  O   LYS D 104     -16.604 -37.032 109.773  1.00 28.70           O
ATOM   5705  CB  LYS D 104     -17.661 -39.787 108.875  1.00 25.02           C
ATOM   5706  CG  LYS D 104     -19.009 -39.923 109.600  1.00 29.05           C
ATOM   5707  CD  LYS D 104     -19.050 -41.169 110.488  1.00 32.39           C
ATOM   5708  CE  LYS D 104     -20.386 -41.319 111.265  1.00 49.50           C
ATOM   5709  NZ  LYS D 104     -20.557 -42.613 112.082  1.00 40.68           N1+
ATOM   5710  N   VAL D 105     -18.520 -36.416 108.767  1.00 26.83           N
ATOM   5711  CA  VAL D 105     -18.791 -35.267 109.621  1.00 27.60           C
ATOM   5712  C   VAL D 105     -19.905 -35.666 110.574  1.00 25.51           C
ATOM   5713  O   VAL D 105     -21.054 -35.808 110.157  1.00 24.45           O
ATOM   5714  CB  VAL D 105     -19.176 -34.041 108.785  1.00 27.65           C
ATOM   5715  CG1 VAL D 105     -19.528 -32.864 109.682  1.00 29.48           C
ATOM   5716  CG2 VAL D 105     -18.026 -33.694 107.825  1.00 22.38           C
ATOM   5717  N   GLU D 106     -19.579 -35.866 111.851  1.00 31.50           N
ATOM   5718  CA  GLU D 106     -20.568 -36.309 112.826  1.00 28.01           C
ATOM   5719  C   GLU D 106     -20.867 -35.198 113.826  1.00 31.26           C
ATOM   5720  O   GLU D 106     -20.043 -34.311 114.068  1.00 29.59           O
ATOM   5721  CB  GLU D 106     -20.137 -37.601 113.551  1.00 29.60           C
ATOM   5722  CG  GLU D 106     -18.949 -37.531 114.521  1.00 33.75           C
ATOM   5723  CD  GLU D 106     -19.264 -38.095 115.928  1.00 34.42           C
ATOM   5724  OE1 GLU D 106     -19.053 -37.378 116.921  1.00 40.25           O
ATOM   5725  OE2 GLU D 106     -19.688 -39.257 116.061  1.00 33.48           O1-
ATOM   5726  N   ILE D 107     -22.075 -35.258 114.387  1.00 29.99           N
ATOM   5727  CA  ILE D 107     -22.541 -34.269 115.347  1.00 27.29           C
ATOM   5728  C   ILE D 107     -21.815 -34.467 116.668  1.00 32.55           C
ATOM   5729  O   ILE D 107     -21.916 -35.529 117.291  1.00 29.14           O
ATOM   5730  CB  ILE D 107     -24.048 -34.396 115.581  1.00 29.36           C
ATOM   5731  CG1 ILE D 107     -24.859 -33.985 114.363  1.00 29.05           C
ATOM   5732  CG2 ILE D 107     -24.428 -33.602 116.816  1.00 30.42           C
ATOM   5733  CD1 ILE D 107     -26.308 -34.346 114.489  1.00 29.83           C
ATOM   5734  N   LYS D 108     -21.120 -33.428 117.121  1.00 35.45           N
ATOM   5735  CA  LYS D 108     -20.531 -33.410 118.452  1.00 32.78           C
ATOM   5736  C   LYS D 108     -21.581 -32.996 119.483  1.00 36.07           C
ATOM   5737  O   LYS D 108     -22.303 -32.011 119.282  1.00 36.02           O
ATOM   5738  CB  LYS D 108     -19.355 -32.445 118.484  1.00 34.28           C
ATOM   5739  CG  LYS D 108     -18.623 -32.454 119.791  1.00 36.31           C
ATOM   5740  CD  LYS D 108     -17.705 -31.273 119.907  1.00 36.98           C
ATOM   5741  CE  LYS D 108     -16.504 -31.728 120.659  1.00 44.81           C
ATOM   5742  NZ  LYS D 108     -16.855 -33.094 121.165  1.00 40.45           N1+
ATOM   5743  N   ARG D 109     -21.682 -33.760 120.572  1.00 31.47           N
ATOM   5744  CA  ARG D 109     -22.636 -33.469 121.642  1.00 32.33           C
ATOM   5745  C   ARG D 109     -22.004 -33.853 122.962  1.00 30.94           C
ATOM   5746  O   ARG D 109     -20.848 -34.273 123.008  1.00 35.21           O
```

```
ATOM   5747  CB  ARG D 109     -23.957 -34.203 121.464  1.00 26.67           C
ATOM   5748  CG  ARG D 109     -23.826 -35.711 121.380  1.00 32.22           C
ATOM   5749  CD  ARG D 109     -25.081 -36.397 121.890  1.00 28.47           C
ATOM   5750  NE  ARG D 109     -25.123 -36.331 123.335  1.00 32.52           N
ATOM   5751  CZ  ARG D 109     -26.235 -36.307 124.056  1.00 28.79           C
ATOM   5752  NH1 ARG D 109     -26.159 -36.242 125.377  1.00 28.77           N1+
ATOM   5753  NH2 ARG D 109     -27.406 -36.312 123.460  1.00 25.19           N
ATOM   5754  N   THR D 110     -22.765 -33.713 124.040  1.00 27.95           N
ATOM   5755  CA  THR D 110     -22.224 -34.032 125.356  1.00 33.38           C
ATOM   5756  C   THR D 110     -22.147 -35.538 125.572  1.00 32.27           C
ATOM   5757  O   THR D 110     -22.956 -36.306 125.044  1.00 32.94           O
ATOM   5758  CB  THR D 110     -23.068 -33.429 126.468  1.00 32.63           C
ATOM   5759  OG1 THR D 110     -24.415 -33.917 126.356  1.00 28.33           O
ATOM   5760  CG2 THR D 110     -23.037 -31.936 126.370  1.00 31.15           C
ATOM   5761  N   VAL D 111     -21.145 -35.946 126.354  1.00 29.24           N
ATOM   5762  CA  VAL D 111     -20.999 -37.339 126.750  1.00 29.80           C
ATOM   5763  C   VAL D 111     -22.298 -37.861 127.374  1.00 31.10           C
ATOM   5764  O   VAL D 111     -22.978 -37.165 128.137  1.00 36.10           O
ATOM   5765  CB  VAL D 111     -19.794 -37.464 127.699  1.00 29.10           C
ATOM   5766  CG1 VAL D 111     -19.627 -38.899 128.181  1.00 32.56           C
ATOM   5767  CG2 VAL D 111     -18.522 -36.988 126.978  1.00 24.86           C
ATOM   5768  N   ALA D 112     -22.665 -39.086 127.004  1.00 30.83           N
ATOM   5769  CA  ALA D 112     -23.886 -39.735 127.460  1.00 27.58           C
ATOM   5770  C   ALA D 112     -23.597 -41.211 127.684  1.00 30.58           C
ATOM   5771  O   ALA D 112     -23.169 -41.899 126.759  1.00 35.39           O
ATOM   5772  CB  ALA D 112     -25.003 -39.561 126.435  1.00 26.61           C
ATOM   5773  N   ALA D 113     -23.828 -41.703 128.896  1.00 32.52           N
ATOM   5774  CA  ALA D 113     -23.548 -43.102 129.185  1.00 31.32           C
ATOM   5775  C   ALA D 113     -24.588 -44.017 128.544  1.00 31.91           C
ATOM   5776  O   ALA D 113     -25.757 -43.648 128.414  1.00 30.66           O
ATOM   5777  CB  ALA D 113     -23.530 -43.351 130.685  1.00 26.64           C
ATOM   5778  N   PRO D 114     -24.193 -45.222 128.150  1.00 29.42           N
ATOM   5779  CA  PRO D 114     -25.182 -46.176 127.649  1.00 29.26           C
ATOM   5780  C   PRO D 114     -26.021 -46.730 128.781  1.00 29.73           C
ATOM   5781  O   PRO D 114     -25.589 -46.804 129.925  1.00 28.84           O
ATOM   5782  CB  PRO D 114     -24.334 -47.277 127.005  1.00 27.37           C
ATOM   5783  CG  PRO D 114     -23.042 -47.236 127.766  1.00 30.02           C
ATOM   5784  CD  PRO D 114     -22.823 -45.773 128.131  1.00 29.01           C
ATOM   5785  N   SER D 115     -27.255 -47.068 128.454  1.00 28.42           N
ATOM   5786  CA  SER D 115     -28.020 -47.994 129.254  1.00 24.77           C
ATOM   5787  C   SER D 115     -27.788 -49.394 128.706  1.00 27.46           C
ATOM   5788  O   SER D 115     -27.741 -49.606 127.489  1.00 25.81           O
ATOM   5789  CB  SER D 115     -29.502 -47.638 129.221  1.00 27.83           C
ATOM   5790  OG  SER D 115     -29.644 -46.253 129.452  1.00 30.47           O
ATOM   5791  N   VAL D 116     -27.612 -50.342 129.612  1.00 26.91           N
ATOM   5792  CA  VAL D 116     -27.156 -51.679 129.275  1.00 27.26           C
ATOM   5793  C   VAL D 116     -28.258 -52.657 129.636  1.00 26.73           C
ATOM   5794  O   VAL D 116     -28.800 -52.605 130.742  1.00 33.45           O
ATOM   5795  CB  VAL D 116     -25.850 -52.032 130.010  1.00 29.29           C
ATOM   5796  CG1 VAL D 116     -25.339 -53.387 129.535  1.00 30.85           C
ATOM   5797  CG2 VAL D 116     -24.814 -50.930 129.803  1.00 24.64           C
ATOM   5798  N   PHE D 117     -28.591 -53.535 128.703  1.00 25.90           N
ATOM   5799  CA  PHE D 117     -29.585 -54.573 128.907  1.00 25.96           C
ATOM   5800  C   PHE D 117     -29.037 -55.838 128.293  1.00 27.24           C
ATOM   5801  O   PHE D 117     -28.399 -55.788 127.240  1.00 29.01           O
ATOM   5802  CB  PHE D 117     -30.930 -54.282 128.244  1.00 26.04           C
ATOM   5803  CG  PHE D 117     -31.510 -52.943 128.560  1.00 29.45           C
ATOM   5804  CD1 PHE D 117     -31.119 -51.810 127.851  1.00 28.96           C
ATOM   5805  CD2 PHE D 117     -32.523 -52.826 129.497  1.00 27.92           C
ATOM   5806  CE1 PHE D 117     -31.698 -50.590 128.119  1.00 31.67           C
ATOM   5807  CE2 PHE D 117     -33.108 -51.607 129.767  1.00 28.75           C
ATOM   5808  CZ  PHE D 117     -32.705 -50.490 129.086  1.00 31.59           C
ATOM   5809  N   ILE D 118     -29.288 -56.966 128.938  1.00 28.76           N
ATOM   5810  CA  ILE D 118     -28.835 -58.252 128.429  1.00 30.93           C
ATOM   5811  C   ILE D 118     -30.053 -59.149 128.291  1.00 27.51           C
ATOM   5812  O   ILE D 118     -30.949 -59.115 129.134  1.00 28.60           O
ATOM   5813  CB  ILE D 118     -27.764 -58.872 129.348  1.00 29.79           C
ATOM   5814  CG1 ILE D 118     -27.230 -60.167 128.757  1.00 33.20           C
ATOM   5815  CG2 ILE D 118     -28.321 -59.122 130.738  1.00 28.76           C
ATOM   5816  CD1 ILE D 118     -26.243 -60.873 129.679  1.00 35.26           C
ATOM   5817  N   PHE D 119     -30.108 -59.909 127.204  1.00 28.10           N
```

```
ATOM   5818  CA  PHE D 119     -31.241 -60.753 126.853  1.00 27.79           C
ATOM   5819  C   PHE D 119     -30.812 -62.209 126.778  1.00 32.91           C
ATOM   5820  O   PHE D 119     -29.869 -62.544 126.044  1.00 31.43           O
ATOM   5821  CB  PHE D 119     -31.858 -60.343 125.507  1.00 29.66           C
ATOM   5822  CG  PHE D 119     -32.413 -58.970 125.513  1.00 31.25           C
ATOM   5823  CD1 PHE D 119     -33.683 -58.729 126.018  1.00 26.70           C
ATOM   5824  CD2 PHE D 119     -31.659 -57.909 125.051  1.00 27.96           C
ATOM   5825  CE1 PHE D 119     -34.198 -57.450 126.055  1.00 28.84           C
ATOM   5826  CE2 PHE D 119     -32.165 -56.635 125.086  1.00 30.39           C
ATOM   5827  CZ  PHE D 119     -33.445 -56.399 125.584  1.00 27.28           C
ATOM   5828  N   PRO D 120     -31.482 -63.097 127.497  1.00 35.56           N
ATOM   5829  CA  PRO D 120     -31.187 -64.530 127.394  1.00 36.54           C
ATOM   5830  C   PRO D 120     -31.661 -65.088 126.065  1.00 34.90           C
ATOM   5831  O   PRO D 120     -32.495 -64.470 125.387  1.00 33.38           O
ATOM   5832  CB  PRO D 120     -31.987 -65.138 128.557  1.00 36.73           C
ATOM   5833  CG  PRO D 120     -32.403 -63.956 129.408  1.00 42.07           C
ATOM   5834  CD  PRO D 120     -32.546 -62.814 128.466  1.00 32.56           C
ATOM   5835  N   PRO D 121     -31.155 -66.248 125.655  1.00 33.49           N
ATOM   5836  CA  PRO D 121     -31.711 -66.900 124.463  1.00 35.36           C
ATOM   5837  C   PRO D 121     -33.137 -67.359 124.718  1.00 32.32           C
ATOM   5838  O   PRO D 121     -33.510 -67.738 125.829  1.00 33.72           O
ATOM   5839  CB  PRO D 121     -30.772 -68.091 124.225  1.00 34.18           C
ATOM   5840  CG  PRO D 121     -30.187 -68.357 125.588  1.00 34.16           C
ATOM   5841  CD  PRO D 121     -30.062 -67.026 126.262  1.00 28.95           C
ATOM   5842  N   SER D 122     -33.949 -67.282 123.672  1.00 37.30           N
ATOM   5843  CA  SER D 122     -35.326 -67.733 123.761  1.00 35.72           C
ATOM   5844  C   SER D 122     -35.386 -69.261 123.796  1.00 40.60           C
ATOM   5845  O   SER D 122     -34.510 -69.961 123.264  1.00 37.13           O
ATOM   5846  CB  SER D 122     -36.141 -67.176 122.589  1.00 30.63           C
ATOM   5847  OG  SER D 122     -35.821 -67.837 121.384  1.00 34.59           O
ATOM   5848  N   ASP D 123     -36.413 -69.776 124.481  1.00 44.14           N
ATOM   5849  CA  ASP D 123     -36.631 -71.221 124.525  1.00 47.46           C
ATOM   5850  C   ASP D 123     -36.913 -71.793 123.142  1.00 46.92           C
ATOM   5851  O   ASP D 123     -36.606 -72.964 122.884  1.00 49.21           O
ATOM   5852  CB  ASP D 123     -37.776 -71.541 125.478  1.00 54.79           C
ATOM   5853  CG  ASP D 123     -37.352 -71.471 126.921  1.00 61.77           C
ATOM   5854  OD1 ASP D 123     -36.195 -71.849 127.207  1.00 56.99           O
ATOM   5855  OD2 ASP D 123     -38.161 -71.015 127.763  1.00 71.23           O1-
ATOM   5856  N   GLU D 124     -37.480 -70.978 122.241  1.00 45.60           N
ATOM   5857  CA  GLU D 124     -37.753 -71.411 120.869  1.00 49.64           C
ATOM   5858  C   GLU D 124     -36.463 -71.644 120.084  1.00 50.62           C
ATOM   5859  O   GLU D 124     -36.383 -72.565 119.259  1.00 49.45           O
ATOM   5860  CB  GLU D 124     -38.613 -70.365 120.168  1.00 45.37           C
ATOM   5861  CG  GLU D 124     -39.053 -70.740 118.759  1.00 60.55           C
ATOM   5862  CD  GLU D 124     -39.635 -69.542 117.988  1.00 74.03           C
ATOM   5863  OE1 GLU D 124     -39.948 -68.502 118.626  1.00 67.91           O
ATOM   5864  OE2 GLU D 124     -39.760 -69.633 116.740  1.00 80.45           O1-
ATOM   5865  N   GLN D 125     -35.452 -70.799 120.309  1.00 44.68           N
ATOM   5866  CA  GLN D 125     -34.161 -70.979 119.660  1.00 44.38           C
ATOM   5867  C   GLN D 125     -33.365 -72.110 120.296  1.00 44.17           C
ATOM   5868  O   GLN D 125     -32.617 -72.803 119.596  1.00 44.30           O
ATOM   5869  CB  GLN D 125     -33.353 -69.677 119.726  1.00 38.62           C
ATOM   5870  CG  GLN D 125     -32.017 -69.721 118.987  1.00 34.83           C
ATOM   5871  CD  GLN D 125     -31.067 -68.656 119.471  1.00 36.06           C
ATOM   5872  OE1 GLN D 125     -31.232 -68.116 120.570  1.00 37.90           O
ATOM   5873  NE2 GLN D 125     -30.080 -68.328 118.652  1.00 40.51           N
ATOM   5874  N   LEU D 126     -33.515 -72.316 121.606  1.00 39.87           N
ATOM   5875  CA  LEU D 126     -32.798 -73.405 122.254  1.00 43.24           C
ATOM   5876  C   LEU D 126     -33.200 -74.756 121.683  1.00 49.92           C
ATOM   5877  O   LEU D 126     -32.343 -75.623 121.467  1.00 50.55           O
ATOM   5878  CB  LEU D 126     -33.035 -73.372 123.755  1.00 37.51           C
ATOM   5879  CG  LEU D 126     -32.229 -72.275 124.411  1.00 38.73           C
ATOM   5880  CD1 LEU D 126     -32.542 -72.240 125.881  1.00 34.97           C
ATOM   5881  CD2 LEU D 126     -30.723 -72.461 124.145  1.00 38.73           C
ATOM   5882  N   LYS D 127     -34.486 -74.933 121.365  1.00 50.02           N
ATOM   5883  CA  LYS D 127     -34.931 -76.193 120.777  1.00 50.42           C
ATOM   5884  C   LYS D 127     -34.041 -76.636 119.621  1.00 50.52           C
ATOM   5885  O   LYS D 127     -33.827 -77.838 119.434  1.00 61.34           O
ATOM   5886  CB  LYS D 127     -36.378 -76.066 120.287  1.00 54.82           C
ATOM   5887  CG  LYS D 127     -37.364 -75.491 121.309  1.00 56.44           C
ATOM   5888  CD  LYS D 127     -38.834 -75.811 120.959  1.00 64.32           C
```

```
ATOM   5889  CE  LYS D 127     -39.297 -75.170 119.628  1.00 72.71           C
ATOM   5890  NZ  LYS D 127     -39.699 -76.161 118.571  1.00 64.97           N1+
ATOM   5891  N   SER D 128     -33.470 -75.687 118.880  1.00 50.62           N
ATOM   5892  CA  SER D 128     -32.691 -75.949 117.674  1.00 48.62           C
ATOM   5893  C   SER D 128     -31.181 -76.031 117.919  1.00 52.68           C
ATOM   5894  O   SER D 128     -30.403 -76.019 116.957  1.00 53.36           O
ATOM   5895  CB  SER D 128     -32.998 -74.877 116.626  1.00 51.45           C
ATOM   5896  OG  SER D 128     -32.539 -73.605 117.065  1.00 54.76           O
ATOM   5897  N   GLY D 129     -30.742 -76.074 119.169  1.00 49.90           N
ATOM   5898  CA  GLY D 129     -29.355 -76.368 119.452  1.00 48.29           C
ATOM   5899  C   GLY D 129     -28.416 -75.187 119.533  1.00 52.26           C
ATOM   5900  O   GLY D 129     -27.243 -75.382 119.882  1.00 50.58           O
ATOM   5901  N   THR D 130     -28.886 -73.969 119.259  1.00 49.43           N
ATOM   5902  CA  THR D 130     -28.043 -72.784 119.302  1.00 44.36           C
ATOM   5903  C   THR D 130     -28.614 -71.774 120.285  1.00 44.57           C
ATOM   5904  O   THR D 130     -29.830 -71.596 120.369  1.00 45.91           O
ATOM   5905  CB  THR D 130     -27.942 -72.142 117.926  1.00 49.85           C
ATOM   5906  OG1 THR D 130     -27.337 -73.073 117.030  1.00 49.94           O
ATOM   5907  CG2 THR D 130     -27.087 -70.871 117.975  1.00 47.05           C
ATOM   5908  N   ALA D 131     -27.729 -71.098 121.008  1.00 40.05           N
ATOM   5909  CA  ALA D 131     -28.104 -70.036 121.924  1.00 38.97           C
ATOM   5910  C   ALA D 131     -27.432 -68.727 121.512  1.00 37.81           C
ATOM   5911  O   ALA D 131     -26.209 -68.683 121.329  1.00 38.34           O
ATOM   5912  CB  ALA D 131     -27.721 -70.421 123.347  1.00 38.52           C
ATOM   5913  N   SER D 132     -28.224 -67.667 121.359  1.00 33.37           N
ATOM   5914  CA  SER D 132     -27.707 -66.314 121.152  1.00 30.63           C
ATOM   5915  C   SER D 132     -28.011 -65.482 122.392  1.00 31.31           C
ATOM   5916  O   SER D 132     -29.166 -65.369 122.800  1.00 39.28           O
ATOM   5917  CB  SER D 132     -28.321 -65.659 119.913  1.00 31.88           C
ATOM   5918  OG  SER D 132     -27.968 -66.338 118.727  1.00 32.64           O
ATOM   5919  N   VAL D 133     -26.999 -64.942 123.008  1.00 32.01           N
ATOM   5920  CA  VAL D 133     -27.179 -63.987 124.097  1.00 34.18           C
ATOM   5921  C   VAL D 133     -26.944 -62.601 123.519  1.00 32.77           C
ATOM   5922  O   VAL D 133     -26.025 -62.421 122.706  1.00 31.33           O
ATOM   5923  CB  VAL D 133     -26.213 -64.294 125.261  1.00 34.59           C
ATOM   5924  CG1 VAL D 133     -26.610 -63.544 126.532  1.00 32.22           C
ATOM   5925  CG2 VAL D 133     -26.180 -65.792 125.517  1.00 30.53           C
ATOM   5926  N   VAL D 134     -27.781 -61.625 123.893  1.00 27.21           N
ATOM   5927  CA  VAL D 134     -27.711 -60.290 123.295  1.00 28.33           C
ATOM   5928  C   VAL D 134     -27.496 -59.226 124.365  1.00 28.83           C
ATOM   5929  O   VAL D 134     -28.174 -59.214 125.397  1.00 27.78           O
ATOM   5930  CB  VAL D 134     -28.950 -59.955 122.450  1.00 27.75           C
ATOM   5931  CG1 VAL D 134     -28.794 -58.585 121.858  1.00 26.08           C
ATOM   5932  CG2 VAL D 134     -29.096 -60.957 121.319  1.00 30.78           C
ATOM   5933  N   CYS D 135     -26.565 -58.313 124.092  1.00 27.54           N
ATOM   5934  CA  CYS D 135     -26.299 -57.155 124.928  1.00 31.96           C
ATOM   5935  C   CYS D 135     -26.651 -55.895 124.141  1.00 32.81           C
ATOM   5936  O   CYS D 135     -26.250 -55.760 122.979  1.00 27.82           O
ATOM   5937  CB  CYS D 135     -24.827 -57.154 125.365  1.00 32.75           C
ATOM   5938  SG  CYS D 135     -24.350 -56.013 126.697  1.00 40.27           S
ATOM   5939  N   LEU D 136     -27.422 -54.996 124.762  1.00 26.44           N
ATOM   5940  CA  LEU D 136     -27.826 -53.726 124.161  1.00 24.84           C
ATOM   5941  C   LEU D 136     -27.168 -52.559 124.898  1.00 28.43           C
ATOM   5942  O   LEU D 136     -27.375 -52.380 126.107  1.00 27.53           O
ATOM   5943  CB  LEU D 136     -29.345 -53.566 124.191  1.00 26.69           C
ATOM   5944  CG  LEU D 136     -29.908 -52.191 123.787  1.00 30.11           C
ATOM   5945  CD1 LEU D 136     -29.570 -51.875 122.330  1.00 22.63           C
ATOM   5946  CD2 LEU D 136     -31.439 -52.087 124.042  1.00 23.90           C
ATOM   5947  N   LEU D 137     -26.403 -51.746 124.169  1.00 27.96           N
ATOM   5948  CA  LEU D 137     -25.860 -50.492 124.687  1.00 24.59           C
ATOM   5949  C   LEU D 137     -26.657 -49.367 124.027  1.00 28.90           C
ATOM   5950  O   LEU D 137     -26.501 -49.096 122.830  1.00 28.52           O
ATOM   5951  CB  LEU D 137     -24.364 -50.380 124.419  1.00 20.03           C
ATOM   5952  CG  LEU D 137     -23.377 -51.186 125.271  1.00 24.15           C
ATOM   5953  CD1 LEU D 137     -23.602 -52.697 125.252  1.00 20.47           C
ATOM   5954  CD2 LEU D 137     -21.943 -50.875 124.827  1.00 21.46           C
ATOM   5955  N   ASN D 138     -27.531 -48.732 124.806  1.00 30.48           N
ATOM   5956  CA  ASN D 138     -28.551 -47.836 124.285  1.00 28.96           C
ATOM   5957  C   ASN D 138     -28.215 -46.368 124.560  1.00 31.63           C
ATOM   5958  O   ASN D 138     -27.933 -45.994 125.705  1.00 33.79           O
ATOM   5959  CB  ASN D 138     -29.904 -48.179 124.900  1.00 27.28           C
```

```
ATOM   5960  CG  ASN D 138     -31.052 -47.802 124.004  1.00 31.25           C
ATOM   5961  OD1 ASN D 138     -31.153 -48.280 122.875  1.00 36.62           O
ATOM   5962  ND2 ASN D 138     -31.880 -46.874 124.463  1.00 36.73           N
ATOM   5963  N   ASN D 139     -28.258 -45.549 123.495  1.00 33.24           N
ATOM   5964  CA  ASN D 139     -28.250 -44.074 123.524  1.00 28.78           C
ATOM   5965  C   ASN D 139     -27.036 -43.490 124.238  1.00 27.30           C
ATOM   5966  O   ASN D 139     -27.168 -42.799 125.238  1.00 35.75           O
ATOM   5967  CB  ASN D 139     -29.520 -43.529 124.171  1.00 27.41           C
ATOM   5968  CG  ASN D 139     -30.755 -43.820 123.364  1.00 34.79           C
ATOM   5969  OD1 ASN D 139     -30.693 -44.255 122.215  1.00 31.67           O
ATOM   5970  ND2 ASN D 139     -31.903 -43.606 123.985  1.00 49.31           N
ATOM   5971  N   PHE D 140     -25.853 -43.720 123.683  1.00 28.66           N
ATOM   5972  CA  PHE D 140     -24.631 -43.200 124.279  1.00 30.52           C
ATOM   5973  C   PHE D 140     -23.895 -42.295 123.301  1.00 30.45           C
ATOM   5974  O   PHE D 140     -24.127 -42.323 122.089  1.00 31.04           O
ATOM   5975  CB  PHE D 140     -23.703 -44.333 124.760  1.00 27.13           C
ATOM   5976  CG  PHE D 140     -23.324 -45.299 123.685  1.00 30.02           C
ATOM   5977  CD1 PHE D 140     -24.068 -46.450 123.482  1.00 29.03           C
ATOM   5978  CD2 PHE D 140     -22.224 -45.059 122.868  1.00 27.79           C
ATOM   5979  CE1 PHE D 140     -23.724 -47.344 122.477  1.00 28.63           C
ATOM   5980  CE2 PHE D 140     -21.869 -45.950 121.866  1.00 25.04           C
ATOM   5981  CZ  PHE D 140     -22.619 -47.090 121.666  1.00 25.93           C
ATOM   5982  N   TYR D 141     -23.033 -41.452 123.855  1.00 27.31           N
ATOM   5983  CA  TYR D 141     -22.138 -40.640 123.059  1.00 29.62           C
ATOM   5984  C   TYR D 141     -20.895 -40.416 123.882  1.00 30.14           C
ATOM   5985  O   TYR D 141     -21.002 -40.131 125.060  1.00 31.98           O
ATOM   5986  CB  TYR D 141     -22.777 -39.292 122.657  1.00 30.01           C
ATOM   5987  CG  TYR D 141     -21.868 -38.536 121.719  1.00 28.91           C
ATOM   5988  CD1 TYR D 141     -21.906 -38.764 120.356  1.00 24.75           C
ATOM   5989  CD2 TYR D 141     -20.915 -37.652 122.207  1.00 33.08           C
ATOM   5990  CE1 TYR D 141     -21.055 -38.124 119.505  1.00 27.43           C
ATOM   5991  CE2 TYR D 141     -20.049 -36.991 121.353  1.00 32.86           C
ATOM   5992  CZ  TYR D 141     -20.123 -37.233 119.999  1.00 31.49           C
ATOM   5993  OH  TYR D 141     -19.254 -36.584 119.149  1.00 29.36           O
ATOM   5994  N   PRO D 142     -19.704 -40.530 123.272  1.00 33.14           N
ATOM   5995  CA  PRO D 142     -19.424 -40.777 121.853  1.00 31.33           C
ATOM   5996  C   PRO D 142     -19.435 -42.241 121.404  1.00 31.01           C
ATOM   5997  O   PRO D 142     -19.806 -43.143 122.140  1.00 30.96           O
ATOM   5998  CB  PRO D 142     -18.028 -40.201 121.691  1.00 27.46           C
ATOM   5999  CG  PRO D 142     -17.393 -40.495 123.007  1.00 28.61           C
ATOM   6000  CD  PRO D 142     -18.464 -40.243 124.019  1.00 27.72           C
ATOM   6001  N   ARG D 143     -18.974 -42.430 120.167  1.00 35.41           N
ATOM   6002  CA  ARG D 143     -19.142 -43.686 119.441  1.00 32.43           C
ATOM   6003  C   ARG D 143     -18.410 -44.842 120.111  1.00 35.51           C
ATOM   6004  O   ARG D 143     -18.897 -45.974 120.120  1.00 39.91           O
ATOM   6005  CB  ARG D 143     -18.633 -43.477 118.018  1.00 36.16           C
ATOM   6006  CG  ARG D 143     -18.522 -44.686 117.126  1.00 44.24           C
ATOM   6007  CD  ARG D 143     -19.818 -44.835 116.397  1.00 40.17           C
ATOM   6008  NE  ARG D 143     -19.792 -45.523 115.101  1.00 38.57           N
ATOM   6009  CZ  ARG D 143     -19.299 -46.736 114.883  1.00 38.79           C
ATOM   6010  NH1 ARG D 143     -18.689 -47.407 115.852  1.00 42.03           N1+
ATOM   6011  NH2 ARG D 143     -19.395 -47.265 113.675  1.00 43.44           N
ATOM   6012  N   GLU D 144     -17.256 -44.580 120.697  1.00 31.31           N
ATOM   6013  CA  GLU D 144     -16.406 -45.662 121.160  1.00 30.73           C
ATOM   6014  C   GLU D 144     -16.975 -46.318 122.418  1.00 29.58           C
ATOM   6015  O   GLU D 144     -17.308 -45.649 123.397  1.00 32.43           O
ATOM   6016  CB  GLU D 144     -14.994 -45.126 121.391  1.00 28.89           C
ATOM   6017  CG  GLU D 144     -14.361 -44.583 120.090  1.00 45.09           C
ATOM   6018  CD  GLU D 144     -14.920 -43.198 119.638  1.00 55.20           C
ATOM   6019  OE1 GLU D 144     -15.083 -42.301 120.513  1.00 49.33           O
ATOM   6020  OE2 GLU D 144     -15.215 -43.020 118.417  1.00 49.10           O1-
ATOM   6021  N   ALA D 145     -17.065 -47.640 122.396  1.00 25.69           N
ATOM   6022  CA  ALA D 145     -17.552 -48.390 123.535  1.00 29.57           C
ATOM   6023  C   ALA D 145     -16.972 -49.792 123.452  1.00 31.44           C
ATOM   6024  O   ALA D 145     -16.702 -50.304 122.364  1.00 37.00           O
ATOM   6025  CB  ALA D 145     -19.095 -48.415 123.584  1.00 25.18           C
ATOM   6026  N   LYS D 146     -16.792 -50.416 124.607  1.00 31.28           N
ATOM   6027  CA  LYS D 146     -16.278 -51.775 124.678  1.00 35.67           C
ATOM   6028  C   LYS D 146     -17.308 -52.687 125.339  1.00 38.62           C
ATOM   6029  O   LYS D 146     -17.790 -52.390 126.436  1.00 36.49           O
ATOM   6030  CB  LYS D 146     -14.972 -51.810 125.466  1.00 33.50           C
```

```
ATOM   6031  CG  LYS D 146     -14.242 -53.136 125.440  1.00 40.82           C
ATOM   6032  CD  LYS D 146     -12.883 -53.049 126.167  1.00 52.07           C
ATOM   6033  CE  LYS D 146     -12.130 -54.385 126.127  1.00 60.61           C
ATOM   6034  NZ  LYS D 146     -10.663 -54.265 126.375  1.00 71.34           N1+
ATOM   6035  N   VAL D 147     -17.649 -53.786 124.663  1.00 35.29           N
ATOM   6036  CA  VAL D 147     -18.415 -54.883 125.242  1.00 37.00           C
ATOM   6037  C   VAL D 147     -17.443 -56.024 125.497  1.00 36.93           C
ATOM   6038  O   VAL D 147     -16.711 -56.436 124.593  1.00 43.76           O
ATOM   6039  CB  VAL D 147     -19.568 -55.348 124.331  1.00 32.86           C
ATOM   6040  CG1 VAL D 147     -20.166 -56.646 124.849  1.00 30.69           C
ATOM   6041  CG2 VAL D 147     -20.638 -54.322 124.288  1.00 31.55           C
ATOM   6042  N   GLN D 148     -17.443 -56.529 126.720  1.00 35.29           N
ATOM   6043  CA  GLN D 148     -16.699 -57.714 127.106  1.00 36.02           C
ATOM   6044  C   GLN D 148     -17.719 -58.707 127.647  1.00 37.18           C
ATOM   6045  O   GLN D 148     -18.459 -58.386 128.579  1.00 35.76           O
ATOM   6046  CB  GLN D 148     -15.637 -57.350 128.153  1.00 38.02           C
ATOM   6047  CG  GLN D 148     -14.870 -58.512 128.744  1.00 45.95           C
ATOM   6048  CD  GLN D 148     -13.798 -59.062 127.806  1.00 52.43           C
ATOM   6049  OE1 GLN D 148     -13.806 -60.255 127.467  1.00 49.60           O
ATOM   6050  NE2 GLN D 148     -12.857 -58.196 127.398  1.00 47.07           N
ATOM   6051  N   TRP D 149     -17.787 -59.886 127.037  1.00 36.10           N
ATOM   6052  CA  TRP D 149     -18.680 -60.955 127.473  1.00 37.96           C
ATOM   6053  C   TRP D 149     -17.977 -61.861 128.481  1.00 35.95           C
ATOM   6054  O   TRP D 149     -16.799 -62.191 128.318  1.00 37.64           O
ATOM   6055  CB  TRP D 149     -19.142 -61.800 126.281  1.00 33.14           C
ATOM   6056  CG  TRP D 149     -20.226 -61.240 125.409  1.00 34.49           C
ATOM   6057  CD1 TRP D 149     -20.083 -60.721 124.147  1.00 33.46           C
ATOM   6058  CD2 TRP D 149     -21.630 -61.200 125.697  1.00 36.39           C
ATOM   6059  NE1 TRP D 149     -21.301 -60.343 123.643  1.00 29.56           N
ATOM   6060  CE2 TRP D 149     -22.272 -60.620 124.571  1.00 33.79           C
ATOM   6061  CE3 TRP D 149     -22.406 -61.584 126.795  1.00 31.81           C
ATOM   6062  CZ2 TRP D 149     -23.653 -60.408 124.518  1.00 28.35           C
ATOM   6063  CZ3 TRP D 149     -23.777 -61.367 126.741  1.00 37.34           C
ATOM   6064  CH2 TRP D 149     -24.385 -60.787 125.607  1.00 31.64           C
ATOM   6065  N   LYS D 150     -18.700 -62.265 129.526  1.00 35.84           N
ATOM   6066  CA  LYS D 150     -18.195 -63.242 130.494  1.00 39.20           C
ATOM   6067  C   LYS D 150     -19.214 -64.355 130.710  1.00 34.68           C
ATOM   6068  O   LYS D 150     -20.391 -64.086 130.979  1.00 33.70           O
ATOM   6069  CB  LYS D 150     -17.856 -62.579 131.831  1.00 29.07           C
ATOM   6070  CG  LYS D 150     -16.601 -61.761 131.779  1.00 33.89           C
ATOM   6071  CD  LYS D 150     -16.602 -60.781 132.911  1.00 41.07           C
ATOM   6072  CE  LYS D 150     -15.607 -59.667 132.710  1.00 43.52           C
ATOM   6073  NZ  LYS D 150     -15.402 -58.953 134.001  1.00 45.35           N1+
ATOM   6074  N   VAL D 151     -18.756 -65.597 130.594  1.00 30.40           N
ATOM   6075  CA  VAL D 151     -19.524 -66.777 130.977  1.00 36.11           C
ATOM   6076  C   VAL D 151     -18.820 -67.400 132.176  1.00 36.89           C
ATOM   6077  O   VAL D 151     -17.662 -67.816 132.061  1.00 34.20           O
ATOM   6078  CB  VAL D 151     -19.637 -67.786 129.825  1.00 37.15           C
ATOM   6079  CG1 VAL D 151     -20.568 -68.901 130.211  1.00 34.22           C
ATOM   6080  CG2 VAL D 151     -20.111 -67.106 128.549  1.00 38.38           C
ATOM   6081  N   ASP D 152     -19.508 -67.435 133.333  1.00 40.45           N
ATOM   6082  CA  ASP D 152     -18.928 -67.863 134.626  1.00 35.46           C
ATOM   6083  C   ASP D 152     -17.564 -67.218 134.854  1.00 37.61           C
ATOM   6084  O   ASP D 152     -16.602 -67.868 135.265  1.00 40.92           O
ATOM   6085  CB  ASP D 152     -18.833 -69.391 134.739  1.00 34.39           C
ATOM   6086  CG  ASP D 152     -20.200 -70.051 134.992  1.00 43.58           C
ATOM   6087  OD1 ASP D 152     -21.057 -69.424 135.659  1.00 44.13           O
ATOM   6088  OD2 ASP D 152     -20.411 -71.206 134.549  1.00 44.21           O1-
ATOM   6089  N   ASN D 153     -17.493 -65.920 134.560  1.00 36.04           N
ATOM   6090  CA  ASN D 153     -16.305 -65.088 134.682  1.00 34.97           C
ATOM   6091  C   ASN D 153     -15.188 -65.521 133.737  1.00 37.78           C
ATOM   6092  O   ASN D 153     -14.015 -65.140 133.922  1.00 36.32           O
ATOM   6093  CB  ASN D 153     -15.802 -65.009 136.126  1.00 33.76           C
ATOM   6094  CG  ASN D 153     -15.114 -63.678 136.417  1.00 42.55           C
ATOM   6095  OD1 ASN D 153     -15.704 -62.598 136.248  1.00 42.84           O
ATOM   6096  ND2 ASN D 153     -13.853 -63.747 136.831  1.00 46.83           N
ATOM   6097  N   ALA D 154     -15.521 -66.293 132.706  1.00 34.52           N
ATOM   6098  CA  ALA D 154     -14.577 -66.555 131.629  1.00 35.50           C
ATOM   6099  C   ALA D 154     -14.784 -65.526 130.521  1.00 38.64           C
ATOM   6100  O   ALA D 154     -15.880 -65.417 129.954  1.00 35.76           O
ATOM   6101  CB  ALA D 154     -14.727 -67.973 131.090  1.00 31.21           C
```

```
ATOM   6102  N   LEU D 155     -13.725 -64.775 130.223  1.00 39.22           N
ATOM   6103  CA  LEU D 155     -13.728 -63.839 129.108  1.00 34.49           C
ATOM   6104  C   LEU D 155     -13.970 -64.578 127.815  1.00 31.95           C
ATOM   6105  O   LEU D 155     -13.276 -65.550 127.518  1.00 33.49           O
ATOM   6106  CB  LEU D 155     -12.391 -63.125 129.038  1.00 36.99           C
ATOM   6107  CG  LEU D 155     -12.350 -61.800 129.779  1.00 48.06           C
ATOM   6108  CD1 LEU D 155     -12.181 -62.015 131.301  1.00 43.48           C
ATOM   6109  CD2 LEU D 155     -11.219 -60.978 129.190  1.00 51.82           C
ATOM   6110  N   GLN D 156     -14.996 -64.166 127.080  1.00 36.40           N
ATOM   6111  CA  GLN D 156     -15.212 -64.660 125.725  1.00 35.33           C
ATOM   6112  C   GLN D 156     -14.505 -63.750 124.725  1.00 31.08           C
ATOM   6113  O   GLN D 156     -14.665 -62.526 124.763  1.00 36.72           O
ATOM   6114  CB  GLN D 156     -16.703 -64.738 125.398  1.00 32.10           C
ATOM   6115  CG  GLN D 156     -17.523 -65.447 126.450  1.00 35.66           C
ATOM   6116  CD  GLN D 156     -17.059 -66.878 126.701  1.00 36.63           C
ATOM   6117  OE1 GLN D 156     -17.090 -67.722 125.804  1.00 31.49           O
ATOM   6118  NE2 GLN D 156     -16.638 -67.153 127.929  1.00 35.80           N
ATOM   6119  N   SER D 157     -13.790 -64.354 123.795  1.00 24.35           N
ATOM   6120  CA  SER D 157     -13.068 -63.629 122.758  1.00 27.71           C
ATOM   6121  C   SER D 157     -13.201 -64.434 121.474  1.00 29.57           C
ATOM   6122  O   SER D 157     -12.715 -65.562 121.405  1.00 31.81           O
ATOM   6123  CB  SER D 157     -11.607 -63.449 123.142  1.00 27.38           C
ATOM   6124  OG  SER D 157     -10.897 -62.800 122.115  1.00 32.95           O
ATOM   6125  N   GLY D 158     -13.880 -63.886 120.474  1.00 25.60           N
ATOM   6126  CA  GLY D 158     -13.995 -64.518 119.171  1.00 23.02           C
ATOM   6127  C   GLY D 158     -15.329 -65.156 118.862  1.00 31.71           C
ATOM   6128  O   GLY D 158     -15.544 -65.567 117.710  1.00 30.83           O
ATOM   6129  N   ASN D 159     -16.253 -65.223 119.824  1.00 28.19           N
ATOM   6130  CA  ASN D 159     -17.529 -65.872 119.572  1.00 22.12           C
ATOM   6131  C   ASN D 159     -18.686 -64.886 119.660  1.00 25.52           C
ATOM   6132  O   ASN D 159     -19.803 -65.268 120.002  1.00 26.86           O
ATOM   6133  CB  ASN D 159     -17.749 -67.054 120.516  1.00 25.99           C
ATOM   6134  CG  ASN D 159     -17.495 -66.712 121.997  1.00 31.94           C
ATOM   6135  OD1 ASN D 159     -17.103 -65.589 122.345  1.00 28.21           O
ATOM   6136  ND2 ASN D 159     -17.712 -67.706 122.875  1.00 27.51           N
ATOM   6137  N   SER D 160     -18.445 -63.625 119.295  1.00 27.33           N
ATOM   6138  CA  SER D 160     -19.484 -62.606 119.297  1.00 26.68           C
ATOM   6139  C   SER D 160     -19.310 -61.677 118.099  1.00 24.99           C
ATOM   6140  O   SER D 160     -18.224 -61.571 117.525  1.00 29.23           O
ATOM   6141  CB  SER D 160     -19.475 -61.812 120.614  1.00 27.08           C
ATOM   6142  OG  SER D 160     -18.327 -61.009 120.707  1.00 26.36           O
ATOM   6143  N   GLN D 161     -20.407 -61.024 117.708  1.00 24.70           N
ATOM   6144  CA  GLN D 161     -20.404 -59.998 116.667  1.00 24.60           C
ATOM   6145  C   GLN D 161     -21.192 -58.766 117.128  1.00 29.81           C
ATOM   6146  O   GLN D 161     -21.972 -58.818 118.082  1.00 31.67           O
ATOM   6147  CB  GLN D 161     -20.954 -60.560 115.380  1.00 22.23           C
ATOM   6148  CG  GLN D 161     -20.025 -61.563 114.752  1.00 24.29           C
ATOM   6149  CD  GLN D 161     -20.631 -62.200 113.532  1.00 27.64           C
ATOM   6150  OE1 GLN D 161     -21.466 -63.098 113.629  1.00 32.76           O
ATOM   6151  NE2 GLN D 161     -20.246 -61.717 112.372  1.00 23.06           N
ATOM   6152  N   GLU D 162     -20.965 -57.641 116.458  1.00 30.47           N
ATOM   6153  CA  GLU D 162     -21.462 -56.341 116.919  1.00 34.77           C
ATOM   6154  C   GLU D 162     -21.983 -55.478 115.772  1.00 30.23           C
ATOM   6155  O   GLU D 162     -21.425 -55.485 114.678  1.00 26.52           O
ATOM   6156  CB  GLU D 162     -20.360 -55.528 117.568  1.00 32.41           C
ATOM   6157  CG  GLU D 162     -20.266 -55.519 119.031  1.00 32.77           C
ATOM   6158  CD  GLU D 162     -19.053 -54.695 119.437  1.00 41.06           C
ATOM   6159  OE1 GLU D 162     -18.443 -54.075 118.530  1.00 38.20           O
ATOM   6160  OE2 GLU D 162     -18.704 -54.667 120.637  1.00 50.77           O1-
ATOM   6161  N   SER D 163     -22.953 -54.617 116.084  1.00 27.60           N
ATOM   6162  CA  SER D 163     -23.426 -53.583 115.170  1.00 27.13           C
ATOM   6163  C   SER D 163     -23.656 -52.284 115.923  1.00 25.97           C
ATOM   6164  O   SER D 163     -24.105 -52.299 117.068  1.00 26.91           O
ATOM   6165  CB  SER D 163     -24.781 -53.931 114.531  1.00 29.47           C
ATOM   6166  OG  SER D 163     -24.662 -54.692 113.366  1.00 32.02           O
ATOM   6167  N   VAL D 164     -23.422 -51.161 115.243  1.00 20.54           N
ATOM   6168  CA  VAL D 164     -23.727 -49.843 115.781  1.00 23.87           C
ATOM   6169  C   VAL D 164     -24.632 -49.109 114.794  1.00 25.79           C
ATOM   6170  O   VAL D 164     -24.411 -49.146 113.580  1.00 28.96           O
ATOM   6171  CB  VAL D 164     -22.451 -49.022 116.079  1.00 27.40           C
ATOM   6172  CG1 VAL D 164     -22.804 -47.685 116.731  1.00 26.22           C
```

```
ATOM   6173  CG2 VAL D 164     -21.543 -49.782 116.997  1.00 25.86           C
ATOM   6174  N   THR D 165     -25.645 -48.432 115.318  1.00 22.06           N
ATOM   6175  CA  THR D 165     -26.530 -47.661 114.471  1.00 26.12           C
ATOM   6176  C   THR D 165     -25.845 -46.376 113.991  1.00 27.66           C
ATOM   6177  O   THR D 165     -24.781 -45.984 114.468  1.00 24.77           O
ATOM   6178  CB  THR D 165     -27.813 -47.311 115.216  1.00 27.08           C
ATOM   6179  OG1 THR D 165     -27.482 -46.765 116.504  1.00 27.47           O
ATOM   6180  CG2 THR D 165     -28.688 -48.544 115.355  1.00 26.44           C
ATOM   6181  N   GLU D 166     -26.479 -45.719 113.023  1.00 27.00           N
ATOM   6182  CA  GLU D 166     -26.079 -44.370 112.686  1.00 27.71           C
ATOM   6183  C   GLU D 166     -26.495 -43.432 113.817  1.00 33.03           C
ATOM   6184  O   GLU D 166     -27.359 -43.761 114.640  1.00 33.28           O
ATOM   6185  CB  GLU D 166     -26.689 -43.951 111.339  1.00 30.38           C
ATOM   6186  CG  GLU D 166     -26.119 -44.711 110.120  1.00 25.40           C
ATOM   6187  CD  GLU D 166     -24.599 -44.606 110.040  1.00 38.65           C
ATOM   6188  OE1 GLU D 166     -24.038 -43.552 110.423  1.00 46.73           O
ATOM   6189  OE2 GLU D 166     -23.946 -45.597 109.652  1.00 40.23           O1-
ATOM   6190  N   GLN D 167     -25.866 -42.254 113.856  1.00 29.35           N
ATOM   6191  CA  GLN D 167     -26.181 -41.280 114.885  1.00 27.68           C
ATOM   6192  C   GLN D 167     -27.675 -40.977 114.888  1.00 30.18           C
ATOM   6193  O   GLN D 167     -28.273 -40.743 113.841  1.00 28.88           O
ATOM   6194  CB  GLN D 167     -25.371 -40.014 114.663  1.00 26.86           C
ATOM   6195  CG  GLN D 167     -25.050 -39.318 115.952  1.00 30.75           C
ATOM   6196  CD  GLN D 167     -24.012 -38.230 115.810  1.00 30.88           C
ATOM   6197  OE1 GLN D 167     -23.630 -37.851 114.707  1.00 26.28           O
ATOM   6198  NE2 GLN D 167     -23.526 -37.741 116.942  1.00 31.17           N
ATOM   6199  N   ASP D 168     -28.284 -40.993 116.073  1.00 32.93           N
ATOM   6200  CA  ASP D 168     -29.740 -40.995 116.145  1.00 30.89           C
ATOM   6201  C   ASP D 168     -30.322 -39.647 115.730  1.00 32.78           C
ATOM   6202  O   ASP D 168     -29.864 -38.588 116.175  1.00 32.90           O
ATOM   6203  CB  ASP D 168     -30.198 -41.372 117.553  1.00 31.28           C
ATOM   6204  CG  ASP D 168     -31.716 -41.521 117.659  1.00 38.67           C
ATOM   6205  OD2 ASP D 168     -32.352 -40.708 118.357  1.00 38.36           O
ATOM   6206  OD1 ASP D 168     -32.272 -42.488 117.088  1.00 46.18           O1-
ATOM   6207  N   SER D 169     -31.354 -39.697 114.883  1.00 39.01           N
ATOM   6208  CA  SER D 169     -31.955 -38.482 114.346  1.00 32.75           C
ATOM   6209  C   SER D 169     -32.582 -37.588 115.413  1.00 37.05           C
ATOM   6210  O   SER D 169     -32.812 -36.404 115.145  1.00 38.37           O
ATOM   6211  CB  SER D 169     -33.001 -38.845 113.284  1.00 39.20           C
ATOM   6212  OG  SER D 169     -34.079 -39.588 113.824  1.00 50.23           O
ATOM   6213  N   LYS D 170     -32.814 -38.077 116.629  1.00 34.51           N
ATOM   6214  CA  LYS D 170     -33.421 -37.203 117.625  1.00 34.07           C
ATOM   6215  C   LYS D 170     -32.468 -36.701 118.701  1.00 33.50           C
ATOM   6216  O   LYS D 170     -32.589 -35.552 119.108  1.00 37.46           O
ATOM   6217  CB  LYS D 170     -34.629 -37.888 118.275  1.00 37.63           C
ATOM   6218  CG  LYS D 170     -35.389 -37.006 119.243  1.00 37.03           C
ATOM   6219  CD  LYS D 170     -36.331 -37.786 120.178  1.00 38.46           C
ATOM   6220  CE  LYS D 170     -37.575 -38.283 119.424  1.00 45.87           C
ATOM   6221  NZ  LYS D 170     -38.639 -38.916 120.302  1.00 39.82           N1+
ATOM   6222  N   ASP D 171     -31.531 -37.506 119.210  1.00 36.72           N
ATOM   6223  CA  ASP D 171     -30.652 -37.034 120.285  1.00 30.44           C
ATOM   6224  C   ASP D 171     -29.163 -37.175 119.956  1.00 31.83           C
ATOM   6225  O   ASP D 171     -28.327 -37.027 120.864  1.00 24.40           O
ATOM   6226  CB  ASP D 171     -30.977 -37.745 121.621  1.00 24.58           C
ATOM   6227  CG  ASP D 171     -30.724 -39.290 121.598  1.00 37.38           C
ATOM   6228  OD1 ASP D 171     -29.900 -39.800 120.803  1.00 38.28           O
ATOM   6229  OD2 ASP D 171     -31.345 -40.026 122.402  1.00 44.17           O1-
ATOM   6230  N   SER D 172     -28.814 -37.467 118.691  1.00 27.49           N
ATOM   6231  CA  SER D 172     -27.433 -37.542 118.210  1.00 29.50           C
ATOM   6232  C   SER D 172     -26.575 -38.575 118.954  1.00 33.88           C
ATOM   6233  O   SER D 172     -25.339 -38.428 119.009  1.00 32.88           O
ATOM   6234  CB  SER D 172     -26.756 -36.167 118.283  1.00 28.79           C
ATOM   6235  OG  SER D 172     -27.503 -35.209 117.557  1.00 32.16           O
ATOM   6236  N   THR D 173     -27.185 -39.602 119.550  1.00 25.27           N
ATOM   6237  CA  THR D 173     -26.443 -40.663 120.214  1.00 26.81           C
ATOM   6238  C   THR D 173     -26.265 -41.868 119.287  1.00 28.18           C
ATOM   6239  O   THR D 173     -26.791 -41.932 118.163  1.00 26.72           O
ATOM   6240  CB  THR D 173     -27.127 -41.101 121.529  1.00 29.20           C
ATOM   6241  OG1 THR D 173     -28.454 -41.578 121.279  1.00 26.42           O
ATOM   6242  CG2 THR D 173     -27.181 -39.948 122.547  1.00 27.06           C
ATOM   6243  N   TYR D 174     -25.492 -42.824 119.787  1.00 24.11           N
```

```
ATOM   6244  CA  TYR D 174     -25.252 -44.113 119.162  1.00 25.18           C
ATOM   6245  C   TYR D 174     -25.858 -45.225 120.001  1.00 27.09           C
ATOM   6246  O   TYR D 174     -25.925 -45.130 121.232  1.00 26.92           O
ATOM   6247  CB  TYR D 174     -23.740 -44.371 118.993  1.00 24.71           C
ATOM   6248  CG  TYR D 174     -23.145 -43.461 117.980  1.00 27.06           C
ATOM   6249  CD1 TYR D 174     -23.212 -43.778 116.625  1.00 23.86           C
ATOM   6250  CD2 TYR D 174     -22.587 -42.234 118.355  1.00 29.38           C
ATOM   6251  CE1 TYR D 174     -22.697 -42.931 115.671  1.00 28.55           C
ATOM   6252  CE2 TYR D 174     -22.060 -41.366 117.397  1.00 28.07           C
ATOM   6253  CZ  TYR D 174     -22.125 -41.719 116.053  1.00 30.70           C
ATOM   6254  OH  TYR D 174     -21.626 -40.882 115.081  1.00 29.66           O
ATOM   6255  N   SER D 175     -26.220 -46.318 119.329  1.00 29.12           N
ATOM   6256  CA  SER D 175     -26.623 -47.546 120.005  1.00 29.70           C
ATOM   6257  C   SER D 175     -25.851 -48.723 119.437  1.00 27.77           C
ATOM   6258  O   SER D 175     -25.515 -48.748 118.252  1.00 26.37           O
ATOM   6259  CB  SER D 175     -28.127 -47.796 119.868  1.00 28.32           C
ATOM   6260  OG  SER D 175     -28.822 -46.950 120.755  1.00 29.89           O
ATOM   6261  N   LEU D 176     -25.615 -49.725 120.284  1.00 29.44           N
ATOM   6262  CA  LEU D 176     -24.808 -50.884 119.918  1.00 26.61           C
ATOM   6263  C   LEU D 176     -25.499 -52.174 120.346  1.00 25.01           C
ATOM   6264  O   LEU D 176     -26.055 -52.255 121.444  1.00 25.06           O
ATOM   6265  CB  LEU D 176     -23.412 -50.791 120.557  1.00 23.61           C
ATOM   6266  CG  LEU D 176     -22.361 -51.831 120.176  1.00 26.86           C
ATOM   6267  CD1 LEU D 176     -20.995 -51.225 120.278  1.00 28.36           C
ATOM   6268  CD2 LEU D 176     -22.428 -53.052 121.099  1.00 25.35           C
ATOM   6269  N   SER D 177     -25.405 -53.202 119.500  1.00 26.18           N
ATOM   6270  CA  SER D 177     -25.932 -54.536 119.789  1.00 25.92           C
ATOM   6271  C   SER D 177     -24.840 -55.587 119.589  1.00 25.55           C
ATOM   6272  O   SER D 177     -24.136 -55.566 118.577  1.00 30.42           O
ATOM   6273  CB  SER D 177     -27.142 -54.840 118.895  1.00 30.52           C
ATOM   6274  OG  SER D 177     -27.570 -56.176 119.035  1.00 31.20           O
ATOM   6275  N   SER D 178     -24.668 -56.474 120.574  1.00 28.18           N
ATOM   6276  CA  SER D 178     -23.659 -57.527 120.542  1.00 25.27           C
ATOM   6277  C   SER D 178     -24.288 -58.885 120.794  1.00 26.75           C
ATOM   6278  O   SER D 178     -25.102 -59.040 121.705  1.00 31.18           O
ATOM   6279  CB  SER D 178     -22.560 -57.312 121.568  1.00 30.71           C
ATOM   6280  OG  SER D 178     -21.592 -58.348 121.447  1.00 32.24           O
ATOM   6281  N   THR D 179     -23.888 -59.880 120.010  1.00 27.93           N
ATOM   6282  CA  THR D 179     -24.458 -61.220 120.122  1.00 29.75           C
ATOM   6283  C   THR D 179     -23.379 -62.248 120.444  1.00 31.38           C
ATOM   6284  O   THR D 179     -22.529 -62.546 119.604  1.00 25.41           O
ATOM   6285  CB  THR D 179     -25.160 -61.608 118.837  1.00 32.19           C
ATOM   6286  OG1 THR D 179     -26.110 -60.586 118.488  1.00 42.39           O
ATOM   6287  CG2 THR D 179     -25.841 -62.933 119.026  1.00 33.94           C
ATOM   6288  N   LEU D 180     -23.448 -62.822 121.641  1.00 33.64           N
ATOM   6289  CA  LEU D 180     -22.651 -63.988 121.989  1.00 26.84           C
ATOM   6290  C   LEU D 180     -23.377 -65.233 121.509  1.00 28.96           C
ATOM   6291  O   LEU D 180     -24.576 -65.383 121.759  1.00 33.24           O
ATOM   6292  CB  LEU D 180     -22.446 -64.042 123.496  1.00 26.91           C
ATOM   6293  CG  LEU D 180     -21.584 -65.169 124.035  1.00 32.83           C
ATOM   6294  CD1 LEU D 180     -20.179 -64.954 123.541  1.00 32.39           C
ATOM   6295  CD2 LEU D 180     -21.624 -65.196 125.566  1.00 35.83           C
ATOM   6296  N   THR D 181     -22.683 -66.101 120.784  1.00 24.60           N
ATOM   6297  CA  THR D 181     -23.289 -67.321 120.267  1.00 29.40           C
ATOM   6298  C   THR D 181     -22.656 -68.546 120.928  1.00 35.38           C
ATOM   6299  O   THR D 181     -21.430 -68.622 121.063  1.00 32.82           O
ATOM   6300  CB  THR D 181     -23.162 -67.393 118.744  1.00 29.01           C
ATOM   6301  OG1 THR D 181     -23.762 -66.235 118.169  1.00 36.58           O
ATOM   6302  CG2 THR D 181     -23.943 -68.571 118.214  1.00 35.08           C
ATOM   6303  N   LEU D 182     -23.499 -69.481 121.375  1.00 33.54           N
ATOM   6304  CA  LEU D 182     -23.061 -70.743 121.957  1.00 31.73           C
ATOM   6305  C   LEU D 182     -23.908 -71.860 121.379  1.00 38.06           C
ATOM   6306  O   LEU D 182     -25.010 -71.638 120.866  1.00 39.76           O
ATOM   6307  CB  LEU D 182     -23.242 -70.791 123.473  1.00 34.20           C
ATOM   6308  CG  LEU D 182     -22.667 -69.731 124.395  1.00 37.93           C
ATOM   6309  CD1 LEU D 182     -23.089 -70.021 125.827  1.00 39.29           C
ATOM   6310  CD2 LEU D 182     -21.154 -69.692 124.276  1.00 41.23           C
ATOM   6311  N   SER D 183     -23.401 -73.075 121.491  1.00 41.78           N
ATOM   6312  CA  SER D 183     -24.276 -74.218 121.302  1.00 41.97           C
ATOM   6313  C   SER D 183     -25.171 -74.354 122.533  1.00 40.93           C
ATOM   6314  O   SER D 183     -24.832 -73.874 123.619  1.00 39.70           O
```

```
ATOM   6315  CB  SER D 183     -23.449 -75.481 121.071  1.00 42.62           C
ATOM   6316  OG  SER D 183     -22.677 -75.783 122.224  1.00 45.39           O
ATOM   6317  N   LYS D 184     -26.323 -75.017 122.368  1.00 38.98           N
ATOM   6318  CA  LYS D 184     -27.172 -75.267 123.536  1.00 46.77           C
ATOM   6319  C   LYS D 184     -26.428 -76.067 124.602  1.00 45.69           C
ATOM   6320  O   LYS D 184     -26.586 -75.820 125.806  1.00 44.13           O
ATOM   6321  CB  LYS D 184     -28.465 -75.982 123.135  1.00 52.78           C
ATOM   6322  CG  LYS D 184     -29.383 -76.279 124.334  1.00 45.82           C
ATOM   6323  CD  LYS D 184     -30.721 -76.916 123.925  1.00 49.11           C
ATOM   6324  CE  LYS D 184     -30.567 -78.342 123.414  1.00 56.53           C
ATOM   6325  NZ  LYS D 184     -31.811 -78.834 122.761  1.00 58.33           N1+
ATOM   6326  N   ALA D 185     -25.599 -77.019 124.172  1.00 44.49           N
ATOM   6327  CA  ALA D 185     -24.835 -77.822 125.116  1.00 44.16           C
ATOM   6328  C   ALA D 185     -23.903 -76.953 125.958  1.00 46.66           C
ATOM   6329  O   ALA D 185     -23.932 -77.018 127.193  1.00 48.01           O
ATOM   6330  CB  ALA D 185     -24.067 -78.902 124.363  1.00 43.48           C
ATOM   6331  N   ASP D 186     -23.057 -76.142 125.307  1.00 47.56           N
ATOM   6332  CA  ASP D 186     -22.203 -75.208 126.042  1.00 43.67           C
ATOM   6333  C   ASP D 186     -23.040 -74.263 126.887  1.00 41.82           C
ATOM   6334  O   ASP D 186     -22.744 -74.029 128.065  1.00 43.44           O
ATOM   6335  CB  ASP D 186     -21.334 -74.400 125.079  1.00 47.25           C
ATOM   6336  CG  ASP D 186     -20.218 -75.210 124.472  1.00 49.80           C
ATOM   6337  OD1 ASP D 186     -19.524 -75.925 125.218  1.00 51.32           O
ATOM   6338  OD2 ASP D 186     -20.038 -75.131 123.241  1.00 59.81           O1-
ATOM   6339  N   TYR D 187     -24.100 -73.713 126.296  1.00 42.10           N
ATOM   6340  CA  TYR D 187     -24.958 -72.799 127.030  1.00 42.00           C
ATOM   6341  C   TYR D 187     -25.446 -73.439 128.322  1.00 40.74           C
ATOM   6342  O   TYR D 187     -25.462 -72.797 129.381  1.00 36.12           O
ATOM   6343  CB  TYR D 187     -26.148 -72.356 126.154  1.00 35.24           C
ATOM   6344  CG  TYR D 187     -27.113 -71.482 126.924  1.00 36.73           C
ATOM   6345  CD1 TYR D 187     -26.712 -70.236 127.403  1.00 33.83           C
ATOM   6346  CD2 TYR D 187     -28.407 -71.905 127.202  1.00 37.83           C
ATOM   6347  CE1 TYR D 187     -27.570 -69.443 128.137  1.00 35.37           C
ATOM   6348  CE2 TYR D 187     -29.278 -71.112 127.932  1.00 36.87           C
ATOM   6349  CZ  TYR D 187     -28.848 -69.883 128.404  1.00 34.37           C
ATOM   6350  OH  TYR D 187     -29.704 -69.082 129.125  1.00 33.53           O
ATOM   6351  N   GLU D 188     -25.818 -74.715 128.266  1.00 44.28           N
ATOM   6352  CA  GLU D 188     -26.463 -75.311 129.426  1.00 48.57           C
ATOM   6353  C   GLU D 188     -25.494 -75.827 130.473  1.00 44.50           C
ATOM   6354  O   GLU D 188     -25.954 -76.294 131.513  1.00 43.86           O
ATOM   6355  CB  GLU D 188     -27.384 -76.431 128.984  1.00 46.87           C
ATOM   6356  CG  GLU D 188     -28.803 -75.966 128.881  1.00 52.89           C
ATOM   6357  CD  GLU D 188     -29.586 -76.862 127.993  1.00 60.48           C
ATOM   6358  OE1 GLU D 188     -28.963 -77.811 127.472  1.00 63.90           O
ATOM   6359  OE2 GLU D 188     -30.800 -76.623 127.817  1.00 70.92           O1-
ATOM   6360  N   LYS D 189     -24.184 -75.709 130.249  1.00 42.21           N
ATOM   6361  CA  LYS D 189     -23.166 -76.082 131.214  1.00 34.10           C
ATOM   6362  C   LYS D 189     -22.659 -74.905 132.027  1.00 41.19           C
ATOM   6363  O   LYS D 189     -21.617 -75.025 132.675  1.00 43.76           O
ATOM   6364  CB  LYS D 189     -21.981 -76.727 130.501  1.00 42.21           C
ATOM   6365  CG  LYS D 189     -22.277 -78.025 129.749  1.00 49.04           C
ATOM   6366  CD  LYS D 189     -21.065 -78.418 128.889  1.00 50.62           C
ATOM   6367  CE  LYS D 189     -21.332 -79.669 128.071  1.00 61.29           C
ATOM   6368  NZ  LYS D 189     -20.165 -79.960 127.197  1.00 67.56           N1+
ATOM   6369  N   HIS D 190     -23.349 -73.768 132.011  1.00 40.38           N
ATOM   6370  CA  HIS D 190     -22.850 -72.595 132.712  1.00 37.11           C
ATOM   6371  C   HIS D 190     -24.018 -71.833 133.309  1.00 37.04           C
ATOM   6372  O   HIS D 190     -25.167 -72.014 132.913  1.00 39.95           O
ATOM   6373  CB  HIS D 190     -22.044 -71.702 131.782  1.00 41.03           C
ATOM   6374  CG  HIS D 190     -20.840 -72.376 131.212  1.00 41.24           C
ATOM   6375  ND1 HIS D 190     -19.759 -72.747 131.983  1.00 41.48           N
ATOM   6376  CD2 HIS D 190     -20.560 -72.778 129.951  1.00 39.46           C
ATOM   6377  CE1 HIS D 190     -18.856 -73.333 131.218  1.00 36.30           C
ATOM   6378  NE2 HIS D 190     -19.320 -73.368 129.981  1.00 39.82           N
ATOM   6379  N   LYS D 191     -23.719 -70.969 134.270  1.00 34.63           N
ATOM   6380  CA  LYS D 191     -24.775 -70.340 135.046  1.00 45.76           C
ATOM   6381  C   LYS D 191     -24.874 -68.842 134.790  1.00 46.36           C
ATOM   6382  O   LYS D 191     -25.944 -68.357 134.407  1.00 46.07           O
ATOM   6383  CB  LYS D 191     -24.566 -70.607 136.548  1.00 42.22           C
ATOM   6384  CG  LYS D 191     -25.568 -69.875 137.451  1.00 49.74           C
ATOM   6385  CD  LYS D 191     -25.227 -70.029 138.954  1.00 59.90           C
```

```
ATOM   6386  CE  LYS D 191     -26.350 -69.510 139.853  1.00 60.67           C
ATOM   6387  NZ  LYS D 191     -26.031 -69.671 141.293  1.00 66.07           N1+
ATOM   6388  N   VAL D 192     -23.782 -68.100 134.968  1.00 39.06           N
ATOM   6389  CA  VAL D 192     -23.809 -66.644 134.941  1.00 38.75           C
ATOM   6390  C   VAL D 192     -23.378 -66.173 133.553  1.00 39.96           C
ATOM   6391  O   VAL D 192     -22.277 -66.490 133.091  1.00 41.97           O
ATOM   6392  CB  VAL D 192     -22.906 -66.063 136.039  1.00 36.31           C
ATOM   6393  CG1 VAL D 192     -22.876 -64.544 135.989  1.00 34.38           C
ATOM   6394  CG2 VAL D 192     -23.360 -66.548 137.380  1.00 41.02           C
ATOM   6395  N   TYR D 193     -24.241 -65.414 132.886  1.00 38.30           N
ATOM   6396  CA  TYR D 193     -23.924 -64.789 131.608  1.00 35.90           C
ATOM   6397  C   TYR D 193     -23.862 -63.290 131.845  1.00 33.90           C
ATOM   6398  O   TYR D 193     -24.747 -62.734 132.487  1.00 36.52           O
ATOM   6399  CB  TYR D 193     -24.957 -65.165 130.534  1.00 31.33           C
ATOM   6400  CG  TYR D 193     -24.828 -66.629 130.183  1.00 35.91           C
ATOM   6401  CD1 TYR D 193     -25.458 -67.608 130.950  1.00 38.83           C
ATOM   6402  CD2 TYR D 193     -23.971 -67.049 129.171  1.00 38.88           C
ATOM   6403  CE1 TYR D 193     -25.297 -68.968 130.671  1.00 36.63           C
ATOM   6404  CE2 TYR D 193     -23.799 -68.410 128.885  1.00 39.70           C
ATOM   6405  CZ  TYR D 193     -24.461 -69.359 129.646  1.00 36.21           C
ATOM   6406  OH  TYR D 193     -24.302 -70.691 129.360  1.00 37.29           O
ATOM   6407  N   ALA D 194     -22.791 -62.646 131.400  1.00 33.30           N
ATOM   6408  CA  ALA D 194     -22.654 -61.226 131.670  1.00 34.22           C
ATOM   6409  C   ALA D 194     -22.000 -60.510 130.488  1.00 36.04           C
ATOM   6410  O   ALA D 194     -21.164 -61.083 129.782  1.00 35.02           O
ATOM   6411  CB  ALA D 194     -21.857 -61.026 132.952  1.00 29.25           C
ATOM   6412  N   CYS D 195     -22.396 -59.254 130.263  1.00 32.88           N
ATOM   6413  CA  CYS D 195     -21.638 -58.361 129.389  1.00 39.71           C
ATOM   6414  C   CYS D 195     -21.246 -57.121 130.170  1.00 37.39           C
ATOM   6415  O   CYS D 195     -22.084 -56.498 130.839  1.00 33.62           O
ATOM   6416  CB  CYS D 195     -22.382 -57.939 128.108  1.00 39.73           C
ATOM   6417  SG  CYS D 195     -23.983 -57.183 128.349  1.00 55.69           S
ATOM   6418  N   GLU D 196     -19.981 -56.753 130.035  1.00 33.07           N
ATOM   6419  CA  GLU D 196     -19.377 -55.641 130.742  1.00 38.70           C
ATOM   6420  C   GLU D 196     -19.127 -54.523 129.734  1.00 35.02           C
ATOM   6421  O   GLU D 196     -18.610 -54.777 128.639  1.00 28.28           O
ATOM   6422  CB  GLU D 196     -18.078 -56.104 131.410  1.00 35.85           C
ATOM   6423  CG  GLU D 196     -17.366 -55.070 132.220  1.00 39.77           C
ATOM   6424  CD  GLU D 196     -15.962 -55.516 132.610  1.00 46.03           C
ATOM   6425  OE1 GLU D 196     -15.435 -56.465 131.988  1.00 40.61           O
ATOM   6426  OE2 GLU D 196     -15.373 -54.880 133.511  1.00 57.77           O1-
ATOM   6427  N   VAL D 197     -19.512 -53.297 130.097  1.00 34.66           N
ATOM   6428  CA  VAL D 197     -19.563 -52.169 129.169  1.00 35.82           C
ATOM   6429  C   VAL D 197     -18.595 -51.112 129.680  1.00 34.18           C
ATOM   6430  O   VAL D 197     -18.751 -50.610 130.797  1.00 35.27           O
ATOM   6431  CB  VAL D 197     -20.993 -51.601 129.024  1.00 31.64           C
ATOM   6432  CG1 VAL D 197     -21.014 -50.336 128.159  1.00 28.99           C
ATOM   6433  CG2 VAL D 197     -21.944 -52.640 128.462  1.00 28.78           C
ATOM   6434  N   THR D 198     -17.577 -50.805 128.883  1.00 33.99           N
ATOM   6435  CA  THR D 198     -16.654 -49.718 129.164  1.00 32.70           C
ATOM   6436  C   THR D 198     -16.983 -48.563 128.229  1.00 40.52           C
ATOM   6437  O   THR D 198     -17.023 -48.743 127.005  1.00 37.25           O
ATOM   6438  CB  THR D 198     -15.203 -50.146 128.950  1.00 33.81           C
ATOM   6439  OG1 THR D 198     -14.907 -51.282 129.766  1.00 43.84           O
ATOM   6440  CG2 THR D 198     -14.282 -49.029 129.347  1.00 29.60           C
ATOM   6441  N   HIS D 199     -17.211 -47.384 128.805  1.00 37.58           N
ATOM   6442  CA  HIS D 199     -17.528 -46.198 128.030  1.00 31.22           C
ATOM   6443  C   HIS D 199     -17.075 -44.973 128.805  1.00 34.53           C
ATOM   6444  O   HIS D 199     -17.002 -44.999 130.033  1.00 35.60           O
ATOM   6445  CB  HIS D 199     -19.020 -46.115 127.723  1.00 33.40           C
ATOM   6446  CG  HIS D 199     -19.383 -44.969 126.828  1.00 34.76           C
ATOM   6447  ND1 HIS D 199     -19.824 -43.756 127.313  1.00 30.33           N
ATOM   6448  CD2 HIS D 199     -19.360 -44.849 125.479  1.00 32.19           C
ATOM   6449  CE1 HIS D 199     -20.061 -42.940 126.301  1.00 31.06           C
ATOM   6450  NE2 HIS D 199     -19.778 -43.575 125.178  1.00 31.67           N
ATOM   6451  N   GLN D 200     -16.786 -43.888 128.085  1.00 29.72           N
ATOM   6452  CA  GLN D 200     -16.199 -42.738 128.754  1.00 31.37           C
ATOM   6453  C   GLN D 200     -17.177 -42.022 129.684  1.00 35.36           C
ATOM   6454  O   GLN D 200     -16.735 -41.248 130.541  1.00 42.18           O
ATOM   6455  CB  GLN D 200     -15.629 -41.779 127.723  1.00 33.74           C
ATOM   6456  CG  GLN D 200     -16.370 -40.476 127.548  1.00 35.08           C
```

```
ATOM   6457  CD  GLN D 200     -15.538 -39.467 126.778  1.00 39.26           C
ATOM   6458  OE1 GLN D 200     -15.357 -38.324 127.205  1.00 44.14           O
ATOM   6459  NE2 GLN D 200     -15.015 -39.893 125.639  1.00 40.13           N
ATOM   6460  N   GLY D 201     -18.482 -42.261 129.550  1.00 34.51           N
ATOM   6461  CA  GLY D 201     -19.496 -41.749 130.451  1.00 32.88           C
ATOM   6462  C   GLY D 201     -19.793 -42.624 131.658  1.00 34.93           C
ATOM   6463  O   GLY D 201     -20.740 -42.333 132.397  1.00 30.85           O
ATOM   6464  N   LEU D 202     -19.050 -43.719 131.838  1.00 30.30           N
ATOM   6465  CA  LEU D 202     -19.137 -44.588 133.007  1.00 35.37           C
ATOM   6466  C   LEU D 202     -17.845 -44.491 133.805  1.00 41.52           C
ATOM   6467  O   LEU D 202     -16.751 -44.633 133.240  1.00 41.27           O
ATOM   6468  CB  LEU D 202     -19.405 -46.046 132.624  1.00 36.42           C
ATOM   6469  CG  LEU D 202     -20.723 -46.250 131.880  1.00 35.17           C
ATOM   6470  CD1 LEU D 202     -20.916 -47.704 131.503  1.00 29.43           C
ATOM   6471  CD2 LEU D 202     -21.865 -45.735 132.713  1.00 29.90           C
ATOM   6472  N   SER D 203     -17.973 -44.219 135.113  1.00 44.01           N
ATOM   6473  CA  SER D 203     -16.802 -44.095 135.978  1.00 39.30           C
ATOM   6474  C   SER D 203     -16.068 -45.416 136.165  1.00 41.65           C
ATOM   6475  O   SER D 203     -14.867 -45.408 136.460  1.00 49.60           O
ATOM   6476  CB  SER D 203     -17.213 -43.537 137.323  1.00 34.65           C
ATOM   6477  OG  SER D 203     -18.227 -44.369 137.839  1.00 55.55           O
ATOM   6478  N   SER D 204     -16.749 -46.545 136.003  1.00 42.27           N
ATOM   6479  CA  SER D 204     -16.084 -47.841 135.927  1.00 45.69           C
ATOM   6480  C   SER D 204     -16.989 -48.788 135.149  1.00 36.06           C
ATOM   6481  O   SER D 204     -18.181 -48.508 134.979  1.00 38.46           O
ATOM   6482  CB  SER D 204     -15.755 -48.401 137.332  1.00 48.88           C
ATOM   6483  OG  SER D 204     -16.914 -48.719 138.093  1.00 47.01           O
ATOM   6484  N   PRO D 205     -16.453 -49.888 134.637  1.00 32.30           N
ATOM   6485  CA  PRO D 205     -17.271 -50.768 133.791  1.00 36.16           C
ATOM   6486  C   PRO D 205     -18.534 -51.253 134.498  1.00 37.49           C
ATOM   6487  O   PRO D 205     -18.503 -51.695 135.642  1.00 46.01           O
ATOM   6488  CB  PRO D 205     -16.313 -51.925 133.468  1.00 34.46           C
ATOM   6489  CG  PRO D 205     -14.973 -51.268 133.442  1.00 33.52           C
ATOM   6490  CD  PRO D 205     -15.013 -50.158 134.481  1.00 32.12           C
ATOM   6491  N   VAL D 206     -19.629 -51.261 133.750  1.00 37.13           N
ATOM   6492  CA  VAL D 206     -20.952 -51.648 134.217  1.00 32.96           C
ATOM   6493  C   VAL D 206     -21.270 -53.027 133.650  1.00 35.67           C
ATOM   6494  O   VAL D 206     -21.071 -53.272 132.456  1.00 33.93           O
ATOM   6495  CB  VAL D 206     -21.984 -50.601 133.769  1.00 30.63           C
ATOM   6496  CG1 VAL D 206     -23.390 -51.059 134.005  1.00 30.69           C
ATOM   6497  CG2 VAL D 206     -21.703 -49.316 134.479  1.00 38.52           C
ATOM   6498  N   THR D 207     -21.748 -53.932 134.503  1.00 40.16           N
ATOM   6499  CA  THR D 207     -22.093 -55.285 134.087  1.00 33.00           C
ATOM   6500  C   THR D 207     -23.587 -55.538 134.269  1.00 33.37           C
ATOM   6501  O   THR D 207     -24.188 -55.112 135.255  1.00 34.36           O
ATOM   6502  CB  THR D 207     -21.271 -56.317 134.871  1.00 32.59           C
ATOM   6503  OG1 THR D 207     -19.872 -56.064 134.677  1.00 35.95           O
ATOM   6504  CG2 THR D 207     -21.585 -57.744 134.412  1.00 31.54           C
ATOM   6505  N   LYS D 208     -24.194 -56.172 133.277  1.00 38.08           N
ATOM   6506  CA  LYS D 208     -25.529 -56.734 133.393  1.00 33.58           C
ATOM   6507  C   LYS D 208     -25.435 -58.233 133.155  1.00 31.51           C
ATOM   6508  O   LYS D 208     -24.797 -58.679 132.202  1.00 36.26           O
ATOM   6509  CB  LYS D 208     -26.510 -56.072 132.395  1.00 32.49           C
ATOM   6510  CG  LYS D 208     -26.633 -54.559 132.573  1.00 34.11           C
ATOM   6511  CD  LYS D 208     -26.879 -54.180 134.030  1.00 32.10           C
ATOM   6512  CE  LYS D 208     -27.135 -52.694 134.212  1.00 31.43           C
ATOM   6513  NZ  LYS D 208     -28.595 -52.396 134.289  1.00 30.11           N1+
ATOM   6514  N   SER D 209     -26.099 -59.013 133.995  1.00 40.89           N
ATOM   6515  CA  SER D 209     -25.955 -60.457 133.950  1.00 34.12           C
ATOM   6516  C   SER D 209     -27.289 -61.121 134.250  1.00 35.96           C
ATOM   6517  O   SER D 209     -28.265 -60.469 134.620  1.00 35.44           O
ATOM   6518  CB  SER D 209     -24.856 -60.923 134.926  1.00 34.50           C
ATOM   6519  OG  SER D 209     -25.082 -60.438 136.238  1.00 29.12           O
ATOM   6520  N   PHE D 210     -27.333 -62.431 134.025  1.00 39.78           N
ATOM   6521  CA  PHE D 210     -28.424 -63.272 134.488  1.00 37.92           C
ATOM   6522  C   PHE D 210     -27.883 -64.670 134.767  1.00 42.87           C
ATOM   6523  O   PHE D 210     -26.994 -65.149 134.055  1.00 42.97           O
ATOM   6524  CB  PHE D 210     -29.555 -63.296 133.464  1.00 34.40           C
ATOM   6525  CG  PHE D 210     -29.193 -63.943 132.160  1.00 40.31           C
ATOM   6526  CD1 PHE D 210     -29.365 -65.304 131.973  1.00 38.92           C
ATOM   6527  CD2 PHE D 210     -28.702 -63.182 131.109  1.00 37.04           C
```

```
ATOM   6528  CE1 PHE D 210     -29.055 -65.893 130.777  1.00 36.51           C
ATOM   6529  CE2 PHE D 210     -28.393 -63.765 129.913  1.00 35.57           C
ATOM   6530  CZ  PHE D 210     -28.568 -65.125 129.745  1.00 36.28           C
ATOM   6531  N   ASN D 211     -28.433 -65.331 135.796  1.00 41.98           N
ATOM   6532  CA  ASN D 211     -28.093 -66.720 136.076  1.00 44.07           C
ATOM   6533  C   ASN D 211     -29.047 -67.583 135.273  1.00 45.82           C
ATOM   6534  O   ASN D 211     -30.260 -67.386 135.349  1.00 49.01           O
ATOM   6535  CB  ASN D 211     -28.194 -67.060 137.568  1.00 42.88           C
ATOM   6536  CG  ASN D 211     -27.474 -66.058 138.456  1.00 48.18           C
ATOM   6537  OD1 ASN D 211     -26.529 -65.407 138.034  1.00 55.66           O
ATOM   6538  ND2 ASN D 211     -27.920 -65.934 139.701  1.00 53.20           N
ATOM   6539  N   ARG D 212     -28.501 -68.538 134.512  1.00 42.56           N
ATOM   6540  CA  ARG D 212     -29.339 -69.369 133.655  1.00 44.17           C
ATOM   6541  C   ARG D 212     -30.389 -70.120 134.460  1.00 52.65           C
ATOM   6542  O   ARG D 212     -30.117 -70.632 135.550  1.00 57.95           O
ATOM   6543  CB  ARG D 212     -28.497 -70.365 132.870  1.00 44.08           C
ATOM   6544  CG  ARG D 212     -29.313 -71.160 131.848  1.00 39.96           C
ATOM   6545  CD  ARG D 212     -28.430 -72.092 131.021  1.00 41.55           C
ATOM   6546  NE  ARG D 212     -27.681 -72.968 131.906  1.00 52.14           N
ATOM   6547  CZ  ARG D 212     -28.121 -74.138 132.360  1.00 52.75           C
ATOM   6548  NH1 ARG D 212     -29.310 -74.604 131.997  1.00 55.42           N1+
ATOM   6549  NH2 ARG D 212     -27.365 -74.845 133.177  1.00 50.00           N
ATOM   6550  N   GLY D 213     -31.606 -70.150 133.923  1.00 55.21           N
ATOM   6551  CA  GLY D 213     -32.710 -70.874 134.521  1.00 61.80           C
ATOM   6552  C   GLY D 213     -33.365 -70.219 135.716  1.00 69.36           C
ATOM   6553  O   GLY D 213     -34.221 -70.844 136.350  1.00 78.60           O
ATOM   6554  N   GLU D 214     -33.041 -68.971 136.017  1.00 64.22           N
ATOM   6555  CA  GLU D 214     -33.596 -68.288 137.169  1.00 66.25           C
ATOM   6556  C   GLU D 214     -34.131 -66.936 136.710  1.00 74.30           C
ATOM   6557  O   GLU D 214     -34.125 -66.617 135.517  1.00 72.76           O
ATOM   6558  CB  GLU D 214     -32.534 -68.153 138.268  1.00 68.20           C
ATOM   6559  CG  GLU D 214     -31.925 -69.500 138.684  1.00 65.48           C
ATOM   6560  CD  GLU D 214     -30.610 -69.356 139.461  1.00 70.80           C
ATOM   6561  OE1 GLU D 214     -30.431 -68.335 140.180  1.00 56.20           O
ATOM   6562  OE2 GLU D 214     -29.760 -70.276 139.354  1.00 68.01           O1-
ATOM   6563  N   CYS D 215     -34.599 -66.138 137.668  1.00 83.83           N
ATOM   6564  CA  CYS D 215     -35.238 -64.844 137.389  1.00 81.44           C
ATOM   6565  C   CYS D 215     -34.229 -63.723 137.129  1.00 91.66           C
ATOM   6566  O   CYS D 215     -33.764 -63.051 138.055  1.00 89.67           O
ATOM   6567  CB  CYS D 215     -36.153 -64.449 138.554  1.00 87.78           C
ATOM   6568  SG  CYS D 215     -35.402 -64.679 140.202  1.00106.03           S
TER
ATOM   6569  N   THR I 152     -42.630 -26.640  53.407  1.00 78.60      D000 N
ATOM   6570  CA  THR I 152     -41.299 -26.066  53.631  1.00 90.61      D000 C
ATOM   6571  C   THR I 152     -41.155 -25.639  55.096  1.00 90.48      D000 C
ATOM   6572  O   THR I 152     -40.054 -25.653  55.660  1.00 85.79      D000 O
ATOM   6573  CB  THR I 152     -41.001 -24.845  52.694  1.00 84.39      D000 C
ATOM   6574  OG1 THR I 152     -42.169 -24.027  52.567  1.00 87.95      D000 O
ATOM   6575  CG2 THR I 152     -40.569 -25.297  51.311  1.00 74.94      D000 C
ATOM   6576  N   CYS I 153     -42.275 -25.254  55.707  1.00 89.21      D000 N
ATOM   6577  CA  CYS I 153     -42.264 -24.807  57.092  1.00 81.53      D000 C
ATOM   6578  C   CYS I 153     -43.556 -25.234  57.776  1.00 76.72      D000 C
ATOM   6579  O   CYS I 153     -44.575 -25.496  57.128  1.00 77.13      D000 O
ATOM   6580  CB  CYS I 153     -42.087 -23.284  57.178  1.00 79.48      D000 C
ATOM   6581  SG  CYS I 153     -40.357 -22.736  57.167  1.00 91.46      D000 S
ATOM   6582  N   CYS I 154     -43.494 -25.316  59.112  1.00 68.58      D000 N
ATOM   6583  CA  CYS I 154     -44.632 -25.662  59.947  1.00 56.00      D000 C
ATOM   6584  C   CYS I 154     -45.352 -24.407  60.411  1.00 54.60      D000 C
ATOM   6585  O   CYS I 154     -44.726 -23.355  60.580  1.00 53.80      D000 O
ATOM   6586  CB  CYS I 154     -44.181 -26.474  61.153  1.00 48.63      D000 C
ATOM   6587  SG  CYS I 154     -43.645 -28.112  60.680  1.00 63.81      D000 S
ATOM   6588  N   PRO I 155     -46.667 -24.480  60.621  1.00 47.88      D000 N
ATOM   6589  CA  PRO I 155     -47.397 -23.284  61.039  1.00 41.43      D000 C
ATOM   6590  C   PRO I 155     -46.878 -22.765  62.371  1.00 47.89      D000 C
ATOM   6591  O   PRO I 155     -46.206 -23.471  63.130  1.00 43.34      D000 O
ATOM   6592  CB  PRO I 155     -48.855 -23.757  61.137  1.00 38.59      D000 C
ATOM   6593  CG  PRO I 155     -48.818 -25.245  61.066  1.00 40.42      D000 C
ATOM   6594  CD  PRO I 155     -47.558 -25.631  60.385  1.00 47.80      D000 C
ATOM   6595  N   VAL I 156     -47.223 -21.503  62.648  1.00 50.69      D000 N
ATOM   6596  CA  VAL I 156     -46.805 -20.823  63.868  1.00 49.74      D000 C
ATOM   6597  C   VAL I 156     -47.161 -21.667  65.084  1.00 50.63      D000 C
```

```
ATOM   6598  O   VAL I 156     -48.294 -22.142  65.215  1.00 49.76      D000 O
ATOM   6599  CB  VAL I 156     -47.471 -19.435  63.931  1.00 56.06      D000 C
ATOM   6600  CG1 VAL I 156     -46.956 -18.628  65.112  1.00 48.56      D000 C
ATOM   6601  CG2 VAL I 156     -47.275 -18.685  62.605  1.00 59.05      D000 C
ATOM   6602  N   ASN I 157     -46.178 -21.872  65.968  1.00 51.11      D000 N
ATOM   6603  CA  ASN I 157     -46.292 -22.645  67.205  1.00 44.19      D000 C
ATOM   6604  C   ASN I 157     -46.372 -24.144  66.981  1.00 40.81      D000 C
ATOM   6605  O   ASN I 157     -46.737 -24.864  67.902  1.00 42.83      D000 O
ATOM   6606  CB  ASN I 157     -47.464 -22.193  68.081  1.00 45.04      D000 C
ATOM   6607  CG  ASN I 157     -47.278 -20.791  68.601  1.00 50.02      D000 C
ATOM   6608  OD1 ASN I 157     -46.197 -20.437  69.063  1.00 54.69      D000 O
ATOM   6609  ND2 ASN I 157     -48.315 -19.979  68.513  1.00 59.66      D000 N
ATOM   6610  N   TRP I 158     -46.085 -24.633  65.778  1.00 40.56      D000 N
ATOM   6611  CA  TRP I 158     -45.839 -26.051  65.566  1.00 38.45      D000 C
ATOM   6612  C   TRP I 158     -44.345 -26.293  65.371  1.00 40.31      D000 C
ATOM   6613  O   TRP I 158     -43.584 -25.397  65.007  1.00 39.61      D000 O
ATOM   6614  CB  TRP I 158     -46.629 -26.590  64.371  1.00 40.79      D000 C
ATOM   6615  CG  TRP I 158     -48.118 -26.566  64.574  1.00 40.96      D000 C
ATOM   6616  CD1 TRP I 158     -48.892 -25.473  64.883  1.00 39.11      D000 C
ATOM   6617  CD2 TRP I 158     -49.025 -27.667  64.427  1.00 36.12      D000 C
ATOM   6618  NE1 TRP I 158     -50.213 -25.840  64.971  1.00 35.50      D000 N
ATOM   6619  CE2 TRP I 158     -50.325 -27.175  64.688  1.00 32.39      D000 C
ATOM   6620  CE3 TRP I 158     -48.867 -29.017  64.101  1.00 36.76      D000 C
ATOM   6621  CZ2 TRP I 158     -51.453 -27.985  64.636  1.00 33.44      D000 C
ATOM   6622  CZ3 TRP I 158     -49.993 -29.826  64.048  1.00 36.91      D000 C
ATOM   6623  CH2 TRP I 158     -51.271 -29.308  64.321  1.00 34.08      D000 C
ATOM   6624  N   VAL I 159     -43.939 -27.531  65.615  1.00 42.08      D000 N
ATOM   6625  CA  VAL I 159     -42.544 -27.931  65.687  1.00 36.72      D000 C
ATOM   6626  C   VAL I 159     -42.284 -28.942  64.582  1.00 40.42      D000 C
ATOM   6627  O   VAL I 159     -42.934 -29.992  64.529  1.00 34.21      D000 O
ATOM   6628  CB  VAL I 159     -42.222 -28.551  67.060  1.00 40.12      D000 C
ATOM   6629  CG1 VAL I 159     -40.793 -29.037  67.110  1.00 39.21      D000 C
ATOM   6630  CG2 VAL I 159     -42.486 -27.563  68.171  1.00 43.22      D000 C
ATOM   6631  N   GLU I 160     -41.300 -28.660  63.739  1.00 45.25      D000 N
ATOM   6632  CA  GLU I 160     -40.975 -29.588  62.671  1.00 43.30      D000 C
ATOM   6633  C   GLU I 160     -40.058 -30.686  63.184  1.00 41.09      D000 C
ATOM   6634  O   GLU I 160     -39.201 -30.447  64.036  1.00 44.54      D000 O
ATOM   6635  CB  GLU I 160     -40.309 -28.861  61.510  1.00 49.23      D000 C
ATOM   6636  CG  GLU I 160     -40.396 -29.626  60.191  1.00 61.45      D000 C
ATOM   6637  CD  GLU I 160     -39.556 -28.996  59.095  1.00 74.24      D000 C
ATOM   6638  OE1 GLU I 160     -40.073 -28.128  58.350  1.00 75.44      D000 O
ATOM   6639  OE2 GLU I 160     -38.365 -29.367  58.996  1.00 82.31      D000 O1-
ATOM   6640  N   HIS I 161     -40.262 -31.899  62.675  1.00 34.25      D000 N
ATOM   6641  CA  HIS I 161     -39.358 -33.005  62.927  1.00 35.38      D000 C
ATOM   6642  C   HIS I 161     -39.634 -34.146  61.950  1.00 44.04      D000 C
ATOM   6643  O   HIS I 161     -40.655 -34.832  62.063  1.00 44.75      D000 O
ATOM   6644  CB  HIS I 161     -39.491 -33.493  64.372  1.00 34.41      D000 C
ATOM   6645  CG  HIS I 161     -38.662 -34.709  64.679  1.00 42.31      D000 C
ATOM   6646  ND1 HIS I 161     -37.356 -34.632  65.127  1.00 39.49      D000 N
ATOM   6647  CD2 HIS I 161     -38.947 -36.031  64.578  1.00 37.68      D000 C
ATOM   6648  CE1 HIS I 161     -36.884 -35.854  65.308  1.00 36.84      D000 C
ATOM   6649  NE2 HIS I 161     -37.823 -36.720  64.970  1.00 37.93      D000 N
ATOM   6650  N   GLU I 162     -38.726 -34.358  60.992  1.00 48.09      D000 N
ATOM   6651  CA  GLU I 162     -38.750 -35.513  60.090  1.00 42.19      D000 C
ATOM   6652  C   GLU I 162     -39.999 -35.567  59.225  1.00 46.13      D000 C
ATOM   6653  O   GLU I 162     -40.676 -36.597  59.149  1.00 46.71      D000 O
ATOM   6654  CB  GLU I 162     -38.576 -36.822  60.852  1.00 38.57      D000 C
ATOM   6655  CG  GLU I 162     -37.232 -36.891  61.474  1.00 49.45      D000 C
ATOM   6656  CD  GLU I 162     -36.178 -37.369  60.479  1.00 67.10      D000 C
ATOM   6657  OE1 GLU I 162     -36.210 -38.565  60.098  1.00 74.81      D000 O
ATOM   6658  OE2 GLU I 162     -35.341 -36.533  60.050  1.00 59.37      D000 O1-
ATOM   6659  N   ARG I 163     -40.289 -34.453  58.547  1.00 48.14      D000 N
ATOM   6660  CA  ARG I 163     -41.446 -34.362  57.648  1.00 57.33      D000 C
ATOM   6661  C   ARG I 163     -42.768 -34.545  58.387  1.00 53.34      D000 C
ATOM   6662  O   ARG I 163     -43.712 -35.129  57.854  1.00 56.97      D000 O
ATOM   6663  CB  ARG I 163     -41.335 -35.388  56.509  1.00 65.00      D000 C
ATOM   6664  CG  ARG I 163     -40.188 -35.176  55.528  1.00 68.66      D000 C
ATOM   6665  CD  ARG I 163     -40.271 -36.202  54.398  1.00 80.19      D000 C
ATOM   6666  NE  ARG I 163     -41.472 -36.074  53.577  1.00 89.56      D000 N
ATOM   6667  CZ  ARG I 163     -41.971 -37.066  52.841  1.00 92.42      D000 C
ATOM   6668  NH1 ARG I 163     -43.077 -36.881  52.123  1.00 78.10      D000 N1+
```

```
ATOM   6669  NH2 ARG I 163     -41.362 -38.249  52.832  1.00 94.56      D000 N
ATOM   6670  N   SER I 164     -42.822 -34.104  59.641  1.00 53.57      D000 N
ATOM   6671  CA  SER I 164     -44.059 -33.988  60.400  1.00 46.49      D000 C
ATOM   6672  C   SER I 164     -44.026 -32.697  61.203  1.00 51.04      D000 C
ATOM   6673  O   SER I 164     -42.965 -32.279  61.679  1.00 50.06      D000 O
ATOM   6674  CB  SER I 164     -44.270 -35.170  61.343  1.00 43.89      D000 C
ATOM   6675  OG  SER I 164     -44.907 -36.249  60.692  1.00 50.01      D000 O
ATOM   6676  N   CYS I 165     -45.194 -32.075  61.357  1.00 50.05      D000 N
ATOM   6677  CA  CYS I 165     -45.370 -30.919  62.233  1.00 47.87      D000 C
ATOM   6678  C   CYS I 165     -46.135 -31.340  63.489  1.00 43.11      D000 C
ATOM   6679  O   CYS I 165     -47.190 -31.975  63.399  1.00 42.93      D000 O
ATOM   6680  CB  CYS I 165     -46.116 -29.778  61.524  1.00 50.43      D000 C
ATOM   6681  SG  CYS I 165     -45.326 -29.058  60.031  1.00 58.62      D000 S
ATOM   6682  N   TYR I 166     -45.622 -30.957  64.656  1.00 43.41      D000 N
ATOM   6683  CA  TYR I 166     -46.198 -31.350  65.934  1.00 35.17      D000 C
ATOM   6684  C   TYR I 166     -46.617 -30.116  66.719  1.00 36.72      D000 C
ATOM   6685  O   TYR I 166     -45.937 -29.084  66.683  1.00 35.81      D000 O
ATOM   6686  CB  TYR I 166     -45.214 -32.158  66.761  1.00 28.42      D000 C
ATOM   6687  CG  TYR I 166     -44.766 -33.439  66.120  1.00 35.36      D000 C
ATOM   6688  CD1 TYR I 166     -43.703 -33.461  65.194  1.00 40.74      D000 C
ATOM   6689  CD2 TYR I 166     -45.379 -34.629  66.435  1.00 28.15      D000 C
ATOM   6690  CE1 TYR I 166     -43.280 -34.646  64.614  1.00 31.55      D000 C
ATOM   6691  CE2 TYR I 166     -44.966 -35.813  65.864  1.00 35.33      D000 C
ATOM   6692  CZ  TYR I 166     -43.926 -35.818  64.952  1.00 36.07      D000 C
ATOM   6693  OH  TYR I 166     -43.557 -37.022  64.406  1.00 37.06      D000 O
ATOM   6694  N   TRP I 167     -47.735 -30.235  67.438  1.00 33.78      D000 N
ATOM   6695  CA  TRP I 167     -48.213 -29.191  68.335  1.00 33.91      D000 C
ATOM   6696  C   TRP I 167     -48.485 -29.823  69.692  1.00 33.58      D000 C
ATOM   6697  O   TRP I 167     -49.169 -30.848  69.776  1.00 37.11      D000 O
ATOM   6698  CB  TRP I 167     -49.478 -28.509  67.776  1.00 37.58      D000 C
ATOM   6699  CG  TRP I 167     -50.029 -27.432  68.678  1.00 36.19      D000 C
ATOM   6700  CD1 TRP I 167     -49.648 -26.122  68.725  1.00 37.64      D000 C
ATOM   6701  CD2 TRP I 167     -51.064 -27.580  69.657  1.00 33.12      D000 C
ATOM   6702  NE1 TRP I 167     -50.365 -25.452  69.692  1.00 32.45      D000 N
ATOM   6703  CE2 TRP I 167     -51.246 -26.325  70.269  1.00 31.52      D000 C
ATOM   6704  CE3 TRP I 167     -51.846 -28.659  70.083  1.00 35.72      D000 C
ATOM   6705  CZ2 TRP I 167     -52.183 -26.116  71.277  1.00 34.14      D000 C
ATOM   6706  CZ3 TRP I 167     -52.782 -28.447  71.087  1.00 32.27      D000 C
ATOM   6707  CH2 TRP I 167     -52.941 -27.185  71.669  1.00 31.51      D000 C
ATOM   6708  N   PHE I 168     -47.934 -29.223  70.748  1.00 35.27      D000 N
ATOM   6709  CA  PHE I 168     -47.963 -29.784  72.101  1.00 31.67      D000 C
ATOM   6710  C   PHE I 168     -48.837 -28.898  72.975  1.00 31.00      D000 C
ATOM   6711  O   PHE I 168     -48.468 -27.757  73.263  1.00 28.23      D000 O
ATOM   6712  CB  PHE I 168     -46.555 -29.881  72.685  1.00 28.79      D000 C
ATOM   6713  CG  PHE I 168     -45.609 -30.707  71.860  1.00 29.81      D000 C
ATOM   6714  CD1 PHE I 168     -45.461 -32.067  72.099  1.00 30.76      D000 C
ATOM   6715  CD2 PHE I 168     -44.881 -30.129  70.836  1.00 27.05      D000 C
ATOM   6716  CE1 PHE I 168     -44.587 -32.824  71.329  1.00 29.28      D000 C
ATOM   6717  CE2 PHE I 168     -44.009 -30.878  70.073  1.00 27.44      D000 C
ATOM   6718  CZ  PHE I 168     -43.869 -32.224  70.310  1.00 26.73      D000 C
ATOM   6719  N   SER I 169     -49.963 -29.437  73.440  1.00 31.45      D000 N
ATOM   6720  CA  SER I 169     -50.883 -28.643  74.245  1.00 31.26      D000 C
ATOM   6721  C   SER I 169     -50.266 -28.259  75.591  1.00 25.88      D000 C
ATOM   6722  O   SER I 169     -49.376 -28.932  76.115  1.00 23.51      D000 O
ATOM   6723  CB  SER I 169     -52.201 -29.404  74.471  1.00 30.30      D000 C
ATOM   6724  OG  SER I 169     -52.074 -30.442  75.438  1.00 28.82      D000 O
ATOM   6725  N   ARG I 170     -50.734 -27.135  76.129  1.00 27.95      D000 N
ATOM   6726  CA  ARG I 170     -50.447 -26.722  77.495  1.00 34.22      D000 C
ATOM   6727  C   ARG I 170     -51.671 -26.846  78.392  1.00 33.58      D000 C
ATOM   6728  O   ARG I 170     -51.627 -26.414  79.546  1.00 31.86      D000 O
ATOM   6729  CB  ARG I 170     -49.944 -25.282  77.529  1.00 25.51      D000 C
ATOM   6730  CG  ARG I 170     -48.455 -25.122  77.693  1.00 33.77      D000 C
ATOM   6731  CD  ARG I 170     -48.071 -25.130  79.130  1.00 32.63      D000 C
ATOM   6732  NE  ARG I 170     -47.020 -26.113  79.328  1.00 38.28      D000 N
ATOM   6733  CZ  ARG I 170     -46.005 -25.992  80.166  1.00 33.99      D000 C
ATOM   6734  NH1 ARG I 170     -45.904 -24.932  80.960  1.00 29.65      D000 N1+
ATOM   6735  NH2 ARG I 170     -45.123 -26.986  80.241  1.00 33.21      D000 N
ATOM   6736  N   SER I 171     -52.760 -27.420  77.888  1.00 27.31      D000 N
ATOM   6737  CA  SER I 171     -53.943 -27.684  78.682  1.00 24.95      D000 C
ATOM   6738  C   SER I 171     -54.303 -29.138  78.489  1.00 29.34      D000 C
ATOM   6739  O   SER I 171     -53.693 -29.847  77.682  1.00 31.49      D000 O
```

```
ATOM   6740  CB  SER I 171     -55.119 -26.815  78.277  1.00 21.97      D000 C
ATOM   6741  OG  SER I 171     -55.427 -27.085  76.932  1.00 35.69      D000 O
ATOM   6742  N   GLY I 172     -55.301 -29.577  79.252  1.00 29.63      D000 N
ATOM   6743  CA  GLY I 172     -55.700 -30.970  79.280  1.00 24.44      D000 C
ATOM   6744  C   GLY I 172     -57.075 -31.181  78.703  1.00 25.61      D000 C
ATOM   6745  O   GLY I 172     -57.864 -30.245  78.637  1.00 27.53      D000 O
ATOM   6746  N   LYS I 173     -57.363 -32.400  78.273  1.00 25.19      D000 N
ATOM   6747  CA  LYS I 173     -58.629 -32.726  77.650  1.00 27.09      D000 C
ATOM   6748  C   LYS I 173     -58.823 -34.231  77.752  1.00 33.35      D000 C
ATOM   6749  O   LYS I 173     -57.854 -34.995  77.672  1.00 29.52      D000 O
ATOM   6750  CB  LYS I 173     -58.693 -32.295  76.172  1.00 27.91      D000 C
ATOM   6751  CG  LYS I 173     -58.975 -30.805  75.865  1.00 25.52      D000 C
ATOM   6752  CD  LYS I 173     -59.510 -30.671  74.410  1.00 26.32      D000 C
ATOM   6753  CE  LYS I 173     -59.494 -29.257  73.861  1.00 19.84      D000 C
ATOM   6754  NZ  LYS I 173     -60.449 -28.327  74.536  1.00 27.70      D000 N1+
ATOM   6755  N   ALA I 174     -60.076 -34.643  77.956  1.00 29.60      D000 N
ATOM   6756  CA  ALA I 174     -60.433 -36.038  77.791  1.00 32.67      D000 C
ATOM   6757  C   ALA I 174     -60.003 -36.509  76.401  1.00 33.60      D000 C
ATOM   6758  O   ALA I 174     -59.996 -35.730  75.441  1.00 31.75      D000 O
ATOM   6759  CB  ALA I 174     -61.943 -36.202  77.997  1.00 28.75      D000 C
ATOM   6760  N   TRP I 175     -59.641 -37.796  76.289  1.00 30.30      D000 N
ATOM   6761  CA  TRP I 175     -59.069 -38.288  75.033  1.00 32.92      D000 C
ATOM   6762  C   TRP I 175     -59.946 -37.956  73.824  1.00 35.10      D000 C
ATOM   6763  O   TRP I 175     -59.441 -37.507  72.790  1.00 38.08      D000 O
ATOM   6764  CB  TRP I 175     -58.822 -39.795  75.102  1.00 33.10      D000 C
ATOM   6765  CG  TRP I 175     -58.056 -40.337  73.893  1.00 38.61      D000 C
ATOM   6766  CD1 TRP I 175     -56.729 -40.615  73.835  1.00 38.20      D000 C
ATOM   6767  CD2 TRP I 175     -58.584 -40.653  72.579  1.00 43.49      D000 C
ATOM   6768  NE1 TRP I 175     -56.388 -41.079  72.580  1.00 35.04      D000 N
ATOM   6769  CE2 TRP I 175     -57.505 -41.113  71.793  1.00 38.92      D000 C
ATOM   6770  CE3 TRP I 175     -59.863 -40.593  71.996  1.00 43.77      D000 C
ATOM   6771  CZ2 TRP I 175     -57.662 -41.517  70.456  1.00 44.27      D000 C
ATOM   6772  CZ3 TRP I 175     -60.016 -40.989  70.650  1.00 43.79      D000 C
ATOM   6773  CH2 TRP I 175     -58.925 -41.448  69.906  1.00 44.29      D000 C
ATOM   6774  N   ALA I 176     -61.260 -38.156  73.936  1.00 33.82      D000 N
ATOM   6775  CA  ALA I 176     -62.154 -37.894  72.815  1.00 28.11      D000 C
ATOM   6776  C   ALA I 176     -62.108 -36.432  72.394  1.00 37.58      D000 C
ATOM   6777  O   ALA I 176     -62.150 -36.111  71.196  1.00 36.74      D000 O
ATOM   6778  CB  ALA I 176     -63.578 -38.275  73.199  1.00 27.93      D000 C
ATOM   6779  N   ASP I 177     -62.043 -35.528  73.370  1.00 35.00      D000 N
ATOM   6780  CA  ASP I 177     -62.036 -34.117  73.044  1.00 32.37      D000 C
ATOM   6781  C   ASP I 177     -60.712 -33.703  72.435  1.00 34.46      D000 C
ATOM   6782  O   ASP I 177     -60.672 -32.790  71.591  1.00 33.36      D000 O
ATOM   6783  CB  ASP I 177     -62.355 -33.298  74.290  1.00 36.16      D000 C
ATOM   6784  CG  ASP I 177     -63.729 -33.623  74.876  1.00 40.76      D000 C
ATOM   6785  OD1 ASP I 177     -64.648 -33.982  74.097  1.00 35.33      D000 O
ATOM   6786  OD2 ASP I 177     -63.888 -33.508  76.122  1.00 45.92      D000 O1-
ATOM   6787  N   ALA I 178     -59.622 -34.340  72.869  1.00 33.13      D000 N
ATOM   6788  CA  ALA I 178     -58.325 -34.082  72.255  1.00 34.80      D000 C
ATOM   6789  C   ALA I 178     -58.313 -34.585  70.812  1.00 35.86      D000 C
ATOM   6790  O   ALA I 178     -57.887 -33.873  69.898  1.00 30.16      D000 O
ATOM   6791  CB  ALA I 178     -57.224 -34.734  73.085  1.00 29.11      D000 C
ATOM   6792  N   ASP I 179     -58.825 -35.803  70.601  1.00 38.39      D000 N
ATOM   6793  CA  ASP I 179     -59.085 -36.343  69.268  1.00 35.65      D000 C
ATOM   6794  C   ASP I 179     -59.826 -35.347  68.401  1.00 37.02      D000 C
ATOM   6795  O   ASP I 179     -59.397 -35.030  67.286  1.00 39.99      D000 O
ATOM   6796  CB  ASP I 179     -59.886 -37.642  69.413  1.00 41.79      D000 C
ATOM   6797  CG  ASP I 179     -60.149 -38.338  68.094  1.00 42.90      D000 C
ATOM   6798  OD1 ASP I 179     -59.371 -38.120  67.149  1.00 43.83      D000 O
ATOM   6799  OD2 ASP I 179     -61.096 -39.163  68.035  1.00 43.02      D000 O1-
ATOM   6800  N   ASN I 180     -60.934 -34.820  68.911  1.00 39.12      D000 N
ATOM   6801  CA  ASN I 180     -61.715 -33.882  68.117  1.00 39.76      D000 C
ATOM   6802  C   ASN I 180     -60.945 -32.601  67.851  1.00 32.43      D000 C
ATOM   6803  O   ASN I 180     -61.062 -32.026  66.768  1.00 38.63      D000 O
ATOM   6804  CB  ASN I 180     -63.053 -33.580  68.801  1.00 34.44      D000 C
ATOM   6805  CG  ASN I 180     -63.983 -34.773  68.793  1.00 38.43      D000 C
ATOM   6806  OD1 ASN I 180     -63.692 -35.795  68.162  1.00 43.96      D000 O
ATOM   6807  ND2 ASN I 180     -65.126 -34.642  69.458  1.00 38.70      D000 N
ATOM   6808  N   TYR I 181     -60.142 -32.144  68.814  1.00 37.95      D000 N
ATOM   6809  CA  TYR I 181     -59.388 -30.900  68.623  1.00 36.10      D000 C
ATOM   6810  C   TYR I 181     -58.390 -31.012  67.470  1.00 36.90      D000 C
```

```
ATOM   6811  O   TYR I 181     -58.240 -30.077  66.667  1.00 35.28      D000 O
ATOM   6812  CB  TYR I 181     -58.660 -30.519  69.908  1.00 25.56      D000 C
ATOM   6813  CG  TYR I 181     -57.826 -29.264  69.780  1.00 28.66      D000 C
ATOM   6814  CD1 TYR I 181     -56.520 -29.301  69.277  1.00 31.67      D000 C
ATOM   6815  CD2 TYR I 181     -58.336 -28.043  70.162  1.00 25.48      D000 C
ATOM   6816  CE1 TYR I 181     -55.768 -28.154  69.148  1.00 29.47      D000 C
ATOM   6817  CE2 TYR I 181     -57.579 -26.897  70.054  1.00 29.61      D000 C
ATOM   6818  CZ  TYR I 181     -56.299 -26.952  69.546  1.00 33.58      D000 C
ATOM   6819  OH  TYR I 181     -55.570 -25.786  69.431  1.00 36.52      D000 O
ATOM   6820  N   CYS I 182     -57.668 -32.125  67.395  1.00 30.45      D000 N
ATOM   6821  CA  CYS I 182     -56.669 -32.250  66.346  1.00 39.92      D000 C
ATOM   6822  C   CYS I 182     -57.323 -32.304  64.964  1.00 42.48      D000 C
ATOM   6823  O   CYS I 182     -56.879 -31.607  64.034  1.00 37.23      D000 O
ATOM   6824  CB  CYS I 182     -55.793 -33.477  66.614  1.00 37.71      D000 C
ATOM   6825  SG  CYS I 182     -54.685 -33.283  68.064  1.00 42.44      D000 S
ATOM   6826  N   ARG I 183     -58.413 -33.073  64.832  1.00 33.83      D000 N
ATOM   6827  CA  ARG I 183     -59.071 -33.213  63.538  1.00 34.20      D000 C
ATOM   6828  C   ARG I 183     -59.478 -31.860  62.965  1.00 40.37      D000 C
ATOM   6829  O   ARG I 183     -59.310 -31.617  61.764  1.00 43.30      D000 O
ATOM   6830  CB  ARG I 183     -60.275 -34.128  63.670  1.00 36.10      D000 C
ATOM   6831  CG  ARG I 183     -59.902 -35.562  63.991  1.00 34.06      D000 C
ATOM   6832  CD  ARG I 183     -61.081 -36.236  64.587  1.00 39.52      D000 C
ATOM   6833  NE  ARG I 183     -61.350 -37.531  63.997  1.00 57.45      D000 N
ATOM   6834  CZ  ARG I 183     -62.574 -37.960  63.698  1.00 68.60      D000 C
ATOM   6835  NH1 ARG I 183     -63.619 -37.172  63.920  1.00 55.03      D000 N1+
ATOM   6836  NH2 ARG I 183     -62.754 -39.165  63.159  1.00 76.79      D000 N
ATOM   6837  N   LEU I 184     -59.980 -30.952  63.805  1.00 34.08      D000 N
ATOM   6838  CA  LEU I 184     -60.347 -29.625  63.319  1.00 36.10      D000 C
ATOM   6839  C   LEU I 184     -59.159 -28.729  62.998  1.00 40.84      D000 C
ATOM   6840  O   LEU I 184     -59.369 -27.647  62.436  1.00 43.24      D000 O
ATOM   6841  CB  LEU I 184     -61.207 -28.901  64.344  1.00 42.44      D000 C
ATOM   6842  CG  LEU I 184     -62.705 -29.142  64.369  1.00 44.30      D000 C
ATOM   6843  CD1 LEU I 184     -62.982 -30.550  64.684  1.00 40.27      D000 C
ATOM   6844  CD2 LEU I 184     -63.246 -28.314  65.458  1.00 44.72      D000 C
ATOM   6845  N   GLU I 185     -57.938 -29.126  63.359  1.00 44.61      D000 N
ATOM   6846  CA  GLU I 185     -56.714 -28.453  62.938  1.00 42.87      D000 C
ATOM   6847  C   GLU I 185     -56.132 -29.068  61.664  1.00 45.96      D000 C
ATOM   6848  O   GLU I 185     -55.000 -28.744  61.284  1.00 41.44      D000 O
ATOM   6849  CB  GLU I 185     -55.678 -28.517  64.061  1.00 38.65      D000 C
ATOM   6850  CG  GLU I 185     -56.035 -27.729  65.294  1.00 42.71      D000 C
ATOM   6851  CD  GLU I 185     -55.905 -26.233  65.117  1.00 46.41      D000 C
ATOM   6852  OE1 GLU I 185     -54.995 -25.799  64.379  1.00 49.20      D000 O
ATOM   6853  OE2 GLU I 185     -56.701 -25.489  65.737  1.00 47.94      D000 O1-
ATOM   6854  N   ASP I 186     -56.902 -29.923  60.992  1.00 46.15      D000 N
ATOM   6855  CA  ASP I 186     -56.421 -30.765  59.904  1.00 46.32      D000 C
ATOM   6856  C   ASP I 186     -55.202 -31.570  60.344  1.00 45.43      D000 C
ATOM   6857  O   ASP I 186     -54.175 -31.625  59.670  1.00 47.14      D000 O
ATOM   6858  CB  ASP I 186     -56.136 -29.951  58.642  1.00 54.37      D000 C
ATOM   6859  CG  ASP I 186     -56.259 -30.795  57.356  1.00 66.46      D000 C
ATOM   6860  OD1 ASP I 186     -56.408 -32.045  57.464  1.00 61.88      D000 O
ATOM   6861  OD2 ASP I 186     -56.193 -30.206  56.242  1.00 69.65      D000 O1-
ATOM   6862  N   ALA I 187     -55.318 -32.197  61.505  1.00 42.36      D000 N
ATOM   6863  CA  ALA I 187     -54.205 -32.950  62.052  1.00 35.32      D000 C
ATOM   6864  C   ALA I 187     -54.783 -34.150  62.787  1.00 33.26      D000 C
ATOM   6865  O   ALA I 187     -55.966 -34.465  62.668  1.00 37.96      D000 O
ATOM   6866  CB  ALA I 187     -53.337 -32.044  62.933  1.00 32.84      D000 C
ATOM   6867  N   HIS I 188     -53.962 -34.816  63.567  1.00 30.88      D000 N
ATOM   6868  CA  HIS I 188     -54.456 -35.987  64.253  1.00 32.32      D000 C
ATOM   6869  C   HIS I 188     -53.593 -36.192  65.488  1.00 38.94      D000 C
ATOM   6870  O   HIS I 188     -52.452 -35.723  65.547  1.00 41.15      D000 O
ATOM   6871  CB  HIS I 188     -54.419 -37.199  63.331  1.00 28.57      D000 C
ATOM   6872  CG  HIS I 188     -53.039 -37.551  62.871  1.00 39.86      D000 C
ATOM   6873  ND1 HIS I 188     -52.317 -38.593  63.414  1.00 43.77      D000 N
ATOM   6874  CD2 HIS I 188     -52.238 -36.986  61.935  1.00 40.63      D000 C
ATOM   6875  CE1 HIS I 188     -51.136 -38.662  62.824  1.00 43.40      D000 C
ATOM   6876  NE2 HIS I 188     -51.063 -37.697  61.925  1.00 44.73      D000 N
ATOM   6877  N   LEU I 189     -54.155 -36.887  66.480  1.00 34.91      D000 N
ATOM   6878  CA  LEU I 189     -53.389 -37.240  67.667  1.00 36.57      D000 C
ATOM   6879  C   LEU I 189     -52.134 -38.003  67.269  1.00 36.22      D000 C
ATOM   6880  O   LEU I 189     -52.181 -38.892  66.414  1.00 36.87      D000 O
ATOM   6881  CB  LEU I 189     -54.227 -38.079  68.626  1.00 33.58      D000 C
```

```
ATOM   6882  CG  LEU I 189     -55.332 -37.326  69.361  1.00 32.53      D000 C
ATOM   6883  CD1 LEU I 189     -56.060 -38.310  70.251  1.00 31.98      D000 C
ATOM   6884  CD2 LEU I 189     -54.785 -36.156  70.127  1.00 32.11      D000 C
ATOM   6885  N   VAL I 190     -51.006 -37.639  67.889  1.00 34.36      D000 N
ATOM   6886  CA  VAL I 190     -49.706 -38.113  67.426  1.00 36.90      D000 C
ATOM   6887  C   VAL I 190     -49.705 -39.621  67.302  1.00 34.99      D000 C
ATOM   6888  O   VAL I 190     -50.277 -40.340  68.126  1.00 38.49      D000 O
ATOM   6889  CB  VAL I 190     -48.565 -37.658  68.355  1.00 40.36      D000 C
ATOM   6890  CG1 VAL I 190     -48.720 -38.264  69.755  1.00 36.50      D000 C
ATOM   6891  CG2 VAL I 190     -47.214 -38.026  67.743  1.00 36.89      D000 C
ATOM   6892  N   VAL I 191     -49.097 -40.091  66.224  1.00 38.67      D000 N
ATOM   6893  CA  VAL I 191     -48.933 -41.503  65.926  1.00 40.35      D000 C
ATOM   6894  C   VAL I 191     -47.436 -41.758  65.901  1.00 37.87      D000 C
ATOM   6895  O   VAL I 191     -46.719 -41.196  65.064  1.00 39.61      D000 O
ATOM   6896  CB  VAL I 191     -49.589 -41.882  64.586  1.00 42.11      D000 C
ATOM   6897  CG1 VAL I 191     -49.208 -43.319  64.164  1.00 36.05      D000 C
ATOM   6898  CG2 VAL I 191     -51.109 -41.663  64.648  1.00 38.64      D000 C
ATOM   6899  N   VAL I 192     -46.969 -42.599  66.805  1.00 36.01      D000 N
ATOM   6900  CA  VAL I 192     -45.545 -42.767  67.055  1.00 41.63      D000 C
ATOM   6901  C   VAL I 192     -45.088 -44.039  66.361  1.00 37.03      D000 C
ATOM   6902  O   VAL I 192     -45.528 -45.138  66.718  1.00 40.05      D000 O
ATOM   6903  CB  VAL I 192     -45.264 -42.808  68.565  1.00 40.06      D000 C
ATOM   6904  CG1 VAL I 192     -43.805 -43.021  68.828  1.00 43.89      D000 C
ATOM   6905  CG2 VAL I 192     -45.723 -41.516  69.199  1.00 30.23      D000 C
ATOM   6906  N   THR I 193     -44.188 -43.897  65.377  1.00 40.22      D000 N
ATOM   6907  CA  THR I 193     -43.828 -45.009  64.496  1.00 46.20      D000 C
ATOM   6908  C   THR I 193     -42.371 -45.451  64.595  1.00 48.77      D000 C
ATOM   6909  O   THR I 193     -42.009 -46.439  63.948  1.00 50.27      D000 O
ATOM   6910  CB  THR I 193     -44.081 -44.649  63.021  1.00 37.88      D000 C
ATOM   6911  OG1 THR I 193     -43.196 -43.588  62.655  1.00 46.69      D000 O
ATOM   6912  CG2 THR I 193     -45.516 -44.167  62.808  1.00 35.86      D000 C
ATOM   6913  N   SER I 194     -41.529 -44.758  65.364  1.00 47.04      D000 N
ATOM   6914  CA  SER I 194     -40.107 -45.072  65.443  1.00 47.61      D000 C
ATOM   6915  C   SER I 194     -39.578 -44.648  66.802  1.00 47.34      D000 C
ATOM   6916  O   SER I 194     -40.228 -43.898  67.531  1.00 48.44      D000 O
ATOM   6917  CB  SER I 194     -39.292 -44.369  64.357  1.00 44.10      D000 C
ATOM   6918  OG  SER I 194     -39.457 -42.964  64.442  1.00 48.66      D000 O
ATOM   6919  N   TRP I 195     -38.388 -45.147  67.143  1.00 44.89      D000 N
ATOM   6920  CA  TRP I 195     -37.764 -44.738  68.392  1.00 43.95      D000 C
ATOM   6921  C   TRP I 195     -37.376 -43.274  68.361  1.00 46.62      D000 C
ATOM   6922  O   TRP I 195     -37.488 -42.577  69.379  1.00 43.24      D000 O
ATOM   6923  CB  TRP I 195     -36.552 -45.605  68.717  1.00 48.92      D000 C
ATOM   6924  CG  TRP I 195     -36.802 -46.281  70.004  1.00 55.85      D000 C
ATOM   6925  CD1 TRP I 195     -37.056 -45.676  71.212  1.00 56.28      D000 C
ATOM   6926  CD2 TRP I 195     -36.901 -47.690  70.230  1.00 56.55      D000 C
ATOM   6927  NE1 TRP I 195     -37.292 -46.630  72.179  1.00 58.55      D000 N
ATOM   6928  CE2 TRP I 195     -37.199 -47.874  71.605  1.00 65.39      D000 C
ATOM   6929  CE3 TRP I 195     -36.755 -48.815  69.413  1.00 48.79      D000 C
ATOM   6930  CZ2 TRP I 195     -37.353 -49.140  72.174  1.00 63.33      D000 C
ATOM   6931  CZ3 TRP I 195     -36.904 -50.070  69.980  1.00 61.76      D000 C
ATOM   6932  CH2 TRP I 195     -37.198 -50.223  71.349  1.00 69.03      D000 C
ATOM   6933  N   GLU I 196     -36.914 -42.786  67.210  1.00 43.07      D000 N
ATOM   6934  CA  GLU I 196     -36.579 -41.374  67.119  1.00 38.64      D000 C
ATOM   6935  C   GLU I 196     -37.818 -40.526  67.331  1.00 38.66      D000 C
ATOM   6936  O   GLU I 196     -37.782 -39.540  68.074  1.00 41.67      D000 O
ATOM   6937  CB  GLU I 196     -35.919 -41.061  65.783  1.00 37.74      D000 C
ATOM   6938  CG  GLU I 196     -36.000 -42.187  64.776  1.00 52.87      D000 C
ATOM   6939  CD  GLU I 196     -35.141 -43.397  65.156  1.00 66.98      D000 C
ATOM   6940  OE1 GLU I 196     -35.717 -44.504  65.378  1.00 59.55      D000 O
ATOM   6941  OE2 GLU I 196     -33.899 -43.224  65.260  1.00 74.05      D000 O1-
ATOM   6942  N   GLU I 197     -38.945 -40.923  66.737  1.00 39.39      D000 N
ATOM   6943  CA  GLU I 197     -40.168 -40.155  66.948  1.00 42.64      D000 C
ATOM   6944  C   GLU I 197     -40.599 -40.215  68.410  1.00 37.64      D000 C
ATOM   6945  O   GLU I 197     -41.014 -39.205  68.981  1.00 32.92      D000 O
ATOM   6946  CB  GLU I 197     -41.283 -40.664  66.038  1.00 40.56      D000 C
ATOM   6947  CG  GLU I 197     -42.482 -39.748  66.042  1.00 37.27      D000 C
ATOM   6948  CD  GLU I 197     -43.515 -40.096  64.990  1.00 42.36      D000 C
ATOM   6949  OE1 GLU I 197     -43.544 -41.263  64.528  1.00 39.06      D000 O
ATOM   6950  OE2 GLU I 197     -44.277 -39.173  64.601  1.00 44.17      D000 O1-
ATOM   6951  N   GLN I 198     -40.485 -41.396  69.026  1.00 37.19      D000 N
ATOM   6952  CA  GLN I 198     -40.810 -41.562  70.435  1.00 33.73      D000 C
```

```
ATOM   6953  C   GLN I 198     -39.920 -40.689  71.301  1.00 39.61      D000 C
ATOM   6954  O   GLN I 198     -40.401 -39.995  72.206  1.00 35.04      D000 O
ATOM   6955  CB  GLN I 198     -40.659 -43.026  70.832  1.00 32.87      D000 C
ATOM   6956  CG  GLN I 198     -40.502 -43.235  72.323  1.00 37.28      D000 C
ATOM   6957  CD  GLN I 198     -41.830 -43.123  73.085  1.00 35.70      D000 C
ATOM   6958  OE1 GLN I 198     -42.902 -43.371  72.539  1.00 30.32      D000 O
ATOM   6959  NE2 GLN I 198     -41.749 -42.729  74.345  1.00 35.65      D000 N
ATOM   6960  N   LYS I 199     -38.610 -40.700  71.014  1.00 44.77      D000 N
ATOM   6961  CA  LYS I 199     -37.666 -39.882  71.765  1.00 39.06      D000 C
ATOM   6962  C   LYS I 199     -37.934 -38.405  71.551  1.00 32.39      D000 C
ATOM   6963  O   LYS I 199     -37.949 -37.629  72.509  1.00 31.60      D000 O
ATOM   6964  CB  LYS I 199     -36.232 -40.241  71.380  1.00 36.82      D000 C
ATOM   6965  CG  LYS I 199     -35.661 -41.318  72.265  1.00 38.84      D000 C
ATOM   6966  CD  LYS I 199     -34.660 -42.196  71.578  1.00 46.27      D000 C
ATOM   6967  CE  LYS I 199     -33.601 -41.398  70.901  1.00 41.73      D000 C
ATOM   6968  NZ  LYS I 199     -32.530 -42.355  70.568  1.00 49.72      D000 N1+
ATOM   6969  N   PHE I 200     -38.200 -38.011  70.309  1.00 34.30      D000 N
ATOM   6970  CA  PHE I 200     -38.496 -36.613  70.030  1.00 32.36      D000 C
ATOM   6971  C   PHE I 200     -39.712 -36.127  70.813  1.00 34.19      D000 C
ATOM   6972  O   PHE I 200     -39.724 -34.995  71.313  1.00 32.22      D000 O
ATOM   6973  CB  PHE I 200     -38.719 -36.408  68.539  1.00 28.30      D000 C
ATOM   6974  CG  PHE I 200     -39.389 -35.123  68.221  1.00 29.58      D000 C
ATOM   6975  CD1 PHE I 200     -38.661 -33.950  68.167  1.00 34.42      D000 C
ATOM   6976  CD2 PHE I 200     -40.750 -35.070  67.988  1.00 32.89      D000 C
ATOM   6977  CE1 PHE I 200     -39.278 -32.727  67.878  1.00 36.14      D000 C
ATOM   6978  CE2 PHE I 200     -41.373 -33.852  67.708  1.00 32.23      D000 C
ATOM   6979  CZ  PHE I 200     -40.628 -32.679  67.656  1.00 32.52      D000 C
ATOM   6980  N   VAL I 201     -40.766 -36.949  70.896  1.00 34.21      D000 N
ATOM   6981  CA  VAL I 201     -41.963 -36.512  71.604  1.00 32.09      D000 C
ATOM   6982  C   VAL I 201     -41.691 -36.409  73.104  1.00 28.47      D000 C
ATOM   6983  O   VAL I 201     -42.112 -35.445  73.745  1.00 29.67      D000 O
ATOM   6984  CB  VAL I 201     -43.166 -37.423  71.280  1.00 33.84      D000 C
ATOM   6985  CG1 VAL I 201     -44.371 -37.069  72.171  1.00 26.65      D000 C
ATOM   6986  CG2 VAL I 201     -43.564 -37.259  69.826  1.00 29.93      D000 C
ATOM   6987  N   GLN I 202     -40.948 -37.368  73.675  1.00 29.76      D000 N
ATOM   6988  CA  GLN I 202     -40.625 -37.333  75.103  1.00 27.89      D000 C
ATOM   6989  C   GLN I 202     -39.957 -36.027  75.500  1.00 30.88      D000 C
ATOM   6990  O   GLN I 202     -40.371 -35.375  76.462  1.00 33.51      D000 O
ATOM   6991  CB  GLN I 202     -39.692 -38.471  75.456  1.00 36.89      D000 C
ATOM   6992  CG  GLN I 202     -40.291 -39.826  75.569  1.00 42.55      D000 C
ATOM   6993  CD  GLN I 202     -39.269 -40.793  76.129  1.00 48.57      D000 C
ATOM   6994  OE1 GLN I 202     -39.196 -41.954  75.707  1.00 49.10      D000 O
ATOM   6995  NE2 GLN I 202     -38.440 -40.305  77.064  1.00 45.91      D000 N
ATOM   6996  N   HIS I 203     -38.934 -35.620  74.748  1.00 28.33      D000 N
ATOM   6997  CA  HIS I 203     -38.244 -34.367  74.998  1.00 28.20      D000 C
ATOM   6998  C   HIS I 203     -39.221 -33.223  75.160  1.00 32.96      D000 C
ATOM   6999  O   HIS I 203     -39.085 -32.395  76.066  1.00 38.66      D000 O
ATOM   7000  CB  HIS I 203     -37.308 -34.053  73.837  1.00 38.51      D000 C
ATOM   7001  CG  HIS I 203     -35.942 -34.622  73.991  1.00 45.00      D000 C
ATOM   7002  ND1 HIS I 203     -35.086 -34.222  74.994  1.00 43.86      D000 N
ATOM   7003  CD2 HIS I 203     -35.274 -35.544  73.260  1.00 44.53      D000 C
ATOM   7004  CE1 HIS I 203     -33.951 -34.887  74.882  1.00 48.63      D000 C
ATOM   7005  NE2 HIS I 203     -34.043 -35.701  73.843  1.00 52.83      D000 N
ATOM   7006  N   HIS I 204     -40.192 -33.140  74.253  1.00 33.22      D000 N
ATOM   7007  CA  HIS I 204     -41.092 -32.000  74.229  1.00 33.76      D000 C
ATOM   7008  C   HIS I 204     -42.207 -32.107  75.257  1.00 30.31      D000 C
ATOM   7009  O   HIS I 204     -42.651 -31.076  75.766  1.00 32.42      D000 O
ATOM   7010  CB  HIS I 204     -41.680 -31.825  72.836  1.00 34.09      D000 C
ATOM   7011  CG  HIS I 204     -40.730 -31.209  71.872  1.00 33.98      D000 C
ATOM   7012  ND1 HIS I 204     -40.541 -29.847  71.793  1.00 36.56      D000 N
ATOM   7013  CD2 HIS I 204     -39.894 -31.764  70.964  1.00 37.43      D000 C
ATOM   7014  CE1 HIS I 204     -39.636 -29.587  70.865  1.00 42.50      D000 C
ATOM   7015  NE2 HIS I 204     -39.224 -30.732  70.349  1.00 42.23      D000 N
ATOM   7016  N   ILE I 205     -42.658 -33.313  75.609  1.00 27.51      D000 N
ATOM   7017  CA  ILE I 205     -43.735 -33.386  76.587  1.00 30.86      D000 C
ATOM   7018  C   ILE I 205     -43.220 -33.433  78.017  1.00 29.89      D000 C
ATOM   7019  O   ILE I 205     -43.958 -33.056  78.934  1.00 35.65      D000 O
ATOM   7020  CB  ILE I 205     -44.686 -34.591  76.395  1.00 31.24      D000 C
ATOM   7021  CG1 ILE I 205     -43.981 -35.940  76.592  1.00 26.46      D000 C
ATOM   7022  CG2 ILE I 205     -45.357 -34.529  75.064  1.00 28.37      D000 C
ATOM   7023  CD1 ILE I 205     -44.943 -37.086  76.633  1.00 25.80      D000 C
```

```
ATOM   7024  N   GLY I 206     -41.978 -33.852  78.238  1.00 28.95      D000 N
ATOM   7025  CA  GLY I 206     -41.465 -33.985  79.584  1.00 29.61      D000 C
ATOM   7026  C   GLY I 206     -42.122 -35.118  80.345  1.00 27.57      D000 C
ATOM   7027  O   GLY I 206     -42.811 -35.956  79.766  1.00 29.14      D000 O
ATOM   7028  N   PRO I 207     -41.941 -35.153  81.711  1.00 29.38      D000 N
ATOM   7029  CA  PRO I 207     -42.433 -36.295  82.509  1.00 32.33      D000 C
ATOM   7030  C   PRO I 207     -43.904 -36.143  82.896  1.00 35.00      D000 C
ATOM   7031  O   PRO I 207     -44.262 -36.029  84.077  1.00 27.86      D000 O
ATOM   7032  CB  PRO I 207     -41.492 -36.271  83.719  1.00 29.81      D000 C
ATOM   7033  CG  PRO I 207     -41.194 -34.812  83.899  1.00 30.51      D000 C
ATOM   7034  CD  PRO I 207     -41.260 -34.150  82.549  1.00 24.29      D000 C
ATOM   7035  N   VAL I 208     -44.771 -36.126  81.879  1.00 31.78      D000 N
ATOM   7036  CA  VAL I 208     -46.167 -35.726  81.999  1.00 26.40      D000 C
ATOM   7037  C   VAL I 208     -47.040 -36.722  81.258  1.00 27.82      D000 C
ATOM   7038  O   VAL I 208     -46.764 -37.034  80.098  1.00 30.68      D000 O
ATOM   7039  CB  VAL I 208     -46.388 -34.323  81.425  1.00 25.92      D000 C
ATOM   7040  CG1 VAL I 208     -47.832 -33.981  81.495  1.00 28.17      D000 C
ATOM   7041  CG2 VAL I 208     -45.544 -33.320  82.172  1.00 26.96      D000 C
ATOM   7042  N   ASN I 209     -48.080 -37.232  81.927  1.00 27.70      D000 N
ATOM   7043  CA  ASN I 209     -49.054 -38.093  81.264  1.00 25.54      D000 C
ATOM   7044  C   ASN I 209     -49.688 -37.350  80.096  1.00 29.53      D000 C
ATOM   7045  O   ASN I 209     -50.263 -36.271  80.277  1.00 30.75      D000 O
ATOM   7046  CB  ASN I 209     -50.119 -38.560  82.251  1.00 24.84      D000 C
ATOM   7047  CG  ASN I 209     -49.588 -39.606  83.223  1.00 31.55      D000 C
ATOM   7048  OD1 ASN I 209     -48.636 -40.343  82.922  1.00 29.18      D000 O
ATOM   7049  ND2 ASN I 209     -50.193 -39.667  84.407  1.00 32.11      D000 N
ATOM   7050  N   THR I 210     -49.543 -37.905  78.889  1.00 28.06      D000 N
ATOM   7051  CA  THR I 210     -49.900 -37.194  77.666  1.00 29.54      D000 C
ATOM   7052  C   THR I 210     -50.593 -38.164  76.716  1.00 30.18      D000 C
ATOM   7053  O   THR I 210     -50.080 -39.257  76.474  1.00 31.78      D000 O
ATOM   7054  CB  THR I 210     -48.635 -36.568  77.017  1.00 32.46      D000 C
ATOM   7055  OG1 THR I 210     -48.068 -35.576  77.891  1.00 28.52      D000 O
ATOM   7056  CG2 THR I 210     -48.955 -35.895  75.680  1.00 32.03      D000 C
ATOM   7057  N   TRP I 211     -51.748 -37.771  76.178  1.00 28.21      D000 N
ATOM   7058  CA  TRP I 211     -52.484 -38.637  75.257  1.00 30.26      D000 C
ATOM   7059  C   TRP I 211     -51.777 -38.768  73.915  1.00 34.53      D000 C
ATOM   7060  O   TRP I 211     -51.243 -37.784  73.388  1.00 36.53      D000 O
ATOM   7061  CB  TRP I 211     -53.870 -38.078  74.986  1.00 27.00      D000 C
ATOM   7062  CG  TRP I 211     -54.837 -38.105  76.098  1.00 29.16      D000 C
ATOM   7063  CD1 TRP I 211     -55.575 -37.051  76.552  1.00 29.17      D000 C
ATOM   7064  CD2 TRP I 211     -55.232 -39.235  76.871  1.00 27.40      D000 C
ATOM   7065  NE1 TRP I 211     -56.401 -37.453  77.547  1.00 29.33      D000 N
ATOM   7066  CE2 TRP I 211     -56.208 -38.791  77.777  1.00 31.18      D000 C
ATOM   7067  CE3 TRP I 211     -54.849 -40.575  76.896  1.00 30.57      D000 C
ATOM   7068  CZ2 TRP I 211     -56.804 -39.643  78.721  1.00 33.48      D000 C
ATOM   7069  CZ3 TRP I 211     -55.442 -41.420  77.828  1.00 32.75      D000 C
ATOM   7070  CH2 TRP I 211     -56.414 -40.952  78.721  1.00 31.65      D000 C
ATOM   7071  N   MET I 212     -51.828 -39.969  73.332  1.00 30.71      D000 N
ATOM   7072  CA  MET I 212     -51.425 -40.202  71.945  1.00 35.06      D000 C
ATOM   7073  C   MET I 212     -52.588 -40.816  71.166  1.00 34.50      D000 C
ATOM   7074  O   MET I 212     -53.536 -41.339  71.746  1.00 29.90      D000 O
ATOM   7075  CB  MET I 212     -50.197 -41.126  71.870  1.00 33.98      D000 C
ATOM   7076  CG  MET I 212     -50.532 -42.612  72.009  1.00 34.65      D000 C
ATOM   7077  SD  MET I 212     -49.112 -43.701  72.320  1.00 36.95      D000 S
ATOM   7078  CE  MET I 212     -48.665 -43.185  73.977  1.00 32.76      D000 C
ATOM   7079  N   GLY I 213     -52.482 -40.824  69.836  1.00 31.69      D000 N
ATOM   7080  CA  GLY I 213     -53.575 -41.340  69.027  1.00 34.66      D000 C
ATOM   7081  C   GLY I 213     -53.764 -42.849  68.974  1.00 32.70      D000 C
ATOM   7082  O   GLY I 213     -53.862 -43.424  67.900  1.00 36.23      D000 O
ATOM   7083  N   LEU I 214     -53.871 -43.509  70.116  1.00 34.81      D000 N
ATOM   7084  CA  LEU I 214     -53.951 -44.961  70.150  1.00 39.32      D000 C
ATOM   7085  C   LEU I 214     -55.046 -45.365  71.132  1.00 45.03      D000 C
ATOM   7086  O   LEU I 214     -54.950 -45.073  72.327  1.00 45.18      D000 O
ATOM   7087  CB  LEU I 214     -52.589 -45.544  70.557  1.00 39.33      D000 C
ATOM   7088  CG  LEU I 214     -52.388 -47.049  70.722  1.00 44.57      D000 C
ATOM   7089  CD1 LEU I 214     -52.448 -47.717  69.369  1.00 42.58      D000 C
ATOM   7090  CD2 LEU I 214     -51.059 -47.335  71.406  1.00 38.76      D000 C
ATOM   7091  N   HIS I 215     -56.076 -46.053  70.639  1.00 50.99      D000 N
ATOM   7092  CA  HIS I 215     -57.202 -46.449  71.479  1.00 54.24      D000 C
ATOM   7093  C   HIS I 215     -57.809 -47.741  70.957  1.00 53.49      D000 C
ATOM   7094  O   HIS I 215     -57.726 -48.039  69.766  1.00 59.77      D000 O
```

```
ATOM   7095  CB  HIS I 215     -58.297 -45.381  71.525  1.00 51.69      D000 C
ATOM   7096  CG  HIS I 215     -58.991 -45.169  70.220  1.00 53.16      D000 C
ATOM   7097  ND1 HIS I 215     -60.319 -44.814  70.139  1.00 61.14      D000 N
ATOM   7098  CD2 HIS I 215     -58.542 -45.241  68.946  1.00 52.42      D000 C
ATOM   7099  CE1 HIS I 215     -60.664 -44.692  68.868  1.00 60.68      D000 C
ATOM   7100  NE2 HIS I 215     -59.602 -44.938  68.124  1.00 56.57      D000 N
ATOM   7101  N   ASP I 216     -58.446 -48.489  71.850  1.00 51.53      D000 N
ATOM   7102  CA  ASP I 216     -59.163 -49.708  71.488  1.00 63.11      D000 C
ATOM   7103  C   ASP I 216     -60.629 -49.629  71.897  1.00 70.32      D000 C
ATOM   7104  O   ASP I 216     -61.218 -50.615  72.345  1.00 73.44      D000 O
ATOM   7105  CB  ASP I 216     -58.504 -50.956  72.083  1.00 62.05      D000 C
ATOM   7106  CG  ASP I 216     -58.816 -51.157  73.565  1.00 63.11      D000 C
ATOM   7107  OD1 ASP I 216     -59.134 -50.177  74.265  1.00 66.02      D000 O
ATOM   7108  OD2 ASP I 216     -58.783 -52.313  74.025  1.00 71.37      D000 O1-
ATOM   7109  N   GLN I 217     -61.243 -48.448  71.761  1.00 68.81      D000 N
ATOM   7110  CA  GLN I 217     -62.674 -48.330  72.036  1.00 79.13      D000 C
ATOM   7111  C   GLN I 217     -63.497 -49.323  71.214  1.00 82.76      D000 C
ATOM   7112  O   GLN I 217     -64.637 -49.629  71.584  1.00 81.10      D000 O
ATOM   7113  CB  GLN I 217     -63.136 -46.885  71.804  1.00 78.37      D000 C
ATOM   7114  CG  GLN I 217     -63.047 -46.020  73.089  1.00 75.77      D000 C
ATOM   7115  CD  GLN I 217     -62.642 -44.570  72.825  1.00 67.80      D000 C
ATOM   7116  OE1 GLN I 217     -61.796 -44.296  71.969  1.00 62.96      D000 O
ATOM   7117  NE2 GLN I 217     -63.220 -43.637  73.591  1.00 56.15      D000 N
ATOM   7118  N   ASN I 218     -62.934 -49.838  70.118  1.00 81.51      D000 N
ATOM   7119  CA  ASN I 218     -63.546 -50.918  69.346  1.00 86.93      D000 C
ATOM   7120  C   ASN I 218     -63.369 -52.279  70.037  1.00 84.87      D000 C
ATOM   7121  O   ASN I 218     -64.349 -52.951  70.386  1.00 79.46      D000 O
ATOM   7122  CB  ASN I 218     -62.928 -50.932  67.942  1.00 92.18      D000 C
ATOM   7123  CG  ASN I 218     -63.905 -51.382  66.867  1.00 99.76      D000 C
ATOM   7124  OD1 ASN I 218     -63.626 -51.249  65.669  1.00 98.33      D000 O
ATOM   7125  ND2 ASN I 218     -65.059 -51.902  67.285  1.00 97.53      D000 N
ATOM   7126  N   GLY I 219     -62.117 -52.679  70.279  1.00 81.16      D000 N
ATOM   7127  CA  GLY I 219     -61.786 -54.004  70.763  1.00 72.74      D000 C
ATOM   7128  C   GLY I 219     -60.286 -54.248  70.697  1.00 71.27      D000 C
ATOM   7129  O   GLY I 219     -59.631 -54.504  71.715  1.00 64.68      D000 O
ATOM   7130  N   PRO I 220     -59.712 -54.165  69.493  1.00 71.97      D000 N
ATOM   7131  CA  PRO I 220     -58.254 -54.149  69.354  1.00 66.99      D000 C
ATOM   7132  C   PRO I 220     -57.718 -52.723  69.288  1.00 65.66      D000 C
ATOM   7133  O   PRO I 220     -58.435 -51.765  68.980  1.00 63.20      D000 O
ATOM   7134  CB  PRO I 220     -58.025 -54.861  68.014  1.00 60.23      D000 C
ATOM   7135  CG  PRO I 220     -59.311 -54.670  67.242  1.00 61.26      D000 C
ATOM   7136  CD  PRO I 220     -60.369 -54.114  68.172  1.00 66.08      D000 C
ATOM   7137  N   TRP I 221     -56.429 -52.596  69.586  1.00 55.14      D000 N
ATOM   7138  CA  TRP I 221     -55.793 -51.292  69.545  1.00 47.35      D000 C
ATOM   7139  C   TRP I 221     -55.622 -50.832  68.103  1.00 49.66      D000 C
ATOM   7140  O   TRP I 221     -55.267 -51.614  67.218  1.00 47.87      D000 O
ATOM   7141  CB  TRP I 221     -54.450 -51.345  70.262  1.00 52.11      D000 C
ATOM   7142  CG  TRP I 221     -54.577 -51.541  71.768  1.00 58.06      D000 C
ATOM   7143  CD1 TRP I 221     -54.489 -52.721  72.456  1.00 56.76      D000 C
ATOM   7144  CD2 TRP I 221     -54.817 -50.524  72.754  1.00 56.97      D000 C
ATOM   7145  NE1 TRP I 221     -54.650 -52.500  73.800  1.00 58.53      D000 N
ATOM   7146  CE2 TRP I 221     -54.860 -51.163  74.012  1.00 57.57      D000 C
ATOM   7147  CE3 TRP I 221     -54.999 -49.136  72.695  1.00 53.29      D000 C
ATOM   7148  CZ2 TRP I 221     -55.078 -50.464  75.201  1.00 53.89      D000 C
ATOM   7149  CZ3 TRP I 221     -55.211 -48.447  73.874  1.00 50.92      D000 C
ATOM   7150  CH2 TRP I 221     -55.251 -49.113  75.110  1.00 52.06      D000 C
ATOM   7151  N   LYS I 222     -55.888 -49.550  67.870  1.00 47.59      D000 N
ATOM   7152  CA  LYS I 222     -55.833 -48.951  66.546  1.00 47.00      D000 C
ATOM   7153  C   LYS I 222     -55.218 -47.565  66.654  1.00 47.01      D000 C
ATOM   7154  O   LYS I 222     -55.421 -46.869  67.650  1.00 48.52      D000 O
ATOM   7155  CB  LYS I 222     -57.240 -48.830  65.933  1.00 47.34      D000 C
ATOM   7156  CG  LYS I 222     -58.076 -50.090  66.018  1.00 46.82      D000 C
ATOM   7157  CD  LYS I 222     -59.483 -49.822  65.523  1.00 66.09      D000 C
ATOM   7158  CE  LYS I 222     -60.297 -51.108  65.437  1.00 78.89      D000 C
ATOM   7159  NZ  LYS I 222     -61.575 -50.950  64.682  1.00 75.65      D000 N1+
ATOM   7160  N   TRP I 223     -54.475 -47.155  65.630  1.00 40.12      D000 N
ATOM   7161  CA  TRP I 223     -54.033 -45.768  65.562  1.00 42.18      D000 C
ATOM   7162  C   TRP I 223     -55.057 -44.910  64.815  1.00 40.82      D000 C
ATOM   7163  O   TRP I 223     -55.674 -45.348  63.843  1.00 42.00      D000 O
ATOM   7164  CB  TRP I 223     -52.654 -45.651  64.892  1.00 40.05      D000 C
ATOM   7165  CG  TRP I 223     -51.497 -46.261  65.689  1.00 43.88      D000 C
```

```
ATOM   7166  CD1 TRP I 223     -50.994 -47.529  65.568  1.00 43.26      D000 C
ATOM   7167  CD2 TRP I 223     -50.711 -45.620  66.718  1.00 45.79      D000 C
ATOM   7168  NE1 TRP I 223     -49.959 -47.722  66.455  1.00 40.92      D000 N
ATOM   7169  CE2 TRP I 223     -49.761 -46.570  67.171  1.00 42.07      D000 C
ATOM   7170  CE3 TRP I 223     -50.730 -44.341  67.310  1.00 40.91      D000 C
ATOM   7171  CZ2 TRP I 223     -48.837 -46.284  68.182  1.00 38.74      D000 C
ATOM   7172  CZ3 TRP I 223     -49.809 -44.054  68.305  1.00 37.29      D000 C
ATOM   7173  CH2 TRP I 223     -48.872 -45.027  68.730  1.00 42.40      D000 C
ATOM   7174  N   VAL I 224     -55.158 -43.642  65.220  1.00 35.57      D000 N
ATOM   7175  CA  VAL I 224     -56.214 -42.782  64.710  1.00 38.56      D000 C
ATOM   7176  C   VAL I 224     -56.046 -42.420  63.229  1.00 44.84      D000 C
ATOM   7177  O   VAL I 224     -57.010 -41.965  62.593  1.00 41.50      D000 O
ATOM   7178  CB  VAL I 224     -56.317 -41.511  65.574  1.00 38.88      D000 C
ATOM   7179  CG1 VAL I 224     -56.643 -41.880  66.984  1.00 34.96      D000 C
ATOM   7180  CG2 VAL I 224     -55.044 -40.664  65.498  1.00 36.68      D000 C
ATOM   7181  N   ASP I 225     -54.854 -42.575  62.657  1.00 47.42      D000 N
ATOM   7182  CA  ASP I 225     -54.634 -42.202  61.264  1.00 45.07      D000 C
ATOM   7183  C   ASP I 225     -54.667 -43.405  60.323  1.00 47.81      D000 C
ATOM   7184  O   ASP I 225     -54.433 -43.248  59.117  1.00 47.18      D000 O
ATOM   7185  CB  ASP I 225     -53.316 -41.416  61.120  1.00 43.11      D000 C
ATOM   7186  CG  ASP I 225     -52.062 -42.297  61.130  1.00 45.43      D000 C
ATOM   7187  OD1 ASP I 225     -52.115 -43.489  61.519  1.00 41.39      D000 O
ATOM   7188  OD2 ASP I 225     -50.996 -41.765  60.728  1.00 46.94      D000 O1-
ATOM   7189  N   GLY I 226     -54.980 -44.593  60.847  1.00 47.45      D000 N
ATOM   7190  CA  GLY I 226     -55.065 -45.811  60.081  1.00 41.79      D000 C
ATOM   7191  C   GLY I 226     -53.833 -46.683  60.170  1.00 52.00      D000 C
ATOM   7192  O   GLY I 226     -53.912 -47.876  59.850  1.00 56.10      D000 O
ATOM   7193  N   THR I 227     -52.713 -46.128  60.647  1.00 51.85      D000 N
ATOM   7194  CA  THR I 227     -51.473 -46.886  60.769  1.00 46.63      D000 C
ATOM   7195  C   THR I 227     -51.717 -48.209  61.476  1.00 39.30      D000 C
ATOM   7196  O   THR I 227     -52.498 -48.293  62.422  1.00 45.35      D000 O
ATOM   7197  CB  THR I 227     -50.425 -46.078  61.535  1.00 41.84      D000 C
ATOM   7198  OG1 THR I 227     -50.287 -44.782  60.931  1.00 39.58      D000 O
ATOM   7199  CG2 THR I 227     -49.093 -46.792  61.502  1.00 32.58      D000 C
ATOM   7200  N   ASP I 228     -51.097 -49.259  60.965  1.00 42.37      D000 N
ATOM   7201  CA  ASP I 228     -51.312 -50.564  61.553  1.00 43.67      D000 C
ATOM   7202  C   ASP I 228     -50.643 -50.637  62.911  1.00 47.41      D000 C
ATOM   7203  O   ASP I 228     -49.510 -50.182  63.090  1.00 48.24      D000 O
ATOM   7204  CB  ASP I 228     -50.780 -51.670  60.657  1.00 44.10      D000 C
ATOM   7205  CG  ASP I 228     -50.886 -53.024  61.317  1.00 47.63      D000 C
ATOM   7206  OD1 ASP I 228     -52.011 -53.436  61.652  1.00 48.15      D000 O
ATOM   7207  OD2 ASP I 228     -49.842 -53.674  61.519  1.00 56.59      D000 O1-
ATOM   7208  N   TYR I 229     -51.362 -51.196  63.878  1.00 48.84      D000 N
ATOM   7209  CA  TYR I 229     -50.808 -51.333  65.220  1.00 52.99      D000 C
ATOM   7210  C   TYR I 229     -49.895 -52.557  65.345  1.00 52.23      D000 C
ATOM   7211  O   TYR I 229     -48.800 -52.471  65.919  1.00 51.49      D000 O
ATOM   7212  CB  TYR I 229     -51.949 -51.395  66.243  1.00 46.59      D000 C
ATOM   7213  CG  TYR I 229     -51.529 -51.806  67.625  1.00 44.81      D000 C
ATOM   7214  CD2 TYR I 229     -51.533 -53.141  67.992  1.00 47.32      D000 C
ATOM   7215  CD1 TYR I 229     -51.096 -50.875  68.549  1.00 47.52      D000 C
ATOM   7216  CE2 TYR I 229     -51.138 -53.545  69.242  1.00 50.06      D000 C
ATOM   7217  CE1 TYR I 229     -50.700 -51.268  69.830  1.00 49.62      D000 C
ATOM   7218  CZ  TYR I 229     -50.723 -52.613  70.161  1.00 51.78      D000 C
ATOM   7219  OH  TYR I 229     -50.341 -53.044  71.407  1.00 41.13      D000 O
ATOM   7220  N   GLU I 230     -50.333 -53.705  64.828  1.00 53.05      D000 N
ATOM   7221  CA  GLU I 230     -49.710 -54.967  65.221  1.00 54.20      D000 C
ATOM   7222  C   GLU I 230     -48.276 -55.102  64.708  1.00 52.15      D000 C
ATOM   7223  O   GLU I 230     -47.392 -55.578  65.430  1.00 54.02      D000 O
ATOM   7224  CB  GLU I 230     -50.577 -56.134  64.766  1.00 60.03      D000 C
ATOM   7225  CG  GLU I 230     -50.249 -57.386  65.539  1.00 67.01      D000 C
ATOM   7226  CD  GLU I 230     -50.036 -57.099  67.016  1.00 66.61      D000 C
ATOM   7227  OE1 GLU I 230     -51.027 -56.765  67.706  1.00 68.50      D000 O
ATOM   7228  OE2 GLU I 230     -48.871 -57.189  67.479  1.00 67.23      D000 O1-
ATOM   7229  N   THR I 231     -48.019 -54.721  63.470  1.00 52.10      D000 N
ATOM   7230  CA  THR I 231     -46.651 -54.762  62.968  1.00 54.05      D000 C
ATOM   7231  C   THR I 231     -45.864 -53.483  63.276  1.00 50.36      D000 C
ATOM   7232  O   THR I 231     -44.664 -53.426  62.977  1.00 52.95      D000 O
ATOM   7233  CB  THR I 231     -46.649 -55.055  61.450  1.00 52.18      D000 C
ATOM   7234  OG1 THR I 231     -47.303 -53.996  60.732  1.00 44.52      D000 O
ATOM   7235  CG2 THR I 231     -47.325 -56.388  61.140  1.00 44.56      D000 C
ATOM   7236  N   GLY I 232     -46.494 -52.478  63.907  1.00 46.91      D000 N
```

```
ATOM   7237  CA  GLY I 232     -45.878 -51.180  64.126  1.00 47.37      D000 C
ATOM   7238  C   GLY I 232     -45.126 -51.024  65.460  1.00 47.60      D000 C
ATOM   7239  O   GLY I 232     -45.082 -51.911  66.317  1.00 49.36      D000 O
ATOM   7240  N   PHE I 233     -44.496 -49.860  65.599  1.00 41.36      D000 N
ATOM   7241  CA  PHE I 233     -43.718 -49.535  66.789  1.00 43.90      D000 C
ATOM   7242  C   PHE I 233     -44.583 -49.581  68.043  1.00 44.53      D000 C
ATOM   7243  O   PHE I 233     -45.750 -49.180  68.019  1.00 48.88      D000 O
ATOM   7244  CB  PHE I 233     -43.083 -48.144  66.644  1.00 46.48      D000 C
ATOM   7245  CG  PHE I 233     -42.286 -47.729  67.846  1.00 53.61      D000 C
ATOM   7246  CD1 PHE I 233     -40.995 -48.197  68.026  1.00 46.82      D000 C
ATOM   7247  CD2 PHE I 233     -42.838 -46.911  68.820  1.00 52.29      D000 C
ATOM   7248  CE1 PHE I 233     -40.276 -47.855  69.139  1.00 48.20      D000 C
ATOM   7249  CE2 PHE I 233     -42.114 -46.558  69.940  1.00 45.86      D000 C
ATOM   7250  CZ  PHE I 233     -40.831 -47.029  70.096  1.00 50.22      D000 C
ATOM   7251  N   LYS I 234     -44.011 -50.083  69.143  1.00 41.34      D000 N
ATOM   7252  CA  LYS I 234     -44.704 -50.159  70.428  1.00 44.31      D000 C
ATOM   7253  C   LYS I 234     -43.739 -49.876  71.575  1.00 45.74      D000 C
ATOM   7254  O   LYS I 234     -42.561 -50.223  71.499  1.00 52.26      D000 O
ATOM   7255  CB  LYS I 234     -45.349 -51.532  70.647  1.00 50.12      D000 C
ATOM   7256  CG  LYS I 234     -46.423 -51.935  69.649  1.00 46.91      D000 C
ATOM   7257  CD  LYS I 234     -46.920 -53.333  69.980  1.00 41.34      D000 C
ATOM   7258  CE  LYS I 234     -47.495 -53.986  68.756  1.00 52.95      D000 C
ATOM   7259  NZ  LYS I 234     -46.449 -54.101  67.706  1.00 54.61      D000 N1+
ATOM   7260  N   ASN I 235     -44.239 -49.255  72.646  1.00 46.61      D000 N
ATOM   7261  CA  ASN I 235     -43.386 -48.905  73.785  1.00 40.27      D000 C
ATOM   7262  C   ASN I 235     -44.180 -48.890  75.098  1.00 44.39      D000 C
ATOM   7263  O   ASN I 235     -44.138 -47.925  75.865  1.00 45.23      D000 O
ATOM   7264  CB  ASN I 235     -42.691 -47.564  73.545  1.00 38.53      D000 C
ATOM   7265  CG  ASN I 235     -41.620 -47.270  74.577  1.00 40.11      D000 C
ATOM   7266  OD1 ASN I 235     -40.990 -48.178  75.105  1.00 44.27      D000 O
ATOM   7267  ND2 ASN I 235     -41.420 -46.000  74.879  1.00 41.29      D000 N
ATOM   7268  N   TRP I 236     -44.905 -49.971  75.387  1.00 43.99      D000 N
ATOM   7269  CA  TRP I 236     -45.720 -50.052  76.600  1.00 45.07      D000 C
ATOM   7270  C   TRP I 236     -44.866 -50.125  77.866  1.00 46.24      D000 C
ATOM   7271  O   TRP I 236     -43.739 -50.626  77.846  1.00 47.40      D000 O
ATOM   7272  CB  TRP I 236     -46.614 -51.289  76.550  1.00 44.75      D000 C
ATOM   7273  CG  TRP I 236     -47.647 -51.240  75.491  1.00 48.81      D000 C
ATOM   7274  CD1 TRP I 236     -47.616 -51.876  74.288  1.00 46.27      D000 C
ATOM   7275  CD2 TRP I 236     -48.878 -50.513  75.531  1.00 50.08      D000 C
ATOM   7276  NE1 TRP I 236     -48.749 -51.591  73.573  1.00 46.50      D000 N
ATOM   7277  CE2 TRP I 236     -49.543 -50.756  74.314  1.00 52.31      D000 C
ATOM   7278  CE3 TRP I 236     -49.482 -49.680  76.480  1.00 48.48      D000 C
ATOM   7279  CZ2 TRP I 236     -50.787 -50.195  74.018  1.00 53.44      D000 C
ATOM   7280  CZ3 TRP I 236     -50.708 -49.126  76.192  1.00 49.54      D000 C
ATOM   7281  CH2 TRP I 236     -51.354 -49.388  74.969  1.00 55.96      D000 C
ATOM   7282  N   ARG I 237     -45.410 -49.600  78.981  1.00 46.86      D000 N
ATOM   7283  CA  ARG I 237     -44.869 -49.924  80.304  1.00 52.81      D000 C
ATOM   7284  C   ARG I 237     -45.128 -51.400  80.593  1.00 57.44      D000 C
ATOM   7285  O   ARG I 237     -46.167 -51.926  80.193  1.00 65.84      D000 O
ATOM   7286  CB  ARG I 237     -45.507 -49.082  81.421  1.00 48.92      D000 C
ATOM   7287  CG  ARG I 237     -45.148 -47.579  81.479  1.00 52.62      D000 C
ATOM   7288  CD  ARG I 237     -43.916 -47.207  82.346  1.00 51.01      D000 C
ATOM   7289  NE  ARG I 237     -44.221 -47.118  83.786  1.00 55.72      D000 N
ATOM   7290  CZ  ARG I 237     -44.309 -45.995  84.513  1.00 52.55      D000 C
ATOM   7291  NH1 ARG I 237     -44.119 -44.796  83.979  1.00 44.43      D000 N1+
ATOM   7292  NH2 ARG I 237     -44.588 -46.073  85.808  1.00 64.23      D000 N
ATOM   7293  N   PRO I 238     -44.206 -52.094  81.259  1.00 64.01      D000 N
ATOM   7294  CA  PRO I 238     -44.450 -53.500  81.615  1.00 65.03      D000 C
ATOM   7295  C   PRO I 238     -45.771 -53.685  82.356  1.00 74.35      D000 C
ATOM   7296  O   PRO I 238     -46.138 -52.874  83.210  1.00 79.19      D000 O
ATOM   7297  CB  PRO I 238     -43.244 -53.846  82.493  1.00 66.34      D000 C
ATOM   7298  CG  PRO I 238     -42.143 -53.019  81.911  1.00 66.55      D000 C
ATOM   7299  CD  PRO I 238     -42.800 -51.710  81.488  1.00 66.32      D000 C
ATOM   7300  N   GLU I 239     -46.483 -54.772  82.011  1.00 76.56      D000 N
ATOM   7301  CA  GLU I 239     -47.850 -55.186  82.415  1.00 81.96      D000 C
ATOM   7302  C   GLU I 239     -48.960 -54.622  81.521  1.00 85.73      D000 C
ATOM   7303  O   GLU I 239     -50.134 -54.970  81.747  1.00 90.20      D000 O
ATOM   7304  CB  GLU I 239     -48.223 -54.802  83.865  1.00 84.76      D000 C
ATOM   7305  CG  GLU I 239     -48.026 -55.831  84.975  1.00 89.72      D000 C
ATOM   7306  CD  GLU I 239     -49.063 -55.648  86.104  1.00 97.46      D000 C
ATOM   7307  OE1 GLU I 239     -50.264 -55.495  85.787  1.00 95.00      D000 O
```

```
ATOM   7308  OE2 GLU I 239     -48.689 -55.645  87.301  1.00 99.60      D000 O1-
ATOM   7309  N   GLN I 240     -48.655 -53.809  80.513  1.00 78.77      D000 N
ATOM   7310  CA  GLN I 240     -49.716 -53.126  79.762  1.00 74.65      D000 C
ATOM   7311  C   GLN I 240     -49.744 -53.472  78.266  1.00 75.43      D000 C
ATOM   7312  O   GLN I 240     -48.690 -53.736  77.678  1.00 70.27      D000 O
ATOM   7313  CB  GLN I 240     -49.570 -51.610  79.956  1.00 69.99      D000 C
ATOM   7314  CG  GLN I 240     -49.627 -51.179  81.421  1.00 73.64      D000 C
ATOM   7315  CD  GLN I 240     -51.003 -51.423  82.047  1.00 79.48      D000 C
ATOM   7316  OE1 GLN I 240     -51.278 -52.503  82.587  1.00 78.83      D000 O
ATOM   7317  NE2 GLN I 240     -51.877 -50.413  81.968  1.00 68.96      D000 N
ATOM   7318  N   PRO I 241     -50.945 -53.443  77.634  1.00 74.07      D000 N
ATOM   7319  CA  PRO I 241     -52.250 -53.045  78.188  1.00 70.37      D000 C
ATOM   7320  C   PRO I 241     -52.840 -54.061  79.178  1.00 75.66      D000 C
ATOM   7321  O   PRO I 241     -53.904 -54.638  78.940  1.00 82.05      D000 O
ATOM   7322  CB  PRO I 241     -53.129 -52.936  76.941  1.00 70.97      D000 C
ATOM   7323  CG  PRO I 241     -52.543 -53.932  75.998  1.00 67.57      D000 C
ATOM   7324  CD  PRO I 241     -51.061 -53.841  76.215  1.00 64.21      D000 C
ATOM   7325  N   GLY I 252     -62.815 -49.790  79.716  1.00 70.62      D000 N
ATOM   7326  CA  GLY I 252     -62.424 -49.267  81.017  1.00 74.95      D000 C
ATOM   7327  C   GLY I 252     -61.035 -48.648  81.048  1.00 70.30      D000 C
ATOM   7328  O   GLY I 252     -60.698 -47.871  81.940  1.00 66.65      D000 O
ATOM   7329  N   GLU I 253     -60.214 -49.020  80.065  1.00 73.32      D000 N
ATOM   7330  CA  GLU I 253     -58.880 -48.472  79.814  1.00 64.01      D000 C
ATOM   7331  C   GLU I 253     -58.695 -48.525  78.298  1.00 60.63      D000 C
ATOM   7332  O   GLU I 253     -57.927 -49.303  77.737  1.00 61.66      D000 O
ATOM   7333  CB  GLU I 253     -57.775 -49.234  80.548  1.00 65.40      D000 C
ATOM   7334  CG  GLU I 253     -57.837 -49.139  82.057  1.00 69.16      D000 C
ATOM   7335  CD  GLU I 253     -57.007 -50.206  82.724  1.00 72.49      D000 C
ATOM   7336  OE1 GLU I 253     -55.760 -50.161  82.597  1.00 66.87      D000 O
ATOM   7337  OE2 GLU I 253     -57.610 -51.095  83.367  1.00 87.80      D000 O1-
ATOM   7338  N   ASP I 254     -59.422 -47.662  77.607  1.00 59.36      D000 N
ATOM   7339  CA  ASP I 254     -59.495 -47.720  76.163  1.00 59.89      D000 C
ATOM   7340  C   ASP I 254     -58.603 -46.688  75.471  1.00 54.78      D000 C
ATOM   7341  O   ASP I 254     -58.661 -46.575  74.247  1.00 56.31      D000 O
ATOM   7342  CB  ASP I 254     -60.957 -47.546  75.721  1.00 67.74      D000 C
ATOM   7343  CG  ASP I 254     -61.915 -48.563  76.378  1.00 69.29      D000 C
ATOM   7344  OD1 ASP I 254     -61.449 -49.599  76.909  1.00 61.14      D000 O
ATOM   7345  OD2 ASP I 254     -63.146 -48.308  76.361  1.00 69.38      D000 O1-
ATOM   7346  N   CYS I 255     -57.789 -45.925  76.210  1.00 47.78      D000 N
ATOM   7347  CA  CYS I 255     -56.967 -44.877  75.608  1.00 41.04      D000 C
ATOM   7348  C   CYS I 255     -55.530 -44.924  76.117  1.00 39.20      D000 C
ATOM   7349  O   CYS I 255     -55.295 -45.211  77.290  1.00 41.84      D000 O
ATOM   7350  CB  CYS I 255     -57.559 -43.510  75.866  1.00 41.88      D000 C
ATOM   7351  SG  CYS I 255     -59.123 -43.260  75.028  1.00 54.50      D000 S
ATOM   7352  N   ALA I 256     -54.577 -44.614  75.230  1.00 35.83      D000 N
ATOM   7353  CA  ALA I 256     -53.144 -44.757  75.487  1.00 36.99      D000 C
ATOM   7354  C   ALA I 256     -52.466 -43.414  75.756  1.00 31.83      D000 C
ATOM   7355  O   ALA I 256     -52.700 -42.427  75.047  1.00 30.75      D000 O
ATOM   7356  CB  ALA I 256     -52.445 -45.428  74.300  1.00 37.73      D000 C
ATOM   7357  N   HIS I 257     -51.584 -43.386  76.754  1.00 31.20      D000 N
ATOM   7358  CA  HIS I 257     -50.871 -42.153  77.060  1.00 31.95      D000 C
ATOM   7359  C   HIS I 257     -49.411 -42.453  77.347  1.00 31.16      D000 C
ATOM   7360  O   HIS I 257     -49.056 -43.554  77.782  1.00 30.03      D000 O
ATOM   7361  CB  HIS I 257     -51.523 -41.373  78.240  1.00 28.18      D000 C
ATOM   7362  CG  HIS I 257     -51.545 -42.119  79.546  1.00 35.85      D000 C
ATOM   7363  ND1 HIS I 257     -50.561 -41.985  80.501  1.00 32.60      D000 N
ATOM   7364  CD2 HIS I 257     -52.433 -43.010  80.051  1.00 37.79      D000 C
ATOM   7365  CE1 HIS I 257     -50.842 -42.756  81.535  1.00 33.70      D000 C
ATOM   7366  NE2 HIS I 257     -51.975 -43.385  81.290  1.00 38.87      D000 N
ATOM   7367  N   PHE I 258     -48.566 -41.458  77.069  1.00 32.31      D000 N
ATOM   7368  CA  PHE I 258     -47.195 -41.470  77.550  1.00 29.99      D000 C
ATOM   7369  C   PHE I 258     -47.186 -41.294  79.066  1.00 32.50      D000 C
ATOM   7370  O   PHE I 258     -48.064 -40.659  79.648  1.00 28.89      D000 O
ATOM   7371  CB  PHE I 258     -46.375 -40.346  76.926  1.00 31.38      D000 C
ATOM   7372  CG  PHE I 258     -46.400 -40.303  75.434  1.00 30.17      D000 C
ATOM   7373  CD1 PHE I 258     -45.501 -41.033  74.692  1.00 31.17      D000 C
ATOM   7374  CD2 PHE I 258     -47.305 -39.487  74.769  1.00 35.10      D000 C
ATOM   7375  CE1 PHE I 258     -45.522 -40.966  73.303  1.00 36.51      D000 C
ATOM   7376  CE2 PHE I 258     -47.330 -39.415  73.380  1.00 33.32      D000 C
ATOM   7377  CZ  PHE I 258     -46.440 -40.152  72.648  1.00 29.52      D000 C
ATOM   7378  N   THR I 259     -46.212 -41.900  79.709  1.00 33.00      D000 N
```

```
ATOM   7379  CA  THR I 259     -46.015 -41.713  81.132  1.00 34.18      D000 C
ATOM   7380  C   THR I 259     -44.809 -40.809  81.341  1.00 36.61      D000 C
ATOM   7381  O   THR I 259     -44.172 -40.339  80.389  1.00 38.23      D000 O
ATOM   7382  CB  THR I 259     -45.834 -43.049  81.856  1.00 36.60      D000 C
ATOM   7383  OG1 THR I 259     -44.598 -43.658  81.448  1.00 38.29      D000 O
ATOM   7384  CG2 THR I 259     -47.006 -43.966  81.583  1.00 32.69      D000 C
ATOM   7385  N   ASP I 260     -44.535 -40.524  82.610  1.00 36.88      D000 N
ATOM   7386  CA  ASP I 260     -43.424 -39.664  82.983  1.00 36.02      D000 C
ATOM   7387  C   ASP I 260     -42.065 -40.201  82.520  1.00 37.71      D000 C
ATOM   7388  O   ASP I 260     -41.091 -39.443  82.545  1.00 42.78      D000 O
ATOM   7389  CB  ASP I 260     -43.475 -39.440  84.501  1.00 38.98      D000 C
ATOM   7390  CG  ASP I 260     -43.369 -40.730  85.292  1.00 40.08      D000 C
ATOM   7391  OD1 ASP I 260     -43.567 -41.816  84.709  1.00 45.52      D000 O
ATOM   7392  OD2 ASP I 260     -43.171 -40.658  86.518  1.00 38.74      D000 O1-
ATOM   7393  N   ASP I 261     -41.964 -41.467  82.099  1.00 33.98      D000 N
ATOM   7394  CA  ASP I 261     -40.713 -42.008  81.579  1.00 35.49      D000 C
ATOM   7395  C   ASP I 261     -40.771 -42.320  80.090  1.00 41.58      D000 C
ATOM   7396  O   ASP I 261     -39.833 -42.910  79.550  1.00 41.61      D000 O
ATOM   7397  CB  ASP I 261     -40.289 -43.240  82.374  1.00 31.38      D000 C
ATOM   7398  CG  ASP I 261     -41.194 -44.433  82.150  1.00 44.50      D000 C
ATOM   7399  OD1 ASP I 261     -42.145 -44.348  81.338  1.00 49.19      D000 O
ATOM   7400  OD2 ASP I 261     -40.992 -45.454  82.843  1.00 43.56      D000 O1-
ATOM   7401  N   GLY I 262     -41.853 -41.954  79.414  1.00 43.44      D000 N
ATOM   7402  CA  GLY I 262     -41.983 -42.127  77.991  1.00 39.17      D000 C
ATOM   7403  C   GLY I 262     -42.711 -43.389  77.570  1.00 36.69      D000 C
ATOM   7404  O   GLY I 262     -43.387 -43.377  76.537  1.00 31.77      D000 O
ATOM   7405  N   ARG I 263     -42.625 -44.459  78.358  1.00 32.80      D000 N
ATOM   7406  CA  ARG I 263     -43.300 -45.692  77.987  1.00 40.54      D000 C
ATOM   7407  C   ARG I 263     -44.820 -45.549  78.138  1.00 42.34      D000 C
ATOM   7408  O   ARG I 263     -45.332 -44.731  78.905  1.00 38.87      D000 O
ATOM   7409  CB  ARG I 263     -42.773 -46.854  78.822  1.00 43.57      D000 C
ATOM   7410  CG  ARG I 263     -41.309 -47.117  78.559  1.00 42.00      D000 C
ATOM   7411  CD  ARG I 263     -40.789 -48.259  79.373  1.00 43.37      D000 C
ATOM   7412  NE  ARG I 263     -41.000 -48.089  80.802  1.00 47.00      D000 N
ATOM   7413  CZ  ARG I 263     -40.718 -49.024  81.706  1.00 54.61      D000 C
ATOM   7414  NH1 ARG I 263     -40.206 -50.187  81.325  1.00 56.14      D000 N1+
ATOM   7415  NH2 ARG I 263     -40.954 -48.806  82.995  1.00 57.34      D000 N
ATOM   7416  N   TRP I 264     -45.545 -46.362  77.390  1.00 41.85      D000 N
ATOM   7417  CA  TRP I 264     -46.964 -46.115  77.212  1.00 40.32      D000 C
ATOM   7418  C   TRP I 264     -47.801 -46.797  78.282  1.00 39.94      D000 C
ATOM   7419  O   TRP I 264     -47.377 -47.759  78.922  1.00 45.09      D000 O
ATOM   7420  CB  TRP I 264     -47.427 -46.610  75.851  1.00 41.81      D000 C
ATOM   7421  CG  TRP I 264     -46.709 -46.051  74.695  1.00 36.80      D000 C
ATOM   7422  CD1 TRP I 264     -45.834 -45.016  74.688  1.00 37.17      D000 C
ATOM   7423  CD2 TRP I 264     -46.807 -46.512  73.349  1.00 41.41      D000 C
ATOM   7424  NE1 TRP I 264     -45.377 -44.795  73.417  1.00 37.55      D000 N
ATOM   7425  CE2 TRP I 264     -45.957 -45.707  72.574  1.00 42.77      D000 C
ATOM   7426  CE3 TRP I 264     -47.530 -47.534  72.724  1.00 37.74      D000 C
ATOM   7427  CZ2 TRP I 264     -45.810 -45.888  71.205  1.00 40.50      D000 C
ATOM   7428  CZ3 TRP I 264     -47.378 -47.716  71.383  1.00 38.97      D000 C
ATOM   7429  CH2 TRP I 264     -46.536 -46.894  70.631  1.00 44.66      D000 C
ATOM   7430  N   ASN I 265     -49.029 -46.309  78.432  1.00 37.04      D000 N
ATOM   7431  CA  ASN I 265     -49.963 -46.923  79.356  1.00 37.46      D000 C
ATOM   7432  C   ASN I 265     -51.387 -46.554  78.963  1.00 37.95      D000 C
ATOM   7433  O   ASN I 265     -51.631 -45.512  78.353  1.00 36.28      D000 O
ATOM   7434  CB  ASN I 265     -49.655 -46.518  80.791  1.00 40.53      D000 C
ATOM   7435  CG  ASN I 265     -50.611 -47.123  81.765  1.00 49.10      D000 C
ATOM   7436  OD1 ASN I 265     -50.635 -48.337  81.939  1.00 51.66      D000 O
ATOM   7437  ND2 ASN I 265     -51.389 -46.281  82.440  1.00 49.67      D000 N
ATOM   7438  N   ASP I 266     -52.314 -47.446  79.291  1.00 45.60      D000 N
ATOM   7439  CA  ASP I 266     -53.738 -47.257  79.058  1.00 45.74      D000 C
ATOM   7440  C   ASP I 266     -54.403 -46.761  80.331  1.00 47.12      D000 C
ATOM   7441  O   ASP I 266     -54.070 -47.212  81.429  1.00 52.08      D000 O
ATOM   7442  CB  ASP I 266     -54.413 -48.561  78.615  1.00 52.43      D000 C
ATOM   7443  CG  ASP I 266     -54.095 -49.732  79.538  1.00 60.22      D000 C
ATOM   7444  OD1 ASP I 266     -52.905 -49.973  79.827  1.00 64.14      D000 O
ATOM   7445  OD2 ASP I 266     -55.035 -50.421  79.977  1.00 67.69      D000 O1-
ATOM   7446  N   ASP I 267     -55.347 -45.838  80.176  1.00 44.83      D000 N
ATOM   7447  CA  ASP I 267     -56.072 -45.253  81.295  1.00 49.89      D000 C
ATOM   7448  C   ASP I 267     -57.475 -44.917  80.805  1.00 46.26      D000 C
ATOM   7449  O   ASP I 267     -57.782 -45.069  79.623  1.00 47.12      D000 O
```

```
ATOM   7450  CB  ASP I 267     -55.339 -44.020  81.860  1.00 46.24      D000 C
ATOM   7451  CG  ASP I 267     -55.846 -43.631  83.228  1.00 48.24      D000 C
ATOM   7452  OD1 ASP I 267     -56.671 -44.391  83.773  1.00 56.95      D000 O
ATOM   7453  OD2 ASP I 267     -55.448 -42.573  83.754  1.00 49.05      D000 O1-
ATOM   7454  N   VAL I 268     -58.347 -44.502  81.727  1.00 41.94      D000 N
ATOM   7455  CA  VAL I 268     -59.707 -44.168  81.328  1.00 44.09      D000 C
ATOM   7456  C   VAL I 268     -59.676 -42.946  80.419  1.00 44.94      D000 C
ATOM   7457  O   VAL I 268     -58.896 -42.007  80.629  1.00 44.57      D000 O
ATOM   7458  CB  VAL I 268     -60.606 -43.939  82.554  1.00 40.01      D000 C
ATOM   7459  CG1 VAL I 268     -60.463 -45.079  83.506  1.00 42.61      D000 C
ATOM   7460  CG2 VAL I 268     -60.274 -42.634  83.242  1.00 40.82      D000 C
ATOM   7461  N   CYS I 269     -60.506 -42.962  79.379  1.00 38.74      D000 N
ATOM   7462  CA  CYS I 269     -60.422 -41.901  78.385  1.00 41.24      D000 C
ATOM   7463  C   CYS I 269     -60.908 -40.569  78.913  1.00 35.89      D000 C
ATOM   7464  O   CYS I 269     -60.800 -39.554  78.219  1.00 40.53      D000 O
ATOM   7465  CB  CYS I 269     -61.204 -42.298  77.127  1.00 43.34      D000 C
ATOM   7466  SG  CYS I 269     -60.582 -43.835  76.370  1.00 57.52      D000 S
ATOM   7467  N   GLN I 270     -61.422 -40.534  80.127  1.00 37.09      D000 N
ATOM   7468  CA  GLN I 270     -61.959 -39.299  80.666  1.00 35.74      D000 C
ATOM   7469  C   GLN I 270     -60.892 -38.406  81.284  1.00 33.91      D000 C
ATOM   7470  O   GLN I 270     -61.156 -37.213  81.465  1.00 36.79      D000 O
ATOM   7471  CB  GLN I 270     -63.029 -39.618  81.709  1.00 43.76      D000 C
ATOM   7472  CG  GLN I 270     -64.394 -39.929  81.095  1.00 52.98      D000 C
ATOM   7473  CD  GLN I 270     -64.451 -41.352  80.534  1.00 53.45      D000 C
ATOM   7474  OE1 GLN I 270     -63.849 -42.272  81.106  1.00 52.07      D000 O
ATOM   7475  NE2 GLN I 270     -65.156 -41.535  79.407  1.00 46.18      D000 N
ATOM   7476  N   ARG I 271     -59.698 -38.940  81.589  1.00 33.55      D000 N
ATOM   7477  CA  ARG I 271     -58.656 -38.139  82.228  1.00 34.17      D000 C
ATOM   7478  C   ARG I 271     -58.333 -36.927  81.364  1.00 35.86      D000 C
ATOM   7479  O   ARG I 271     -58.224 -37.058  80.136  1.00 34.42      D000 O
ATOM   7480  CB  ARG I 271     -57.380 -38.947  82.464  1.00 36.48      D000 C
ATOM   7481  CG  ARG I 271     -57.518 -40.084  83.447  1.00 39.60      D000 C
ATOM   7482  CD  ARG I 271     -57.065 -39.699  84.838  1.00 45.14      D000 C
ATOM   7483  NE  ARG I 271     -57.534 -40.662  85.844  1.00 59.73      D000 N
ATOM   7484  CZ  ARG I 271     -58.422 -40.401  86.810  1.00 58.63      D000 C
ATOM   7485  NH1 ARG I 271     -58.962 -39.185  86.947  1.00 54.22      D000 N1+
ATOM   7486  NH2 ARG I 271     -58.758 -41.360  87.660  1.00 55.45      D000 N
ATOM   7487  N   PRO I 272     -58.230 -35.749  81.936  1.00 32.00      D000 N
ATOM   7488  CA  PRO I 272     -57.855 -34.553  81.148  1.00 29.00      D000 C
ATOM   7489  C   PRO I 272     -56.342 -34.344  81.068  1.00 32.23      D000 C
ATOM   7490  O   PRO I 272     -55.758 -33.416  81.633  1.00 31.22      D000 O
ATOM   7491  CB  PRO I 272     -58.583 -33.433  81.892  1.00 26.05      D000 C
ATOM   7492  CG  PRO I 272     -58.775 -33.959  83.324  1.00 28.86      D000 C
ATOM   7493  CD  PRO I 272     -58.499 -35.435  83.347  1.00 27.78      D000 C
ATOM   7494  N   TYR I 273     -55.680 -35.225  80.325  1.00 32.52      D000 N
ATOM   7495  CA  TYR I 273     -54.251 -35.145  80.086  1.00 29.17      D000 C
ATOM   7496  C   TYR I 273     -53.931 -34.170  78.946  1.00 28.33      D000 C
ATOM   7497  O   TYR I 273     -54.790 -33.766  78.166  1.00 26.77      D000 O
ATOM   7498  CB  TYR I 273     -53.689 -36.524  79.748  1.00 26.56      D000 C
ATOM   7499  CG  TYR I 273     -53.687 -37.527  80.867  1.00 26.99      D000 C
ATOM   7500  CD1 TYR I 273     -53.588 -37.129  82.194  1.00 29.63      D000 C
ATOM   7501  CD2 TYR I 273     -53.757 -38.883  80.594  1.00 28.80      D000 C
ATOM   7502  CE1 TYR I 273     -53.582 -38.057  83.212  1.00 28.90      D000 C
ATOM   7503  CE2 TYR I 273     -53.737 -39.825  81.609  1.00 32.53      D000 C
ATOM   7504  CZ  TYR I 273     -53.656 -39.404  82.911  1.00 29.59      D000 C
ATOM   7505  OH  TYR I 273     -53.634 -40.338  83.910  1.00 29.82      D000 O
ATOM   7506  N   ARG I 274     -52.672 -33.768  78.882  1.00 28.32      D000 N
ATOM   7507  CA  ARG I 274     -52.212 -33.033  77.729  1.00 27.19      D000 C
ATOM   7508  C   ARG I 274     -52.169 -33.971  76.536  1.00 26.48      D000 C
ATOM   7509  O   ARG I 274     -52.280 -35.187  76.673  1.00 28.05      D000 O
ATOM   7510  CB  ARG I 274     -50.857 -32.403  78.011  1.00 24.95      D000 C
ATOM   7511  CG  ARG I 274     -50.926 -31.334  79.066  1.00 25.95      D000 C
ATOM   7512  CD  ARG I 274     -49.541 -30.802  79.382  1.00 28.18      D000 C
ATOM   7513  NE  ARG I 274     -49.548 -29.767  80.411  1.00 27.97      D000 N
ATOM   7514  CZ  ARG I 274     -48.464 -29.347  81.063  1.00 29.49      D000 C
ATOM   7515  NH1 ARG I 274     -47.274 -29.877  80.802  1.00 24.44      D000 N1+
ATOM   7516  NH2 ARG I 274     -48.567 -28.400  81.992  1.00 28.37      D000 N
ATOM   7517  N   TRP I 275     -52.038 -33.395  75.344  1.00 27.91      D000 N
ATOM   7518  CA  TRP I 275     -52.039 -34.203  74.138  1.00 28.85      D000 C
ATOM   7519  C   TRP I 275     -51.106 -33.568  73.105  1.00 30.78      D000 C
ATOM   7520  O   TRP I 275     -50.671 -32.410  73.241  1.00 27.47      D000 O
```

```
ATOM   7521  CB  TRP I 275     -53.473 -34.368  73.600  1.00 23.59      D000 C
ATOM   7522  CG  TRP I 275     -54.009 -33.123  72.979  1.00 26.26      D000 C
ATOM   7523  CD1 TRP I 275     -53.991 -32.808  71.648  1.00 26.24      D000 C
ATOM   7524  CD2 TRP I 275     -54.629 -32.005  73.643  1.00 27.84      D000 C
ATOM   7525  NE1 TRP I 275     -54.549 -31.571  71.442  1.00 27.63      D000 N
ATOM   7526  CE2 TRP I 275     -54.959 -31.059  72.646  1.00 29.00      D000 C
ATOM   7527  CE3 TRP I 275     -54.949 -31.718  74.971  1.00 27.22      D000 C
ATOM   7528  CZ2 TRP I 275     -55.589 -29.850  72.941  1.00 23.11      D000 C
ATOM   7529  CZ3 TRP I 275     -55.572 -30.511  75.258  1.00 26.94      D000 C
ATOM   7530  CH2 TRP I 275     -55.876 -29.595  74.248  1.00 27.13      D000 C
ATOM   7531  N   VAL I 276     -50.827 -34.338  72.051  1.00 26.77      D000 N
ATOM   7532  CA  VAL I 276     -49.950 -33.930  70.959  1.00 29.58      D000 C
ATOM   7533  C   VAL I 276     -50.723 -34.063  69.650  1.00 29.99      D000 C
ATOM   7534  O   VAL I 276     -51.233 -35.146  69.335  1.00 32.34      D000 O
ATOM   7535  CB  VAL I 276     -48.666 -34.790  70.916  1.00 34.01      D000 C
ATOM   7536  CG1 VAL I 276     -47.726 -34.358  69.768  1.00 25.34      D000 C
ATOM   7537  CG2 VAL I 276     -47.957 -34.821  72.259  1.00 22.27      D000 C
ATOM   7538  N   CYS I 277     -50.815 -32.973  68.892  1.00 30.05      D000 N
ATOM   7539  CA  CYS I 277     -51.289 -33.032  67.507  1.00 36.56      D000 C
ATOM   7540  C   CYS I 277     -50.113 -33.216  66.544  1.00 39.90      D000 C
ATOM   7541  O   CYS I 277     -49.037 -32.638  66.739  1.00 34.93      D000 O
ATOM   7542  CB  CYS I 277     -52.054 -31.764  67.111  1.00 33.98      D000 C
ATOM   7543  SG  CYS I 277     -53.711 -31.466  67.812  1.00 42.15      D000 S
ATOM   7544  N   GLU I 278     -50.336 -34.004  65.486  1.00 37.84      D000 N
ATOM   7545  CA  GLU I 278     -49.361 -34.207  64.419  1.00 38.01      D000 C
ATOM   7546  C   GLU I 278     -49.980 -33.930  63.054  1.00 40.54      D000 C
ATOM   7547  O   GLU I 278     -51.105 -34.354  62.766  1.00 41.44      D000 O
ATOM   7548  CB  GLU I 278     -48.801 -35.646  64.430  1.00 36.62      D000 C
ATOM   7549  CG  GLU I 278     -47.685 -35.926  63.414  1.00 36.43      D000 C
ATOM   7550  CD  GLU I 278     -47.249 -37.379  63.472  1.00 44.33      D000 C
ATOM   7551  OE1 GLU I 278     -47.852 -38.105  64.290  1.00 43.28      D000 O
ATOM   7552  OE2 GLU I 278     -46.341 -37.806  62.708  1.00 44.12      D000 O1-
ATOM   7553  N   THR I 279     -49.215 -33.280  62.187  1.00 40.86      D000 N
ATOM   7554  CA  THR I 279     -49.596 -33.153  60.789  1.00 45.51      D000 C
ATOM   7555  C   THR I 279     -48.349 -33.290  59.921  1.00 50.70      D000 C
ATOM   7556  O   THR I 279     -47.274 -32.791  60.269  1.00 52.15      D000 O
ATOM   7557  CB  THR I 279     -50.344 -31.830  60.515  1.00 40.68      D000 C
ATOM   7558  OG1 THR I 279     -50.995 -31.916  59.247  1.00 46.37      D000 O
ATOM   7559  CG2 THR I 279     -49.413 -30.622  60.530  1.00 40.76      D000 C
ATOM   7560  N   GLU I 280     -48.502 -33.993  58.801  1.00 51.69      D000 N
ATOM   7561  CA  GLU I 280     -47.419 -34.287  57.872  1.00 49.36      D000 C
ATOM   7562  C   GLU I 280     -47.271 -33.158  56.860  1.00 56.06      D000 C
ATOM   7563  O   GLU I 280     -48.253 -32.530  56.466  1.00 60.37      D000 O
ATOM   7564  CB  GLU I 280     -47.687 -35.615  57.154  1.00 46.67      D000 C
ATOM   7565  CG  GLU I 280     -47.603 -36.893  58.036  1.00 52.72      D000 C
ATOM   7566  CD  GLU I 280     -48.756 -37.083  59.067  1.00 61.50      D000 C
ATOM   7567  OE1 GLU I 280     -49.701 -36.259  59.124  1.00 55.57      D000 O
ATOM   7568  OE2 GLU I 280     -48.724 -38.095  59.816  1.00 65.48      D000 O1-
ATOM   7569  N   LEU I 281     -46.024 -32.894  56.450  1.00 68.28      D000 N
ATOM   7570  CA  LEU I 281     -45.668 -31.688  55.705  1.00 66.92      D000 C
ATOM   7571  C   LEU I 281     -45.742 -31.880  54.192  1.00 77.57      D000 C
ATOM   7572  O   LEU I 281     -45.234 -31.029  53.454  1.00 82.51      D000 O
ATOM   7573  CB  LEU I 281     -44.264 -31.217  56.095  1.00 62.30      D000 C
ATOM   7574  CG  LEU I 281     -44.155 -29.845  56.772  1.00 72.01      D000 C
ATOM   7575  CD1 LEU I 281     -42.720 -29.512  57.120  1.00 70.45      D000 C
ATOM   7576  CD2 LEU I 281     -44.746 -28.748  55.893  1.00 76.75      D000 C
ATOM   7577  N   ASP I 282     -46.399 -32.958  53.737  1.00 85.50      D000 N
ATOM   7578  CA  ASP I 282     -46.623 -33.356  52.326  1.00 86.01      D000 C
ATOM   7579  C   ASP I 282     -45.384 -34.002  51.715  1.00 79.75      D000 C
ATOM   7580  O   ASP I 282     -45.258 -35.228  51.711  1.00 78.04      D000 O
ATOM   7581  CB  ASP I 282     -47.092 -32.180  51.440  1.00 96.47      D000 C
ATOM   7582  CG  ASP I 282     -48.461 -31.617  51.857  1.00 96.65      D000 C
ATOM   7583  OD1 ASP I 282     -48.811 -31.701  53.055  1.00 90.88      D000 O
ATOM   7584  OD2 ASP I 282     -49.190 -31.087  50.977  1.00 93.64      D000 O1-
TER
ATOM   7585  N   THR P 152     -18.008 -35.866  53.223  1.00 83.74      D000 N
ATOM   7586  CA  THR P 152     -19.403 -36.301  53.203  1.00 93.67      D000 C
ATOM   7587  C   THR P 152     -19.882 -36.656  54.610  1.00 97.43      D000 C
ATOM   7588  O   THR P 152     -21.055 -36.465  54.949  1.00 99.74      D000 O
ATOM   7589  CB  THR P 152     -19.616 -37.526  52.274  1.00 95.00      D000 C
ATOM   7590  OG1 THR P 152     -18.515 -38.434  52.412  1.00 96.24      D000 O
```

```
ATOM   7591  CG2 THR P 152     -19.745 -37.100  50.820  1.00 89.07      D000 C
ATOM   7592  N   CYS P 153     -18.962 -37.176  55.422  1.00 93.53      D000 N
ATOM   7593  CA  CYS P 153     -19.248 -37.564  56.798  1.00 86.06      D000 C
ATOM   7594  C   CYS P 153     -18.009 -37.320  57.642  1.00 73.09      D000 C
ATOM   7595  O   CYS P 153     -16.902 -37.129  57.131  1.00 68.83      D000 O
ATOM   7596  CB  CYS P 153     -19.718 -39.025  56.941  1.00 85.43      D000 C
ATOM   7597  SG  CYS P 153     -21.535 -39.281  56.843  1.00 98.27      D000 S
ATOM   7598  N   CYS P 154     -18.209 -37.292  58.847  1.00 71.85      D000 N
ATOM   7599  CA  CYS P 154     -17.147 -37.059  59.803  1.00 58.19      D000 C
ATOM   7600  C   CYS P 154     -16.521 -38.377  60.251  1.00 53.75      D000 C
ATOM   7601  O   CYS P 154     -17.198 -39.409  60.291  1.00 57.74      D000 O
ATOM   7602  CB  CYS P 154     -17.697 -36.308  61.010  1.00 51.76      D000 C
ATOM   7603  SG  CYS P 154     -18.273 -34.615  60.600  1.00 60.05      D000 S
ATOM   7604  N   PRO P 155     -15.231 -38.360  60.584  1.00 46.56      D000 N
ATOM   7605  CA  PRO P 155     -14.547 -39.591  61.004  1.00 44.27      D000 C
ATOM   7606  C   PRO P 155     -15.153 -40.210  62.258  1.00 48.95      D000 C
ATOM   7607  O   PRO P 155     -15.934 -39.588  62.987  1.00 49.26      D000 O
ATOM   7608  CB  PRO P 155     -13.109 -39.126  61.268  1.00 42.58      D000 C
ATOM   7609  CG  PRO P 155     -12.971 -37.842  60.535  1.00 40.45      D000 C
ATOM   7610  CD  PRO P 155     -14.317 -37.209  60.522  1.00 44.50      D000 C
ATOM   7611  N   VAL P 156     -14.786 -41.475  62.492  1.00 50.73      D000 N
ATOM   7612  CA  VAL P 156     -15.268 -42.191  63.670  1.00 48.55      D000 C
ATOM   7613  C   VAL P 156     -14.926 -41.390  64.914  1.00 49.57      D000 C
ATOM   7614  O   VAL P 156     -13.791 -40.923  65.071  1.00 49.11      D000 O
ATOM   7615  CB  VAL P 156     -14.658 -43.599  63.733  1.00 49.04      D000 C
ATOM   7616  CG1 VAL P 156     -15.733 -44.639  63.993  1.00 37.71      D000 C
ATOM   7617  CG2 VAL P 156     -13.879 -43.914  62.449  1.00 56.31      D000 C
ATOM   7618  N   ASN P 157     -15.919 -41.205  65.791  1.00 49.29      D000 N
ATOM   7619  CA  ASN P 157     -15.831 -40.490  67.074  1.00 45.69      D000 C
ATOM   7620  C   ASN P 157     -15.791 -38.976  66.917  1.00 42.84      D000 C
ATOM   7621  O   ASN P 157     -15.571 -38.265  67.913  1.00 42.59      D000 O
ATOM   7622  CB  ASN P 157     -14.592 -40.896  67.878  1.00 46.95      D000 C
ATOM   7623  CG  ASN P 157     -14.548 -42.372  68.177  1.00 48.62      D000 C
ATOM   7624  OD1 ASN P 157     -15.544 -42.976  68.582  1.00 51.67      D000 O
ATOM   7625  ND2 ASN P 157     -13.396 -42.973  67.937  1.00 38.36      D000 N
ATOM   7626  N   TRP P 158     -16.009 -38.453  65.719  1.00 42.42      D000 N
ATOM   7627  CA  TRP P 158     -16.226 -37.030  65.523  1.00 41.39      D000 C
ATOM   7628  C   TRP P 158     -17.714 -36.789  65.274  1.00 42.54      D000 C
ATOM   7629  O   TRP P 158     -18.454 -37.697  64.895  1.00 47.35      D000 O
ATOM   7630  CB  TRP P 158     -15.395 -36.490  64.348  1.00 38.79      D000 C
ATOM   7631  CG  TRP P 158     -13.877 -36.545  64.488  1.00 37.39      D000 C
ATOM   7632  CD1 TRP P 158     -13.107 -37.655  64.704  1.00 39.44      D000 C
ATOM   7633  CD2 TRP P 158     -12.955 -35.444  64.366  1.00 35.99      D000 C
ATOM   7634  NE1 TRP P 158     -11.763 -37.316  64.728  1.00 31.69      D000 N
ATOM   7635  CE2 TRP P 158     -11.644 -35.969  64.524  1.00 34.45      D000 C
ATOM   7636  CE3 TRP P 158     -13.107 -34.070  64.140  1.00 35.66      D000 C
ATOM   7637  CZ2 TRP P 158     -10.501 -35.165  64.471  1.00 30.75      D000 C
ATOM   7638  CZ3 TRP P 158     -11.970 -33.273  64.083  1.00 35.96      D000 C
ATOM   7639  CH2 TRP P 158     -10.681 -33.827  64.247  1.00 31.46      D000 C
ATOM   7640  N   VAL P 159     -18.149 -35.554  65.509  1.00 37.16      D000 N
ATOM   7641  CA  VAL P 159     -19.556 -35.188  65.499  1.00 34.88      D000 C
ATOM   7642  C   VAL P 159     -19.788 -34.115  64.443  1.00 38.07      D000 C
ATOM   7643  O   VAL P 159     -19.116 -33.083  64.447  1.00 39.78      D000 O
ATOM   7644  CB  VAL P 159     -19.996 -34.693  66.885  1.00 37.29      D000 C
ATOM   7645  CG1 VAL P 159     -21.462 -34.286  66.872  1.00 33.76      D000 C
ATOM   7646  CG2 VAL P 159     -19.717 -35.762  67.920  1.00 35.15      D000 C
ATOM   7647  N   GLU P 160     -20.747 -34.346  63.548  1.00 44.59      D000 N
ATOM   7648  CA  GLU P 160     -21.060 -33.351  62.529  1.00 41.41      D000 C
ATOM   7649  C   GLU P 160     -22.016 -32.294  63.071  1.00 42.80      D000 C
ATOM   7650  O   GLU P 160     -22.890 -32.577  63.894  1.00 40.17      D000 O
ATOM   7651  CB  GLU P 160     -21.661 -34.005  61.284  1.00 46.52      D000 C
ATOM   7652  CG  GLU P 160     -21.512 -33.122  60.047  1.00 56.68      D000 C
ATOM   7653  CD  GLU P 160     -22.207 -33.644  58.800  1.00 66.43      D000 C
ATOM   7654  OE1 GLU P 160     -22.148 -34.876  58.533  1.00 67.75      D000 O
ATOM   7655  OE2 GLU P 160     -22.785 -32.796  58.074  1.00 67.82      D000 O1-
ATOM   7656  N   HIS P 161     -21.824 -31.060  62.622  1.00 42.59      D000 N
ATOM   7657  CA  HIS P 161     -22.738 -29.980  62.952  1.00 40.24      D000 C
ATOM   7658  C   HIS P 161     -22.456 -28.824  62.011  1.00 43.60      D000 C
ATOM   7659  O   HIS P 161     -21.382 -28.220  62.096  1.00 45.56      D000 O
ATOM   7660  CB  HIS P 161     -22.588 -29.557  64.413  1.00 35.89      D000 C
ATOM   7661  CG  HIS P 161     -23.438 -28.383  64.790  1.00 44.75      D000 C
```

```
ATOM   7662  ND1 HIS P 161     -24.736 -28.521  65.238  1.00 41.80      D000 N
ATOM   7663  CD2 HIS P 161     -23.178 -27.050  64.788  1.00 44.31      D000 C
ATOM   7664  CE1 HIS P 161     -25.239 -27.324  65.496  1.00 44.21      D000 C
ATOM   7665  NE2 HIS P 161     -24.315 -26.415  65.231  1.00 47.45      D000 N
ATOM   7666  N   GLU P 162     -23.391 -28.535  61.098  1.00 46.24      D000 N
ATOM   7667  CA  GLU P 162     -23.294 -27.382  60.201  1.00 47.89      D000 C
ATOM   7668  C   GLU P 162     -22.059 -27.512  59.301  1.00 50.82      D000 C
ATOM   7669  O   GLU P 162     -21.272 -26.573  59.127  1.00 44.74      D000 O
ATOM   7670  CB  GLU P 162     -23.249 -26.082  61.009  1.00 53.01      D000 C
ATOM   7671  CG  GLU P 162     -24.485 -25.787  61.849  1.00 58.08      D000 C
ATOM   7672  CD  GLU P 162     -25.529 -24.958  61.127  1.00 70.25      D000 C
ATOM   7673  OE1 GLU P 162     -25.288 -23.740  60.921  1.00 71.49      D000 O
ATOM   7674  OE2 GLU P 162     -26.575 -25.529  60.746  1.00 76.35      D000 O1-
ATOM   7675  N   ARG P 163     -21.884 -28.714  58.744  1.00 48.09      D000 N
ATOM   7676  CA  ARG P 163     -20.780 -29.023  57.836  1.00 57.37      D000 C
ATOM   7677  C   ARG P 163     -19.428 -28.733  58.490  1.00 57.98      D000 C
ATOM   7678  O   ARG P 163     -18.464 -28.324  57.834  1.00 57.75      D000 O
ATOM   7679  CB  ARG P 163     -20.918 -28.307  56.486  1.00 60.45      D000 C
ATOM   7680  CG  ARG P 163     -22.191 -28.694  55.747  1.00 58.49      D000 C
ATOM   7681  CD  ARG P 163     -22.201 -28.270  54.296  1.00 71.93      D000 C
ATOM   7682  NE  ARG P 163     -21.240 -29.050  53.518  1.00 71.00      D000 N
ATOM   7683  CZ  ARG P 163     -20.116 -28.576  52.983  1.00 75.19      D000 C
ATOM   7684  NH1 ARG P 163     -19.331 -29.398  52.298  1.00 77.55      D000 N1+
ATOM   7685  NH2 ARG P 163     -19.773 -27.296  53.117  1.00 67.90      D000 N
ATOM   7686  N   SER P 164     -19.350 -28.961  59.794  1.00 55.73      D000 N
ATOM   7687  CA  SER P 164     -18.096 -28.955  60.520  1.00 45.84      D000 C
ATOM   7688  C   SER P 164     -18.058 -30.235  61.329  1.00 47.92      D000 C
ATOM   7689  O   SER P 164     -19.103 -30.761  61.727  1.00 45.64      D000 O
ATOM   7690  CB  SER P 164     -17.950 -27.732  61.415  1.00 45.00      D000 C
ATOM   7691  OG  SER P 164     -17.414 -26.645  60.673  1.00 53.08      D000 O
ATOM   7692  N   CYS P 165     -16.854 -30.786  61.464  1.00 44.78      D000 N
ATOM   7693  CA  CYS P 165     -16.607 -31.976  62.262  1.00 41.69      D000 C
ATOM   7694  C   CYS P 165     -15.855 -31.593  63.523  1.00 41.12      D000 C
ATOM   7695  O   CYS P 165     -14.843 -30.886  63.464  1.00 42.93      D000 O
ATOM   7696  CB  CYS P 165     -15.813 -33.009  61.472  1.00 49.43      D000 C
ATOM   7697  SG  CYS P 165     -16.607 -33.584  59.964  1.00 54.63      D000 S
ATOM   7698  N   TYR P 166     -16.342 -32.073  64.651  1.00 38.95      D000 N
ATOM   7699  CA  TYR P 166     -15.815 -31.709  65.949  1.00 35.52      D000 C
ATOM   7700  C   TYR P 166     -15.385 -32.965  66.674  1.00 36.03      D000 C
ATOM   7701  O   TYR P 166     -16.004 -34.021  66.524  1.00 35.78      D000 O
ATOM   7702  CB  TYR P 166     -16.857 -30.955  66.776  1.00 34.96      D000 C
ATOM   7703  CG  TYR P 166     -17.320 -29.668  66.153  1.00 36.68      D000 C
ATOM   7704  CD1 TYR P 166     -18.334 -29.650  65.195  1.00 32.91      D000 C
ATOM   7705  CD2 TYR P 166     -16.732 -28.461  66.513  1.00 33.68      D000 C
ATOM   7706  CE1 TYR P 166     -18.753 -28.447  64.630  1.00 36.09      D000 C
ATOM   7707  CE2 TYR P 166     -17.141 -27.259  65.953  1.00 30.23      D000 C
ATOM   7708  CZ  TYR P 166     -18.149 -27.251  65.019  1.00 35.59      D000 C
ATOM   7709  OH  TYR P 166     -18.541 -26.044  64.482  1.00 35.19      D000 O
ATOM   7710  N   TRP P 167     -14.307 -32.851  67.435  1.00 34.48      D000 N
ATOM   7711  CA  TRP P 167     -13.853 -33.934  68.284  1.00 32.86      D000 C
ATOM   7712  C   TRP P 167     -13.586 -33.377  69.678  1.00 34.10      D000 C
ATOM   7713  O   TRP P 167     -12.924 -32.339  69.820  1.00 34.23      D000 O
ATOM   7714  CB  TRP P 167     -12.613 -34.593  67.695  1.00 31.80      D000 C
ATOM   7715  CG  TRP P 167     -12.104 -35.731  68.511  1.00 33.09      D000 C
ATOM   7716  CD1 TRP P 167     -12.489 -37.025  68.430  1.00 33.37      D000 C
ATOM   7717  CD2 TRP P 167     -11.128 -35.664  69.554  1.00 28.44      D000 C
ATOM   7718  NE1 TRP P 167     -11.793 -37.780  69.336  1.00 29.92      D000 N
ATOM   7719  CE2 TRP P 167     -10.948 -36.966  70.036  1.00 29.30      D000 C
ATOM   7720  CE3 TRP P 167     -10.351 -34.629  70.091  1.00 31.68      D000 C
ATOM   7721  CZ2 TRP P 167     -10.034 -37.270  71.048  1.00 34.20      D000 C
ATOM   7722  CZ3 TRP P 167      -9.442 -34.929  71.100  1.00 32.44      D000 C
ATOM   7723  CH2 TRP P 167      -9.294 -36.236  71.570  1.00 30.38      D000 C
ATOM   7724  N   PHE P 168     -14.102 -34.066  70.699  1.00 30.71      D000 N
ATOM   7725  CA  PHE P 168     -14.055 -33.612  72.088  1.00 32.96      D000 C
ATOM   7726  C   PHE P 168     -13.115 -34.503  72.884  1.00 29.97      D000 C
ATOM   7727  O   PHE P 168     -13.354 -35.706  73.001  1.00 33.55      D000 O
ATOM   7728  CB  PHE P 168     -15.460 -33.603  72.691  1.00 26.93      D000 C
ATOM   7729  CG  PHE P 168     -16.381 -32.711  71.950  1.00 26.93      D000 C
ATOM   7730  CD1 PHE P 168     -16.509 -31.381  72.314  1.00 25.66      D000 C
ATOM   7731  CD2 PHE P 168     -17.057 -33.170  70.831  1.00 28.28      D000 C
ATOM   7732  CE1 PHE P 168     -17.335 -30.515  71.594  1.00 29.79      D000 C
```

```
ATOM   7733  CE2 PHE P 168     -17.877 -32.328  70.108  1.00 30.00      D000 C
ATOM   7734  CZ  PHE P 168     -18.025 -30.988  70.490  1.00 26.93      D000 C
ATOM   7735  N   SER P 169     -12.026 -33.922  73.385  1.00 30.64      D000 N
ATOM   7736  CA  SER P 169     -11.061 -34.707  74.145  1.00 34.97      D000 C
ATOM   7737  C   SER P 169     -11.675 -35.155  75.471  1.00 27.83      D000 C
ATOM   7738  O   SER P 169     -12.547 -34.495  76.036  1.00 28.09      D000 O
ATOM   7739  CB  SER P 169      -9.761 -33.908  74.389  1.00 29.33      D000 C
ATOM   7740  OG  SER P 169      -9.906 -32.926  75.407  1.00 28.03      D000 O
ATOM   7741  N   ARG P 170     -11.219 -36.298  75.960  1.00 26.00      D000 N
ATOM   7742  CA  ARG P 170     -11.564 -36.758  77.295  1.00 31.89      D000 C
ATOM   7743  C   ARG P 170     -10.359 -36.735  78.233  1.00 33.73      D000 C
ATOM   7744  O   ARG P 170     -10.416 -37.279  79.337  1.00 35.93      D000 O
ATOM   7745  CB  ARG P 170     -12.183 -38.148  77.207  1.00 26.68      D000 C
ATOM   7746  CG  ARG P 170     -12.874 -38.607  78.430  1.00 33.68      D000 C
ATOM   7747  CD  ARG P 170     -14.298 -38.263  78.356  1.00 32.40      D000 C
ATOM   7748  NE  ARG P 170     -15.029 -38.782  79.492  1.00 28.94      D000 N
ATOM   7749  CZ  ARG P 170     -15.923 -38.060  80.155  1.00 29.78      D000 C
ATOM   7750  NH1 ARG P 170     -16.586 -38.582  81.182  1.00 24.35      D000 N1+
ATOM   7751  NH2 ARG P 170     -16.137 -36.805  79.779  1.00 23.51      D000 N
ATOM   7752  N   SER P 171      -9.256 -36.149  77.801  1.00 29.68      D000 N
ATOM   7753  CA  SER P 171      -8.088 -35.943  78.633  1.00 26.30      D000 C
ATOM   7754  C   SER P 171      -7.684 -34.481  78.520  1.00 31.62      D000 C
ATOM   7755  O   SER P 171      -8.299 -33.707  77.774  1.00 33.43      D000 O
ATOM   7756  CB  SER P 171      -6.959 -36.886  78.220  1.00 26.16      D000 C
ATOM   7757  OG  SER P 171      -6.679 -36.700  76.857  1.00 32.31      D000 O
ATOM   7758  N   GLY P 172      -6.662 -34.095  79.290  1.00 28.87      D000 N
ATOM   7759  CA  GLY P 172      -6.215 -32.713  79.329  1.00 27.34      D000 C
ATOM   7760  C   GLY P 172      -4.841 -32.482  78.725  1.00 28.11      D000 C
ATOM   7761  O   GLY P 172      -4.034 -33.407  78.627  1.00 29.36      D000 O
ATOM   7762  N   LYS P 173      -4.567 -31.249  78.312  1.00 26.28      D000 N
ATOM   7763  CA  LYS P 173      -3.311 -30.891  77.669  1.00 28.99      D000 C
ATOM   7764  C   LYS P 173      -3.133 -29.390  77.801  1.00 31.16      D000 C
ATOM   7765  O   LYS P 173      -4.101 -28.640  77.686  1.00 26.89      D000 O
ATOM   7766  CB  LYS P 173      -3.274 -31.249  76.168  1.00 29.64      D000 C
ATOM   7767  CG  LYS P 173      -3.023 -32.712  75.792  1.00 25.52      D000 C
ATOM   7768  CD  LYS P 173      -2.577 -32.794  74.349  1.00 26.55      D000 C
ATOM   7769  CE  LYS P 173      -2.684 -34.206  73.811  1.00 33.01      D000 C
ATOM   7770  NZ  LYS P 173      -1.755 -35.154  74.459  1.00 35.05      D000 N1+
ATOM   7771  N   ALA P 174      -1.890 -28.962  78.015  1.00 32.75      D000 N
ATOM   7772  CA  ALA P 174      -1.556 -27.556  77.874  1.00 30.91      D000 C
ATOM   7773  C   ALA P 174      -1.960 -27.069  76.483  1.00 32.66      D000 C
ATOM   7774  O   ALA P 174      -1.967 -27.838  75.511  1.00 28.87      D000 O
ATOM   7775  CB  ALA P 174      -0.062 -27.349  78.113  1.00 32.92      D000 C
ATOM   7776  N   TRP P 175      -2.308 -25.777  76.396  1.00 31.13      D000 N
ATOM   7777  CA  TRP P 175      -2.873 -25.232  75.157  1.00 35.20      D000 C
ATOM   7778  C   TRP P 175      -1.991 -25.526  73.942  1.00 35.94      D000 C
ATOM   7779  O   TRP P 175      -2.491 -25.919  72.884  1.00 31.80      D000 O
ATOM   7780  CB  TRP P 175      -3.105 -23.719  75.294  1.00 35.59      D000 C
ATOM   7781  CG  TRP P 175      -3.896 -23.089  74.131  1.00 42.77      D000 C
ATOM   7782  CD1 TRP P 175      -5.235 -22.812  74.113  1.00 41.04      D000 C
ATOM   7783  CD2 TRP P 175      -3.387 -22.650  72.846  1.00 48.23      D000 C
ATOM   7784  NE1 TRP P 175      -5.594 -22.244  72.908  1.00 42.82      D000 N
ATOM   7785  CE2 TRP P 175      -4.483 -22.130  72.115  1.00 46.08      D000 C
ATOM   7786  CE3 TRP P 175      -2.117 -22.651  72.244  1.00 45.34      D000 C
ATOM   7787  CZ2 TRP P 175      -4.348 -21.616  70.816  1.00 42.61      D000 C
ATOM   7788  CZ3 TRP P 175      -1.988 -22.133  70.948  1.00 42.70      D000 C
ATOM   7789  CH2 TRP P 175      -3.095 -21.626  70.256  1.00 41.85      D000 C
ATOM   7790  N   ALA P 176      -0.677 -25.331  74.076  1.00 34.88      D000 N
ATOM   7791  CA  ALA P 176       0.226 -25.561  72.957  1.00 30.60      D000 C
ATOM   7792  C   ALA P 176       0.226 -27.022  72.528  1.00 36.67      D000 C
ATOM   7793  O   ALA P 176       0.291 -27.325  71.328  1.00 33.09      D000 O
ATOM   7794  CB  ALA P 176       1.632 -25.111  73.326  1.00 30.07      D000 C
ATOM   7795  N   ASP P 177       0.176 -27.949  73.490  1.00 34.27      D000 N
ATOM   7796  CA  ASP P 177       0.168 -29.353  73.103  1.00 30.80      D000 C
ATOM   7797  C   ASP P 177      -1.161 -29.738  72.466  1.00 29.53      D000 C
ATOM   7798  O   ASP P 177      -1.190 -30.546  71.540  1.00 28.69      D000 O
ATOM   7799  CB  ASP P 177       0.466 -30.238  74.315  1.00 33.82      D000 C
ATOM   7800  CG  ASP P 177       1.804 -29.908  74.967  1.00 40.40      D000 C
ATOM   7801  OD1 ASP P 177       2.724 -29.448  74.243  1.00 40.31      D000 O
ATOM   7802  OD2 ASP P 177       1.934 -30.111  76.206  1.00 43.49      D000 O1-
ATOM   7803  N   ALA P 178      -2.267 -29.156  72.931  1.00 33.12      D000 N
```

```
ATOM   7804  CA  ALA P 178      -3.558 -29.421  72.307  1.00 31.89      D000 C
ATOM   7805  C   ALA P 178      -3.617 -28.832  70.899  1.00 35.82      D000 C
ATOM   7806  O   ALA P 178      -4.104 -29.487  69.969  1.00 35.46      D000 O
ATOM   7807  CB  ALA P 178      -4.690 -28.874  73.178  1.00 25.57      D000 C
ATOM   7808  N   ASP P 179      -3.149 -27.588  70.741  1.00 33.89      D000 N
ATOM   7809  CA  ASP P 179      -2.957 -26.971  69.429  1.00 35.32      D000 C
ATOM   7810  C   ASP P 179      -2.204 -27.905  68.481  1.00 38.70      D000 C
ATOM   7811  O   ASP P 179      -2.660 -28.182  67.365  1.00 37.15      D000 O
ATOM   7812  CB  ASP P 179      -2.188 -25.656  69.607  1.00 36.39      D000 C
ATOM   7813  CG  ASP P 179      -2.089 -24.840  68.331  1.00 45.78      D000 C
ATOM   7814  OD1 ASP P 179      -2.995 -24.936  67.468  1.00 47.95      D000 O
ATOM   7815  OD2 ASP P 179      -1.093 -24.096  68.191  1.00 50.66      D000 O1-
ATOM   7816  N   ASN P 180      -1.049 -28.410  68.918  1.00 32.54      D000 N
ATOM   7817  CA  ASN P 180      -0.271 -29.285  68.052  1.00 37.32      D000 C
ATOM   7818  C   ASN P 180      -1.019 -30.582  67.794  1.00 38.98      D000 C
ATOM   7819  O   ASN P 180      -0.911 -31.163  66.707  1.00 43.91      D000 O
ATOM   7820  CB  ASN P 180       1.118 -29.563  68.660  1.00 33.88      D000 C
ATOM   7821  CG  ASN P 180       2.023 -28.309  68.713  1.00 36.32      D000 C
ATOM   7822  OD1 ASN P 180       1.696 -27.243  68.174  1.00 45.19      D000 O
ATOM   7823  ND2 ASN P 180       3.160 -28.445  69.372  1.00 35.02      D000 N
ATOM   7824  N   TYR P 181      -1.771 -31.060  68.782  1.00 39.97      D000 N
ATOM   7825  CA  TYR P 181      -2.544 -32.280  68.589  1.00 39.12      D000 C
ATOM   7826  C   TYR P 181      -3.578 -32.097  67.471  1.00 38.18      D000 C
ATOM   7827  O   TYR P 181      -3.740 -32.963  66.601  1.00 35.54      D000 O
ATOM   7828  CB  TYR P 181      -3.216 -32.680  69.908  1.00 26.15      D000 C
ATOM   7829  CG  TYR P 181      -4.103 -33.884  69.760  1.00 30.23      D000 C
ATOM   7830  CD1 TYR P 181      -5.415 -33.752  69.303  1.00 32.63      D000 C
ATOM   7831  CD2 TYR P 181      -3.642 -35.158  70.052  1.00 31.11      D000 C
ATOM   7832  CE1 TYR P 181      -6.223 -34.846  69.131  1.00 29.23      D000 C
ATOM   7833  CE2 TYR P 181      -4.463 -36.267  69.898  1.00 26.83      D000 C
ATOM   7834  CZ  TYR P 181      -5.750 -36.093  69.433  1.00 27.61      D000 C
ATOM   7835  OH  TYR P 181      -6.587 -37.157  69.283  1.00 34.40      D000 O
ATOM   7836  N   CYS P 182      -4.291 -30.973  67.476  1.00 34.18      D000 N
ATOM   7837  CA  CYS P 182      -5.297 -30.784  66.443  1.00 40.39      D000 C
ATOM   7838  C   CYS P 182      -4.643 -30.653  65.076  1.00 39.40      D000 C
ATOM   7839  O   CYS P 182      -5.119 -31.245  64.098  1.00 36.09      D000 O
ATOM   7840  CB  CYS P 182      -6.178 -29.570  66.756  1.00 38.38      D000 C
ATOM   7841  SG  CYS P 182      -7.302 -29.774  68.185  1.00 41.03      D000 S
ATOM   7842  N   ARG P 183      -3.541 -29.899  64.997  1.00 38.60      D000 N
ATOM   7843  CA  ARG P 183      -2.855 -29.714  63.724  1.00 36.47      D000 C
ATOM   7844  C   ARG P 183      -2.442 -31.048  63.106  1.00 35.85      D000 C
ATOM   7845  O   ARG P 183      -2.647 -31.265  61.908  1.00 36.71      D000 O
ATOM   7846  CB  ARG P 183      -1.648 -28.802  63.900  1.00 36.20      D000 C
ATOM   7847  CG  ARG P 183      -1.953 -27.334  64.191  1.00 35.03      D000 C
ATOM   7848  CD  ARG P 183      -0.707 -26.729  64.791  1.00 45.48      D000 C
ATOM   7849  NE  ARG P 183      -0.297 -25.461  64.189  1.00 63.54      D000 N
ATOM   7850  CZ  ARG P 183       0.971 -25.139  63.900  1.00 64.81      D000 C
ATOM   7851  NH1 ARG P 183       1.957 -25.996  64.123  1.00 42.00      D000 N1+
ATOM   7852  NH2 ARG P 183       1.259 -23.956  63.368  1.00 73.94      D000 N
ATOM   7853  N   LEU P 184      -1.906 -31.972  63.906  1.00 34.56      D000 N
ATOM   7854  CA  LEU P 184      -1.585 -33.295  63.377  1.00 34.47      D000 C
ATOM   7855  C   LEU P 184      -2.812 -34.158  63.104  1.00 43.39      D000 C
ATOM   7856  O   LEU P 184      -2.648 -35.287  62.629  1.00 48.31      D000 O
ATOM   7857  CB  LEU P 184      -0.669 -34.073  64.311  1.00 40.32      D000 C
ATOM   7858  CG  LEU P 184       0.849 -33.962  64.235  1.00 47.86      D000 C
ATOM   7859  CD1 LEU P 184       1.306 -33.127  63.057  1.00 34.57      D000 C
ATOM   7860  CD2 LEU P 184       1.398 -33.477  65.565  1.00 40.91      D000 C
ATOM   7861  N   GLU P 185      -4.016 -33.714  63.463  1.00 43.99      D000 N
ATOM   7862  CA  GLU P 185      -5.220 -34.401  63.011  1.00 42.68      D000 C
ATOM   7863  C   GLU P 185      -5.746 -33.822  61.714  1.00 42.10      D000 C
ATOM   7864  O   GLU P 185      -6.877 -34.117  61.325  1.00 41.36      D000 O
ATOM   7865  CB  GLU P 185      -6.314 -34.365  64.076  1.00 40.55      D000 C
ATOM   7866  CG  GLU P 185      -5.941 -35.182  65.257  1.00 41.11      D000 C
ATOM   7867  CD  GLU P 185      -5.903 -36.635  64.898  1.00 46.25      D000 C
ATOM   7868  OE1 GLU P 185      -6.722 -37.051  64.048  1.00 49.14      D000 O
ATOM   7869  OE2 GLU P 185      -5.032 -37.350  65.434  1.00 47.23      D000 O1-
ATOM   7870  N   ASP P 186      -4.940 -33.010  61.039  1.00 47.67      D000 N
ATOM   7871  CA  ASP P 186      -5.390 -32.232  59.896  1.00 45.07      D000 C
ATOM   7872  C   ASP P 186      -6.621 -31.416  60.279  1.00 43.94      D000 C
ATOM   7873  O   ASP P 186      -7.601 -31.332  59.539  1.00 49.84      D000 O
ATOM   7874  CB  ASP P 186      -5.656 -33.149  58.700  1.00 47.50      D000 C
```

```
ATOM   7875  CG  ASP P 186      -5.429 -32.459  57.365  1.00 55.72      D000 C
ATOM   7876  OD1 ASP P 186      -5.209 -31.227  57.346  1.00 54.34      D000 O
ATOM   7877  OD2 ASP P 186      -5.476 -33.160  56.329  1.00 65.88      D000 O1-
ATOM   7878  N   ALA P 187      -6.558 -30.797  61.453  1.00 43.57      D000 N
ATOM   7879  CA  ALA P 187      -7.683 -30.054  62.009  1.00 40.06      D000 C
ATOM   7880  C   ALA P 187      -7.136 -28.872  62.799  1.00 39.06      D000 C
ATOM   7881  O   ALA P 187      -5.965 -28.502  62.673  1.00 41.54      D000 O
ATOM   7882  CB  ALA P 187      -8.559 -30.971  62.871  1.00 37.26      D000 C
ATOM   7883  N   HIS P 188      -7.984 -28.270  63.620  1.00 38.84      D000 N
ATOM   7884  CA  HIS P 188      -7.523 -27.141  64.411  1.00 42.15      D000 C
ATOM   7885  C   HIS P 188      -8.399 -26.992  65.655  1.00 44.84      D000 C
ATOM   7886  O   HIS P 188      -9.536 -27.477  65.704  1.00 37.93      D000 O
ATOM   7887  CB  HIS P 188      -7.528 -25.863  63.577  1.00 38.38      D000 C
ATOM   7888  CG  HIS P 188      -8.885 -25.488  63.084  1.00 39.56      D000 C
ATOM   7889  ND1 HIS P 188      -9.637 -24.489  63.663  1.00 42.56      D000 N
ATOM   7890  CD2 HIS P 188      -9.644 -26.008  62.092  1.00 38.88      D000 C
ATOM   7891  CE1 HIS P 188     -10.793 -24.394  63.034  1.00 45.45      D000 C
ATOM   7892  NE2 HIS P 188     -10.822 -25.305  62.075  1.00 47.23      D000 N
ATOM   7893  N   LEU P 189      -7.834 -26.338  66.673  1.00 39.67      D000 N
ATOM   7894  CA  LEU P 189      -8.599 -26.011  67.860  1.00 36.17      D000 C
ATOM   7895  C   LEU P 189      -9.829 -25.215  67.464  1.00 35.83      D000 C
ATOM   7896  O   LEU P 189      -9.731 -24.279  66.669  1.00 34.94      D000 O
ATOM   7897  CB  LEU P 189      -7.733 -25.219  68.832  1.00 37.51      D000 C
ATOM   7898  CG  LEU P 189      -6.682 -25.973  69.637  1.00 36.68      D000 C
ATOM   7899  CD1 LEU P 189      -5.830 -25.001  70.439  1.00 36.06      D000 C
ATOM   7900  CD2 LEU P 189      -7.377 -26.952  70.569  1.00 34.22      D000 C
ATOM   7901  N   VAL P 190     -10.979 -25.590  68.040  1.00 34.05      D000 N
ATOM   7902  CA  VAL P 190     -12.274 -25.094  67.585  1.00 34.93      D000 C
ATOM   7903  C   VAL P 190     -12.304 -23.565  67.518  1.00 35.33      D000 C
ATOM   7904  O   VAL P 190     -11.823 -22.852  68.410  1.00 34.50      D000 O
ATOM   7905  CB  VAL P 190     -13.400 -25.641  68.486  1.00 34.45      D000 C
ATOM   7906  CG1 VAL P 190     -13.221 -25.185  69.924  1.00 32.88      D000 C
ATOM   7907  CG2 VAL P 190     -14.740 -25.157  67.990  1.00 33.98      D000 C
ATOM   7908  N   VAL P 191     -12.889 -23.066  66.438  1.00 34.01      D000 N
ATOM   7909  CA  VAL P 191     -13.051 -21.643  66.182  1.00 35.07      D000 C
ATOM   7910  C   VAL P 191     -14.544 -21.382  66.161  1.00 36.61      D000 C
ATOM   7911  O   VAL P 191     -15.256 -21.923  65.306  1.00 41.56      D000 O
ATOM   7912  CB  VAL P 191     -12.385 -21.225  64.856  1.00 35.46      D000 C
ATOM   7913  CG1 VAL P 191     -12.817 -19.830  64.431  1.00 35.96      D000 C
ATOM   7914  CG2 VAL P 191     -10.875 -21.295  64.981  1.00 36.37      D000 C
ATOM   7915  N   VAL P 192     -15.021 -20.581  67.111  1.00 35.79      D000 N
ATOM   7916  CA  VAL P 192     -16.450 -20.417  67.355  1.00 37.67      D000 C
ATOM   7917  C   VAL P 192     -16.893 -19.094  66.754  1.00 37.75      D000 C
ATOM   7918  O   VAL P 192     -16.442 -18.024  67.186  1.00 38.75      D000 O
ATOM   7919  CB  VAL P 192     -16.776 -20.473  68.854  1.00 38.25      D000 C
ATOM   7920  CG1 VAL P 192     -18.267 -20.314  69.053  1.00 35.90      D000 C
ATOM   7921  CG2 VAL P 192     -16.282 -21.774  69.455  1.00 37.22      D000 C
ATOM   7922  N   THR P 193     -17.795 -19.159  65.778  1.00 36.90      D000 N
ATOM   7923  CA  THR P 193     -18.151 -17.982  64.995  1.00 42.26      D000 C
ATOM   7924  C   THR P 193     -19.600 -17.530  65.148  1.00 41.06      D000 C
ATOM   7925  O   THR P 193     -19.950 -16.480  64.605  1.00 46.91      D000 O
ATOM   7926  CB  THR P 193     -17.813 -18.204  63.503  1.00 40.10      D000 C
ATOM   7927  OG1 THR P 193     -18.471 -19.382  63.012  1.00 45.59      D000 O
ATOM   7928  CG2 THR P 193     -16.302 -18.323  63.286  1.00 36.33      D000 C
ATOM   7929  N   SER P 194     -20.440 -18.252  65.892  1.00 39.77      D000 N
ATOM   7930  CA  SER P 194     -21.849 -17.898  66.016  1.00 36.24      D000 C
ATOM   7931  C   SER P 194     -22.416 -18.395  67.342  1.00 40.36      D000 C
ATOM   7932  O   SER P 194     -21.829 -19.244  68.013  1.00 39.43      D000 O
ATOM   7933  CB  SER P 194     -22.666 -18.470  64.855  1.00 32.78      D000 C
ATOM   7934  OG  SER P 194     -22.508 -19.875  64.777  1.00 40.86      D000 O
ATOM   7935  N   TRP P 195     -23.589 -17.862  67.714  1.00 44.41      D000 N
ATOM   7936  CA  TRP P 195     -24.275 -18.381  68.894  1.00 41.04      D000 C
ATOM   7937  C   TRP P 195     -24.665 -19.830  68.684  1.00 37.41      D000 C
ATOM   7938  O   TRP P 195     -24.633 -20.639  69.618  1.00 38.72      D000 O
ATOM   7939  CB  TRP P 195     -25.519 -17.557  69.216  1.00 44.82      D000 C
ATOM   7940  CG  TRP P 195     -25.243 -16.309  70.020  1.00 51.32      D000 C
ATOM   7941  CD1 TRP P 195     -25.307 -15.008  69.586  1.00 46.03      D000 C
ATOM   7942  CD2 TRP P 195     -24.854 -16.251  71.395  1.00 47.53      D000 C
ATOM   7943  NE1 TRP P 195     -24.987 -14.148  70.610  1.00 47.20      D000 N
ATOM   7944  CE2 TRP P 195     -24.706 -14.885  71.733  1.00 51.18      D000 C
ATOM   7945  CE3 TRP P 195     -24.614 -17.221  72.375  1.00 46.44      D000 C
```

```
ATOM   7946  CZ2 TRP P 195     -24.331 -14.464  73.016  1.00 55.85      D000 C
ATOM   7947  CZ3 TRP P 195     -24.241 -16.801  73.654  1.00 53.40      D000 C
ATOM   7948  CH2 TRP P 195     -24.105 -15.435  73.961  1.00 52.97      D000 C
ATOM   7949  N   GLU P 196     -25.024 -20.181  67.458  1.00 34.05      D000 N
ATOM   7950  CA  GLU P 196     -25.384 -21.557  67.174  1.00 36.55      D000 C
ATOM   7951  C   GLU P 196     -24.200 -22.484  67.430  1.00 37.31      D000 C
ATOM   7952  O   GLU P 196     -24.343 -23.528  68.078  1.00 36.90      D000 O
ATOM   7953  CB  GLU P 196     -25.899 -21.650  65.740  1.00 37.33      D000 C
ATOM   7954  CG  GLU P 196     -25.908 -23.036  65.156  1.00 54.30      D000 C
ATOM   7955  CD  GLU P 196     -27.254 -23.709  65.306  1.00 67.53      D000 C
ATOM   7956  OE1 GLU P 196     -28.111 -23.139  66.025  1.00 74.43      D000 O
ATOM   7957  OE2 GLU P 196     -27.453 -24.799  64.704  1.00 66.20      D000 O1-
ATOM   7958  N   GLU P 197     -23.008 -22.101  66.961  1.00 37.44      D000 N
ATOM   7959  CA  GLU P 197     -21.837 -22.949  67.173  1.00 37.15      D000 C
ATOM   7960  C   GLU P 197     -21.448 -23.002  68.652  1.00 36.59      D000 C
ATOM   7961  O   GLU P 197     -21.077 -24.064  69.166  1.00 34.20      D000 O
ATOM   7962  CB  GLU P 197     -20.674 -22.458  66.315  1.00 32.94      D000 C
ATOM   7963  CG  GLU P 197     -19.417 -23.347  66.343  1.00 35.50      D000 C
ATOM   7964  CD  GLU P 197     -18.383 -22.948  65.292  1.00 41.89      D000 C
ATOM   7965  OE1 GLU P 197     -18.466 -21.807  64.772  1.00 45.12      D000 O
ATOM   7966  OE2 GLU P 197     -17.486 -23.771  64.985  1.00 41.03      D000 O1-
ATOM   7967  N   GLN P 198     -21.538 -21.865  69.345  1.00 32.12      D000 N
ATOM   7968  CA  GLN P 198     -21.193 -21.792  70.759  1.00 31.52      D000 C
ATOM   7969  C   GLN P 198     -22.083 -22.703  71.598  1.00 35.74      D000 C
ATOM   7970  O   GLN P 198     -21.600 -23.403  72.501  1.00 30.28      D000 O
ATOM   7971  CB  GLN P 198     -21.298 -20.334  71.226  1.00 33.50      D000 C
ATOM   7972  CG  GLN P 198     -21.391 -20.126  72.734  1.00 33.84      D000 C
ATOM   7973  CD  GLN P 198     -20.055 -20.173  73.450  1.00 33.31      D000 C
ATOM   7974  OE1 GLN P 198     -19.009 -19.859  72.878  1.00 30.27      D000 O
ATOM   7975  NE2 GLN P 198     -20.085 -20.563  74.713  1.00 33.30      D000 N
ATOM   7976  N   LYS P 199     -23.393 -22.694  71.320  1.00 35.11      D000 N
ATOM   7977  CA  LYS P 199     -24.328 -23.523  72.070  1.00 32.09      D000 C
ATOM   7978  C   LYS P 199     -24.070 -25.009  71.828  1.00 32.10      D000 C
ATOM   7979  O   LYS P 199     -24.103 -25.811  72.767  1.00 31.39      D000 O
ATOM   7980  CB  LYS P 199     -25.753 -23.142  71.692  1.00 31.90      D000 C
ATOM   7981  CG  LYS P 199     -26.283 -21.993  72.497  1.00 34.02      D000 C
ATOM   7982  CD  LYS P 199     -27.260 -21.182  71.709  1.00 36.65      D000 C
ATOM   7983  CE  LYS P 199     -28.314 -22.071  71.096  1.00 40.59      D000 C
ATOM   7984  NZ  LYS P 199     -29.444 -21.249  70.594  1.00 48.36      D000 N1+
ATOM   7985  N   PHE P 200     -23.806 -25.392  70.581  1.00 28.05      D000 N
ATOM   7986  CA  PHE P 200     -23.515 -26.788  70.283  1.00 28.75      D000 C
ATOM   7987  C   PHE P 200     -22.286 -27.284  71.036  1.00 32.43      D000 C
ATOM   7988  O   PHE P 200     -22.287 -28.399  71.568  1.00 30.79      D000 O
ATOM   7989  CB  PHE P 200     -23.318 -26.956  68.787  1.00 27.58      D000 C
ATOM   7990  CG  PHE P 200     -22.644 -28.222  68.417  1.00 29.26      D000 C
ATOM   7991  CD1 PHE P 200     -23.363 -29.387  68.303  1.00 28.09      D000 C
ATOM   7992  CD2 PHE P 200     -21.279 -28.247  68.172  1.00 31.84      D000 C
ATOM   7993  CE1 PHE P 200     -22.747 -30.561  67.943  1.00 30.20      D000 C
ATOM   7994  CE2 PHE P 200     -20.647 -29.415  67.799  1.00 31.13      D000 C
ATOM   7995  CZ  PHE P 200     -21.385 -30.577  67.682  1.00 33.34      D000 C
ATOM   7996  N   VAL P 201     -21.220 -26.478  71.083  1.00 30.80      D000 N
ATOM   7997  CA  VAL P 201     -20.015 -26.900  71.787  1.00 31.26      D000 C
ATOM   7998  C   VAL P 201     -20.277 -26.989  73.295  1.00 31.79      D000 C
ATOM   7999  O   VAL P 201     -19.849 -27.947  73.948  1.00 29.59      D000 O
ATOM   8000  CB  VAL P 201     -18.836 -25.959  71.458  1.00 30.91      D000 C
ATOM   8001  CG1 VAL P 201     -17.611 -26.260  72.345  1.00 32.04      D000 C
ATOM   8002  CG2 VAL P 201     -18.433 -26.104  70.020  1.00 33.28      D000 C
ATOM   8003  N   GLN P 202     -21.001 -26.012  73.862  1.00 30.50      D000 N
ATOM   8004  CA  GLN P 202     -21.323 -26.044  75.290  1.00 30.37      D000 C
ATOM   8005  C   GLN P 202     -22.040 -27.327  75.670  1.00 25.89      D000 C
ATOM   8006  O   GLN P 202     -21.755 -27.903  76.719  1.00 33.97      D000 O
ATOM   8007  CB  GLN P 202     -22.203 -24.865  75.701  1.00 35.09      D000 C
ATOM   8008  CG  GLN P 202     -21.566 -23.520  75.783  1.00 35.69      D000 C
ATOM   8009  CD  GLN P 202     -22.490 -22.528  76.480  1.00 47.70      D000 C
ATOM   8010  OE1 GLN P 202     -22.615 -21.351  76.078  1.00 41.49      D000 O
ATOM   8011  NE2 GLN P 202     -23.110 -22.990  77.575  1.00 49.12      D000 N
ATOM   8012  N   HIS P 203     -23.025 -27.742  74.871  1.00 25.10      D000 N
ATOM   8013  CA  HIS P 203     -23.731 -29.000  75.117  1.00 27.41      D000 C
ATOM   8014  C   HIS P 203     -22.780 -30.154  75.316  1.00 32.74      D000 C
ATOM   8015  O   HIS P 203     -22.919 -30.940  76.262  1.00 37.16      D000 O
ATOM   8016  CB  HIS P 203     -24.638 -29.354  73.947  1.00 31.40      D000 C
```

```
ATOM   8017  CG  HIS P 203     -26.051 -28.936  74.117  1.00 37.58      D000 C
ATOM   8018  ND1 HIS P 203     -26.725 -28.198  73.167  1.00 46.93      D000 N
ATOM   8019  CD2 HIS P 203     -26.942 -29.204  75.098  1.00 43.64      D000 C
ATOM   8020  CE1 HIS P 203     -27.963 -27.992  73.576  1.00 52.72      D000 C
ATOM   8021  NE2 HIS P 203     -28.122 -28.598  74.742  1.00 57.54      D000 N
ATOM   8022  N   HIS P 204     -21.809 -30.280  74.406  1.00 33.87      D000 N
ATOM   8023  CA  HIS P 204     -20.952 -31.453  74.375  1.00 32.62      D000 C
ATOM   8024  C   HIS P 204     -19.857 -31.394  75.428  1.00 30.65      D000 C
ATOM   8025  O   HIS P 204     -19.399 -32.445  75.880  1.00 27.67      D000 O
ATOM   8026  CB  HIS P 204     -20.373 -31.635  72.969  1.00 25.37      D000 C
ATOM   8027  CG  HIS P 204     -21.341 -32.234  71.995  1.00 29.38      D000 C
ATOM   8028  ND1 HIS P 204     -21.525 -33.593  71.869  1.00 30.92      D000 N
ATOM   8029  CD2 HIS P 204     -22.217 -31.661  71.137  1.00 32.57      D000 C
ATOM   8030  CE1 HIS P 204     -22.445 -33.835  70.953  1.00 28.23      D000 C
ATOM   8031  NE2 HIS P 204     -22.883 -32.678  70.494  1.00 34.46      D000 N
ATOM   8032  N   ILE P 205     -19.424 -30.197  75.830  1.00 28.24      D000 N
ATOM   8033  CA  ILE P 205     -18.324 -30.104  76.778  1.00 27.46      D000 C
ATOM   8034  C   ILE P 205     -18.778 -30.056  78.220  1.00 33.06      D000 C
ATOM   8035  O   ILE P 205     -17.952 -30.295  79.111  1.00 35.59      D000 O
ATOM   8036  CB  ILE P 205     -17.392 -28.907  76.513  1.00 33.12      D000 C
ATOM   8037  CG1 ILE P 205     -18.123 -27.564  76.648  1.00 26.96      D000 C
ATOM   8038  CG2 ILE P 205     -16.702 -29.080  75.173  1.00 25.98      D000 C
ATOM   8039  CD1 ILE P 205     -17.174 -26.412  76.624  1.00 23.08      D000 C
ATOM   8040  N   GLY P 206     -20.043 -29.713  78.482  1.00 35.40      D000 N
ATOM   8041  CA  GLY P 206     -20.536 -29.649  79.837  1.00 29.75      D000 C
ATOM   8042  C   GLY P 206     -19.906 -28.523  80.620  1.00 32.65      D000 C
ATOM   8043  O   GLY P 206     -19.313 -27.601  80.053  1.00 35.11      D000 O
ATOM   8044  N   PRO P 207     -20.032 -28.568  81.948  1.00 33.48      D000 N
ATOM   8045  CA  PRO P 207     -19.544 -27.464  82.797  1.00 31.43      D000 C
ATOM   8046  C   PRO P 207     -18.059 -27.610  83.123  1.00 36.17      D000 C
ATOM   8047  O   PRO P 207     -17.637 -27.650  84.288  1.00 38.20      D000 O
ATOM   8048  CB  PRO P 207     -20.443 -27.590  84.032  1.00 35.30      D000 C
ATOM   8049  CG  PRO P 207     -20.723 -29.073  84.132  1.00 31.37      D000 C
ATOM   8050  CD  PRO P 207     -20.694 -29.628  82.727  1.00 30.51      D000 C
ATOM   8051  N   VAL P 208     -17.242 -27.622  82.071  1.00 35.28      D000 N
ATOM   8052  CA  VAL P 208     -15.854 -28.057  82.127  1.00 31.19      D000 C
ATOM   8053  C   VAL P 208     -14.990 -27.043  81.389  1.00 32.34      D000 C
ATOM   8054  O   VAL P 208     -15.252 -26.754  80.217  1.00 30.13      D000 O
ATOM   8055  CB  VAL P 208     -15.733 -29.454  81.493  1.00 24.39      D000 C
ATOM   8056  CG1 VAL P 208     -14.304 -29.927  81.433  1.00 19.72      D000 C
ATOM   8057  CG2 VAL P 208     -16.623 -30.417  82.259  1.00 26.85      D000 C
ATOM   8058  N   ASN P 209     -13.955 -26.514  82.065  1.00 33.01      D000 N
ATOM   8059  CA  ASN P 209     -12.987 -25.628  81.404  1.00 28.33      D000 C
ATOM   8060  C   ASN P 209     -12.325 -26.339  80.224  1.00 28.70      D000 C
ATOM   8061  O   ASN P 209     -11.666 -27.369  80.409  1.00 26.30      D000 O
ATOM   8062  CB  ASN P 209     -11.911 -25.165  82.388  1.00 26.60      D000 C
ATOM   8063  CG  ASN P 209     -12.401 -24.116  83.370  1.00 27.81      D000 C
ATOM   8064  OD1 ASN P 209     -13.324 -23.343  83.094  1.00 31.03      D000 O
ATOM   8065  ND2 ASN P 209     -11.774 -24.083  84.528  1.00 22.70      D000 N
ATOM   8066  N   THR P 210     -12.487 -25.786  79.017  1.00 27.48      D000 N
ATOM   8067  CA  THR P 210     -12.049 -26.451  77.790  1.00 27.53      D000 C
ATOM   8068  C   THR P 210     -11.385 -25.441  76.860  1.00 29.97      D000 C
ATOM   8069  O   THR P 210     -11.918 -24.350  76.656  1.00 28.86      D000 O
ATOM   8070  CB  THR P 210     -13.223 -27.156  77.082  1.00 28.24      D000 C
ATOM   8071  OG1 THR P 210     -13.710 -28.226  77.908  1.00 30.12      D000 O
ATOM   8072  CG2 THR P 210     -12.801 -27.746  75.755  1.00 23.19      D000 C
ATOM   8073  N   TRP P 211     -10.219 -25.797  76.313  1.00 29.85      D000 N
ATOM   8074  CA  TRP P 211      -9.514 -24.902  75.399  1.00 31.37      D000 C
ATOM   8075  C   TRP P 211     -10.280 -24.746  74.099  1.00 34.18      D000 C
ATOM   8076  O   TRP P 211     -10.884 -25.707  73.604  1.00 32.26      D000 O
ATOM   8077  CB  TRP P 211      -8.122 -25.430  75.046  1.00 26.53      D000 C
ATOM   8078  CG  TRP P 211      -7.115 -25.421  76.131  1.00 30.84      D000 C
ATOM   8079  CD1 TRP P 211      -6.341 -26.470  76.523  1.00 29.48      D000 C
ATOM   8080  CD2 TRP P 211      -6.740 -24.312  76.959  1.00 29.42      D000 C
ATOM   8081  NE1 TRP P 211      -5.507 -26.084  77.538  1.00 29.42      D000 N
ATOM   8082  CE2 TRP P 211      -5.740 -24.768  77.832  1.00 29.17      D000 C
ATOM   8083  CE3 TRP P 211      -7.150 -22.979  77.041  1.00 31.34      D000 C
ATOM   8084  CZ2 TRP P 211      -5.145 -23.942  78.778  1.00 31.63      D000 C
ATOM   8085  CZ3 TRP P 211      -6.563 -22.163  77.977  1.00 28.33      D000 C
ATOM   8086  CH2 TRP P 211      -5.568 -22.642  78.830  1.00 30.22      D000 C
ATOM   8087  N   MET P 212     -10.227 -23.530  73.540  1.00 33.06      D000 N
```

```
ATOM   8088  CA  MET P 212     -10.647 -23.222  72.175  1.00 33.50      D000 C
ATOM   8089  C   MET P 212      -9.461 -22.623  71.415  1.00 35.69      D000 C
ATOM   8090  O   MET P 212      -8.401 -22.362  71.985  1.00 33.28      D000 O
ATOM   8091  CB  MET P 212     -11.841 -22.265  72.153  1.00 27.35      D000 C
ATOM   8092  CG  MET P 212     -11.442 -20.835  72.335  1.00 34.07      D000 C
ATOM   8093  SD  MET P 212     -12.807 -19.717  72.680  1.00 33.50      D000 S
ATOM   8094  CE  MET P 212     -13.264 -20.227  74.323  1.00 34.96      D000 C
ATOM   8095  N   GLY P 213      -9.615 -22.465  70.099  1.00 38.96      D000 N
ATOM   8096  CA  GLY P 213      -8.538 -21.941  69.266  1.00 36.71      D000 C
ATOM   8097  C   GLY P 213      -8.297 -20.437  69.293  1.00 36.61      D000 C
ATOM   8098  O   GLY P 213      -8.265 -19.807  68.237  1.00 34.15      D000 O
ATOM   8099  N   LEU P 214      -8.113 -19.847  70.472  1.00 37.22      D000 N
ATOM   8100  CA  LEU P 214      -7.994 -18.399  70.609  1.00 40.19      D000 C
ATOM   8101  C   LEU P 214      -6.897 -18.065  71.618  1.00 44.61      D000 C
ATOM   8102  O   LEU P 214      -6.928 -18.534  72.761  1.00 42.53      D000 O
ATOM   8103  CB  LEU P 214      -9.340 -17.783  71.019  1.00 36.46      D000 C
ATOM   8104  CG  LEU P 214      -9.420 -16.273  71.253  1.00 39.49      D000 C
ATOM   8105  CD1 LEU P 214      -9.308 -15.528  69.943  1.00 39.79      D000 C
ATOM   8106  CD2 LEU P 214     -10.692 -15.890  71.983  1.00 37.37      D000 C
ATOM   8107  N   HIS P 215      -5.914 -17.274  71.191  1.00 47.99      D000 N
ATOM   8108  CA  HIS P 215      -4.787 -16.902  72.042  1.00 53.52      D000 C
ATOM   8109  C   HIS P 215      -4.270 -15.525  71.632  1.00 50.41      D000 C
ATOM   8110  O   HIS P 215      -4.496 -15.076  70.506  1.00 50.05      D000 O
ATOM   8111  CB  HIS P 215      -3.668 -17.963  71.988  1.00 48.40      D000 C
ATOM   8112  CG  HIS P 215      -3.026 -18.112  70.645  1.00 51.27      D000 C
ATOM   8113  ND1 HIS P 215      -1.709 -18.488  70.490  1.00 52.99      D000 N
ATOM   8114  CD2 HIS P 215      -3.517 -17.937  69.394  1.00 48.48      D000 C
ATOM   8115  CE1 HIS P 215      -1.417 -18.539  69.203  1.00 55.12      D000 C
ATOM   8116  NE2 HIS P 215      -2.496 -18.205  68.517  1.00 52.31      D000 N
ATOM   8117  N   ASP P 216      -3.639 -14.826  72.579  1.00 50.32      D000 N
ATOM   8118  CA  ASP P 216      -2.999 -13.547  72.283  1.00 62.90      D000 C
ATOM   8119  C   ASP P 216      -1.529 -13.584  72.680  1.00 66.62      D000 C
ATOM   8120  O   ASP P 216      -0.957 -12.579  73.111  1.00 70.47      D000 O
ATOM   8121  CB  ASP P 216      -3.730 -12.376  72.949  1.00 58.20      D000 C
ATOM   8122  CG  ASP P 216      -3.387 -12.201  74.428  1.00 62.56      D000 C
ATOM   8123  OD1 ASP P 216      -2.915 -13.156  75.088  1.00 67.95      D000 O
ATOM   8124  OD2 ASP P 216      -3.613 -11.088  74.942  1.00 66.89      D000 O1-
ATOM   8125  N   GLN P 217      -0.907 -14.751  72.520  1.00 64.97      D000 N
ATOM   8126  CA  GLN P 217       0.521 -14.866  72.771  1.00 76.33      D000 C
ATOM   8127  C   GLN P 217       1.312 -13.867  71.944  1.00 79.09      D000 C
ATOM   8128  O   GLN P 217       2.439 -13.521  72.314  1.00 84.36      D000 O
ATOM   8129  CB  GLN P 217       0.981 -16.309  72.509  1.00 76.19      D000 C
ATOM   8130  CG  GLN P 217       0.950 -17.206  73.776  1.00 69.70      D000 C
ATOM   8131  CD  GLN P 217       0.539 -18.645  73.498  1.00 61.34      D000 C
ATOM   8132  OE1 GLN P 217      -0.353 -18.897  72.690  1.00 62.21      D000 O
ATOM   8133  NE2 GLN P 217       1.177 -19.597  74.185  1.00 61.50      D000 N
ATOM   8134  N   ASN P 218       0.722 -13.361  70.863  1.00 80.19      D000 N
ATOM   8135  CA  ASN P 218       1.363 -12.319  70.073  1.00 87.85      D000 C
ATOM   8136  C   ASN P 218       1.275 -10.964  70.775  1.00 79.48      D000 C
ATOM   8137  O   ASN P 218       2.294 -10.367  71.140  1.00 80.45      D000 O
ATOM   8138  CB  ASN P 218       0.705 -12.268  68.689  1.00 84.56      D000 C
ATOM   8139  CG  ASN P 218       1.684 -11.916  67.594  1.00 89.88      D000 C
ATOM   8140  OD1 ASN P 218       1.373 -12.042  66.404  1.00 90.71      D000 O
ATOM   8141  ND2 ASN P 218       2.891 -11.507  67.986  1.00 84.53      D000 N
ATOM   8142  N   GLY P 219       0.059 -10.514  71.040  1.00 74.18      D000 N
ATOM   8143  CA  GLY P 219      -0.212  -9.187  71.530  1.00 68.61      D000 C
ATOM   8144  C   GLY P 219      -1.710  -8.949  71.462  1.00 73.97      D000 C
ATOM   8145  O   GLY P 219      -2.366  -8.740  72.489  1.00 71.33      D000 O
ATOM   8146  N   PRO P 220      -2.285  -9.017  70.255  1.00 69.70      D000 N
ATOM   8147  CA  PRO P 220      -3.745  -9.029  70.112  1.00 69.83      D000 C
ATOM   8148  C   PRO P 220      -4.304 -10.446  70.009  1.00 67.70      D000 C
ATOM   8149  O   PRO P 220      -3.608 -11.402  69.652  1.00 66.31      D000 O
ATOM   8150  CB  PRO P 220      -3.967  -8.274  68.792  1.00 64.94      D000 C
ATOM   8151  CG  PRO P 220      -2.674  -8.444  68.009  1.00 60.23      D000 C
ATOM   8152  CD  PRO P 220      -1.625  -9.035  68.933  1.00 70.78      D000 C
ATOM   8153  N   TRP P 221      -5.595 -10.568  70.309  1.00 58.78      D000 N
ATOM   8154  CA  TRP P 221      -6.244 -11.868  70.228  1.00 52.55      D000 C
ATOM   8155  C   TRP P 221      -6.415 -12.290  68.778  1.00 51.19      D000 C
ATOM   8156  O   TRP P 221      -6.795 -11.486  67.920  1.00 53.28      D000 O
ATOM   8157  CB  TRP P 221      -7.601 -11.831  70.940  1.00 52.62      D000 C
ATOM   8158  CG  TRP P 221      -7.438 -11.729  72.425  1.00 50.70      D000 C
```

```
ATOM   8159  CD1 TRP P 221      -7.477 -10.597  73.179  1.00 52.92      D000 C
ATOM   8160  CD2 TRP P 221      -7.164 -12.807  73.332  1.00 48.63      D000 C
ATOM   8161  NE1 TRP P 221      -7.256 -10.901  74.505  1.00 54.57      D000 N
ATOM   8162  CE2 TRP P 221      -7.058 -12.251  74.624  1.00 49.93      D000 C
ATOM   8163  CE3 TRP P 221      -7.001 -14.189  73.177  1.00 46.93      D000 C
ATOM   8164  CZ2 TRP P 221      -6.796 -13.029  75.757  1.00 50.65      D000 C
ATOM   8165  CZ3 TRP P 221      -6.739 -14.960  74.303  1.00 46.92      D000 C
ATOM   8166  CH2 TRP P 221      -6.643 -14.377  75.575  1.00 48.14      D000 C
ATOM   8167  N   LYS P 222      -6.132 -13.568  68.513  1.00 50.38      D000 N
ATOM   8168  CA  LYS P 222      -6.213 -14.155  67.178  1.00 52.36      D000 C
ATOM   8169  C   LYS P 222      -6.785 -15.564  67.274  1.00 48.11      D000 C
ATOM   8170  O   LYS P 222      -6.551 -16.277  68.253  1.00 43.41      D000 O
ATOM   8171  CB  LYS P 222      -4.842 -14.247  66.473  1.00 48.15      D000 C
ATOM   8172  CG  LYS P 222      -3.989 -13.006  66.480  1.00 49.51      D000 C
ATOM   8173  CD  LYS P 222      -2.623 -13.343  65.879  1.00 63.49      D000 C
ATOM   8174  CE  LYS P 222      -1.744 -12.107  65.682  1.00 74.29      D000 C
ATOM   8175  NZ  LYS P 222      -0.559 -12.385  64.812  1.00 71.05      D000 N1+
ATOM   8176  N   TRP P 223      -7.518 -15.967  66.239  1.00 46.69      D000 N
ATOM   8177  CA  TRP P 223      -7.966 -17.345  66.081  1.00 40.92      D000 C
ATOM   8178  C   TRP P 223      -6.901 -18.155  65.334  1.00 42.46      D000 C
ATOM   8179  O   TRP P 223      -6.100 -17.605  64.578  1.00 42.65      D000 O
ATOM   8180  CB  TRP P 223      -9.314 -17.398  65.346  1.00 38.25      D000 C
ATOM   8181  CG  TRP P 223     -10.464 -16.803  66.160  1.00 46.60      D000 C
ATOM   8182  CD1 TRP P 223     -10.918 -15.508  66.115  1.00 44.78      D000 C
ATOM   8183  CD2 TRP P 223     -11.284 -17.476  67.141  1.00 41.63      D000 C
ATOM   8184  NE1 TRP P 223     -11.954 -15.337  67.003  1.00 45.05      D000 N
ATOM   8185  CE2 TRP P 223     -12.203 -16.526  67.641  1.00 43.02      D000 C
ATOM   8186  CE3 TRP P 223     -11.328 -18.786  67.644  1.00 40.53      D000 C
ATOM   8187  CZ2 TRP P 223     -13.152 -16.843  68.628  1.00 38.24      D000 C
ATOM   8188  CZ3 TRP P 223     -12.271 -19.097  68.619  1.00 38.15      D000 C
ATOM   8189  CH2 TRP P 223     -13.165 -18.125  69.103  1.00 37.47      D000 C
ATOM   8190  N   VAL P 224      -6.863 -19.466  65.601  1.00 41.18      D000 N
ATOM   8191  CA  VAL P 224      -5.813 -20.316  65.049  1.00 40.27      D000 C
ATOM   8192  C   VAL P 224      -5.952 -20.568  63.553  1.00 43.70      D000 C
ATOM   8193  O   VAL P 224      -4.977 -20.993  62.918  1.00 45.37      D000 O
ATOM   8194  CB  VAL P 224      -5.738 -21.679  65.760  1.00 35.45      D000 C
ATOM   8195  CG1 VAL P 224      -5.402 -21.490  67.200  1.00 39.13      D000 C
ATOM   8196  CG2 VAL P 224      -7.025 -22.441  65.581  1.00 35.78      D000 C
ATOM   8197  N   ASP P 225      -7.132 -20.379  62.966  1.00 45.80      D000 N
ATOM   8198  CA  ASP P 225      -7.297 -20.628  61.535  1.00 47.35      D000 C
ATOM   8199  C   ASP P 225      -7.260 -19.343  60.721  1.00 44.18      D000 C
ATOM   8200  O   ASP P 225      -7.418 -19.380  59.496  1.00 41.75      D000 O
ATOM   8201  CB  ASP P 225      -8.590 -21.431  61.261  1.00 42.90      D000 C
ATOM   8202  CG  ASP P 225      -9.864 -20.593  61.367  1.00 45.62      D000 C
ATOM   8203  OD1 ASP P 225      -9.832 -19.473  61.933  1.00 42.32      D000 O
ATOM   8204  OD2 ASP P 225     -10.912 -21.079  60.878  1.00 49.08      D000 O1-
ATOM   8205  N   GLY P 226      -7.023 -18.215  61.373  1.00 42.84      D000 N
ATOM   8206  CA  GLY P 226      -6.919 -16.957  60.693  1.00 37.63      D000 C
ATOM   8207  C   GLY P 226      -8.168 -16.131  60.725  1.00 40.53      D000 C
ATOM   8208  O   GLY P 226      -8.089 -14.938  60.408  1.00 43.36      D000 O
ATOM   8209  N   THR P 227      -9.315 -16.725  61.089  1.00 42.48      D000 N
ATOM   8210  CA  THR P 227     -10.562 -15.973  61.156  1.00 39.26      D000 C
ATOM   8211  C   THR P 227     -10.348 -14.706  61.974  1.00 43.02      D000 C
ATOM   8212  O   THR P 227      -9.666 -14.722  63.005  1.00 41.15      D000 O
ATOM   8213  CB  THR P 227     -11.684 -16.819  61.760  1.00 38.82      D000 C
ATOM   8214  OG1 THR P 227     -11.803 -18.060  61.044  1.00 45.33      D000 O
ATOM   8215  CG2 THR P 227     -13.015 -16.065  61.694  1.00 30.94      D000 C
ATOM   8216  N   ASP P 228     -10.899 -13.600  61.485  1.00 35.97      D000 N
ATOM   8217  CA  ASP P 228     -10.647 -12.323  62.128  1.00 43.82      D000 C
ATOM   8218  C   ASP P 228     -11.342 -12.271  63.487  1.00 45.21      D000 C
ATOM   8219  O   ASP P 228     -12.534 -12.577  63.606  1.00 44.16      D000 O
ATOM   8220  CB  ASP P 228     -11.127 -11.167  61.243  1.00 38.78      D000 C
ATOM   8221  CG  ASP P 228     -10.940  -9.817  61.909  1.00 49.28      D000 C
ATOM   8222  OD1 ASP P 228      -9.775  -9.419  62.162  1.00 54.97      D000 O
ATOM   8223  OD2 ASP P 228     -11.958  -9.175  62.242  1.00 50.80      D000 O1-
ATOM   8224  N   TYR P 229     -10.601 -11.828  64.501  1.00 48.02      D000 N
ATOM   8225  CA  TYR P 229     -11.132 -11.730  65.857  1.00 49.96      D000 C
ATOM   8226  C   TYR P 229     -11.979 -10.481  66.041  1.00 49.04      D000 C
ATOM   8227  O   TYR P 229     -13.064 -10.540  66.628  1.00 53.87      D000 O
ATOM   8228  CB  TYR P 229      -9.995 -11.743  66.883  1.00 44.05      D000 C
ATOM   8229  CG  TYR P 229     -10.439 -11.358  68.269  1.00 45.49      D000 C
```

```
ATOM   8230  CD2 TYR P 229     -10.286 -10.061  68.725  1.00 53.43      D000 C
ATOM   8231  CD1 TYR P 229     -10.994 -12.296  69.132  1.00 44.65      D000 C
ATOM   8232  CE2 TYR P 229     -10.684  -9.695  69.997  1.00 56.58      D000 C
ATOM   8233  CE1 TYR P 229     -11.403 -11.944  70.406  1.00 46.74      D000 C
ATOM   8234  CZ  TYR P 229     -11.243 -10.638  70.838  1.00 52.93      D000 C
ATOM   8235  OH  TYR P 229     -11.634 -10.250  72.104  1.00 43.44      D000 O
ATOM   8236  N   GLU P 230     -11.503  -9.341  65.555  1.00 51.91      D000 N
ATOM   8237  CA  GLU P 230     -12.119  -8.087  65.968  1.00 56.16      D000 C
ATOM   8238  C   GLU P 230     -13.560  -7.995  65.476  1.00 54.64      D000 C
ATOM   8239  O   GLU P 230     -14.468  -7.629  66.236  1.00 52.29      D000 O
ATOM   8240  CB  GLU P 230     -11.292  -6.908  65.456  1.00 50.78      D000 C
ATOM   8241  CG  GLU P 230     -11.547  -5.640  66.240  1.00 59.32      D000 C
ATOM   8242  CD  GLU P 230     -11.610  -5.897  67.751  1.00 65.21      D000 C
ATOM   8243  OE1 GLU P 230     -10.556  -6.220  68.353  1.00 63.19      D000 O
ATOM   8244  OE2 GLU P 230     -12.718  -5.790  68.330  1.00 66.54      D000 O1-
ATOM   8245  N   THR P 231     -13.797  -8.382  64.231  1.00 49.30      D000 N
ATOM   8246  CA  THR P 231     -15.125  -8.335  63.651  1.00 49.06      D000 C
ATOM   8247  C   THR P 231     -15.943  -9.595  63.913  1.00 48.66      D000 C
ATOM   8248  O   THR P 231     -17.084  -9.685  63.450  1.00 46.72      D000 O
ATOM   8249  CB  THR P 231     -14.999  -8.096  62.145  1.00 51.91      D000 C
ATOM   8250  OG1 THR P 231     -14.418  -9.247  61.519  1.00 49.55      D000 O
ATOM   8251  CG2 THR P 231     -14.092  -6.893  61.895  1.00 44.25      D000 C
ATOM   8252  N   GLY P 232     -15.374 -10.596  64.593  1.00 53.28      D000 N
ATOM   8253  CA  GLY P 232     -16.057 -11.861  64.770  1.00 51.71      D000 C
ATOM   8254  C   GLY P 232     -16.832 -11.982  66.082  1.00 49.39      D000 C
ATOM   8255  O   GLY P 232     -16.750 -11.136  66.974  1.00 45.77      D000 O
ATOM   8256  N   PHE P 233     -17.569 -13.087  66.178  1.00 46.98      D000 N
ATOM   8257  CA  PHE P 233     -18.353 -13.412  67.362  1.00 45.41      D000 C
ATOM   8258  C   PHE P 233     -17.477 -13.478  68.610  1.00 43.09      D000 C
ATOM   8259  O   PHE P 233     -16.350 -13.978  68.572  1.00 40.14      D000 O
ATOM   8260  CB  PHE P 233     -19.050 -14.755  67.133  1.00 43.80      D000 C
ATOM   8261  CG  PHE P 233     -19.795 -15.261  68.318  1.00 41.20      D000 C
ATOM   8262  CD1 PHE P 233     -21.056 -14.778  68.620  1.00 42.87      D000 C
ATOM   8263  CD2 PHE P 233     -19.235 -16.234  69.130  1.00 41.22      D000 C
ATOM   8264  CE1 PHE P 233     -21.746 -15.250  69.718  1.00 43.07      D000 C
ATOM   8265  CE2 PHE P 233     -19.917 -16.712  70.232  1.00 42.28      D000 C
ATOM   8266  CZ  PHE P 233     -21.179 -16.221  70.526  1.00 42.72      D000 C
ATOM   8267  N   LYS P 234     -18.005 -12.976  69.728  1.00 42.82      D000 N
ATOM   8268  CA  LYS P 234     -17.292 -12.988  71.000  1.00 37.90      D000 C
ATOM   8269  C   LYS P 234     -18.268 -13.294  72.133  1.00 41.60      D000 C
ATOM   8270  O   LYS P 234     -19.440 -12.901  72.093  1.00 44.48      D000 O
ATOM   8271  CB  LYS P 234     -16.596 -11.656  71.279  1.00 35.56      D000 C
ATOM   8272  CG  LYS P 234     -15.570 -11.240  70.265  1.00 40.67      D000 C
ATOM   8273  CD  LYS P 234     -14.974  -9.900  70.655  1.00 45.48      D000 C
ATOM   8274  CE  LYS P 234     -14.396  -9.152  69.453  1.00 51.18      D000 C
ATOM   8275  NZ  LYS P 234     -15.432  -8.815  68.436  1.00 50.83      D000 N1+
ATOM   8276  N   ASN P 235     -17.770 -13.978  73.161  1.00 41.60      D000 N
ATOM   8277  CA  ASN P 235     -18.619 -14.402  74.273  1.00 37.71      D000 C
ATOM   8278  C   ASN P 235     -17.822 -14.433  75.583  1.00 37.90      D000 C
ATOM   8279  O   ASN P 235     -17.903 -15.379  76.370  1.00 37.72      D000 O
ATOM   8280  CB  ASN P 235     -19.249 -15.757  73.947  1.00 35.17      D000 C
ATOM   8281  CG  ASN P 235     -20.286 -16.187  74.963  1.00 40.71      D000 C
ATOM   8282  OD1 ASN P 235     -20.393 -17.373  75.280  1.00 40.09      D000 O
ATOM   8283  ND2 ASN P 235     -21.034 -15.228  75.504  1.00 41.85      D000 N
ATOM   8284  N   TRP P 236     -17.096 -13.353  75.867  1.00 39.79      D000 N
ATOM   8285  CA  TRP P 236     -16.261 -13.296  77.062  1.00 46.37      D000 C
ATOM   8286  C   TRP P 236     -17.096 -13.235  78.337  1.00 41.70      D000 C
ATOM   8287  O   TRP P 236     -18.198 -12.687  78.359  1.00 49.28      D000 O
ATOM   8288  CB  TRP P 236     -15.335 -12.082  77.009  1.00 45.14      D000 C
ATOM   8289  CG  TRP P 236     -14.278 -12.168  75.954  1.00 47.98      D000 C
ATOM   8290  CD1 TRP P 236     -14.263 -11.524  74.742  1.00 45.52      D000 C
ATOM   8291  CD2 TRP P 236     -13.076 -12.948  76.010  1.00 46.16      D000 C
ATOM   8292  NE1 TRP P 236     -13.122 -11.854  74.047  1.00 47.86      D000 N
ATOM   8293  CE2 TRP P 236     -12.377 -12.728  74.800  1.00 48.95      D000 C
ATOM   8294  CE3 TRP P 236     -12.524 -13.813  76.961  1.00 44.69      D000 C
ATOM   8295  CZ2 TRP P 236     -11.155 -13.347  74.517  1.00 41.16      D000 C
ATOM   8296  CZ3 TRP P 236     -11.303 -14.427  76.679  1.00 46.91      D000 C
ATOM   8297  CH2 TRP P 236     -10.630 -14.180  75.469  1.00 44.61      D000 C
ATOM   8298  N   ARG P 237     -16.554 -13.787  79.415  1.00 41.38      D000 N
ATOM   8299  CA  ARG P 237     -17.130 -13.493  80.718  1.00 53.87      D000 C
ATOM   8300  C   ARG P 237     -16.928 -12.007  80.992  1.00 61.28      D000 C
```

```
ATOM   8301  O   ARG P 237     -15.886 -11.452  80.630  1.00 66.27      D000 O
ATOM   8302  CB  ARG P 237     -16.478 -14.322  81.833  1.00 53.42      D000 C
ATOM   8303  CG  ARG P 237     -16.800 -15.823  81.816  1.00 47.57      D000 C
ATOM   8304  CD  ARG P 237     -18.062 -16.175  82.614  1.00 51.09      D000 C
ATOM   8305  NE  ARG P 237     -17.828 -16.314  84.057  1.00 58.37      D000 N
ATOM   8306  CZ  ARG P 237     -17.838 -17.466  84.735  1.00 56.45      D000 C
ATOM   8307  NH1 ARG P 237     -18.083 -18.621  84.123  1.00 48.82      D000 N1+
ATOM   8308  NH2 ARG P 237     -17.612 -17.462  86.046  1.00 63.83      D000 N
ATOM   8309  N   PRO P 238     -17.893 -11.331  81.605  1.00 62.76      D000 N
ATOM   8310  CA  PRO P 238     -17.707  -9.908  81.907  1.00 69.38      D000 C
ATOM   8311  C   PRO P 238     -16.409  -9.654  82.665  1.00 74.57      D000 C
ATOM   8312  O   PRO P 238     -16.040 -10.408  83.571  1.00 71.66      D000 O
ATOM   8313  CB  PRO P 238     -18.942  -9.573  82.746  1.00 64.98      D000 C
ATOM   8314  CG  PRO P 238     -19.987 -10.474  82.171  1.00 64.63      D000 C
ATOM   8315  CD  PRO P 238     -19.285 -11.760  81.814  1.00 57.83      D000 C
ATOM   8316  N   GLU P 239     -15.705  -8.593  82.248  1.00 76.88      D000 N
ATOM   8317  CA  GLU P 239     -14.381  -8.126  82.688  1.00 83.12      D000 C
ATOM   8318  C   GLU P 239     -13.208  -8.804  81.960  1.00 80.80      D000 C
ATOM   8319  O   GLU P 239     -12.049  -8.510  82.297  1.00 84.63      D000 O
ATOM   8320  CB  GLU P 239     -14.170  -8.253  84.207  1.00 83.81      D000 C
ATOM   8321  CG  GLU P 239     -14.580  -6.991  84.959  1.00 91.55      D000 C
ATOM   8322  CD  GLU P 239     -13.794  -6.763  86.239  1.00 97.32      D000 C
ATOM   8323  OE1 GLU P 239     -14.226  -7.250  87.308  1.00 93.15      D000 O
ATOM   8324  OE2 GLU P 239     -12.745  -6.086  86.172  1.00 96.55      D000 O1-
ATOM   8325  N   GLN P 240     -13.452  -9.674  80.980  1.00 74.55      D000 N
ATOM   8326  CA  GLN P 240     -12.388 -10.436  80.304  1.00 70.87      D000 C
ATOM   8327  C   GLN P 240     -12.327 -10.058  78.811  1.00 70.85      D000 C
ATOM   8328  O   GLN P 240     -13.346  -9.637  78.253  1.00 75.89      D000 O
ATOM   8329  CB  GLN P 240     -12.619 -11.949  80.462  1.00 68.58      D000 C
ATOM   8330  CG  GLN P 240     -12.717 -12.433  81.899  1.00 68.41      D000 C
ATOM   8331  CD  GLN P 240     -11.414 -12.251  82.660  1.00 75.96      D000 C
ATOM   8332  OE1 GLN P 240     -10.466 -13.018  82.480  1.00 70.60      D000 O
ATOM   8333  NE2 GLN P 240     -11.359 -11.226  83.518  1.00 77.27      D000 N
ATOM   8334  N   PRO P 241     -11.147 -10.193  78.150  1.00 69.18      D000 N
ATOM   8335  CA  PRO P 241      -9.849 -10.736  78.592  1.00 66.74      D000 C
ATOM   8336  C   PRO P 241      -9.056  -9.841  79.559  1.00 73.69      D000 C
ATOM   8337  O   PRO P 241      -9.074  -8.611  79.454  1.00 81.53      D000 O
ATOM   8338  CB  PRO P 241      -9.088 -10.907  77.273  1.00 58.34      D000 C
ATOM   8339  CG  PRO P 241      -9.646  -9.842  76.388  1.00 54.80      D000 C
ATOM   8340  CD  PRO P 241     -11.106  -9.787  76.727  1.00 57.51      D000 C
ATOM   8341  N   GLU P 253      -1.712 -15.376  81.188  1.00 57.88      D000 N
ATOM   8342  CA  GLU P 253      -3.063 -15.516  80.648  1.00 58.93      D000 C
ATOM   8343  C   GLU P 253      -3.184 -15.191  79.148  1.00 57.34      D000 C
ATOM   8344  O   GLU P 253      -3.809 -14.204  78.771  1.00 60.57      D000 O
ATOM   8345  CB  GLU P 253      -4.028 -14.606  81.410  1.00 67.05      D000 C
ATOM   8346  CG  GLU P 253      -4.239 -14.925  82.886  1.00 65.01      D000 C
ATOM   8347  CD  GLU P 253      -4.871 -13.746  83.619  1.00 78.11      D000 C
ATOM   8348  OE1 GLU P 253      -6.039 -13.406  83.290  1.00 74.19      D000 O
ATOM   8349  OE2 GLU P 253      -4.210 -13.174  84.525  1.00 80.72      D000 O1-
ATOM   8350  N   ASP P 254      -2.582 -16.015  78.297  1.00 59.04      D000 N
ATOM   8351  CA  ASP P 254      -2.582 -15.774  76.863  1.00 57.72      D000 C
ATOM   8352  C   ASP P 254      -3.509 -16.705  76.087  1.00 51.09      D000 C
ATOM   8353  O   ASP P 254      -3.528 -16.640  74.857  1.00 48.82      D000 O
ATOM   8354  CB  ASP P 254      -1.159 -15.911  76.296  1.00 61.92      D000 C
ATOM   8355  CG  ASP P 254      -0.161 -14.973  76.935  1.00 62.66      D000 C
ATOM   8356  OD1 ASP P 254      -0.567 -13.960  77.547  1.00 61.96      D000 O
ATOM   8357  OD2 ASP P 254       1.048 -15.281  76.834  1.00 65.49      D000 O1-
ATOM   8358  N   CYS P 255      -4.265 -17.574  76.753  1.00 47.05      D000 N
ATOM   8359  CA  CYS P 255      -5.063 -18.571  76.051  1.00 41.26      D000 C
ATOM   8360  C   CYS P 255      -6.488 -18.590  76.580  1.00 38.11      D000 C
ATOM   8361  O   CYS P 255      -6.716 -18.454  77.783  1.00 39.54      D000 O
ATOM   8362  CB  CYS P 255      -4.450 -19.956  76.186  1.00 44.58      D000 C
ATOM   8363  SG  CYS P 255      -2.846 -20.164  75.353  1.00 52.24      D000 S
ATOM   8364  N   ALA P 256      -7.440 -18.776  75.674  1.00 36.50      D000 N
ATOM   8365  CA  ALA P 256      -8.857 -18.645  75.980  1.00 35.39      D000 C
ATOM   8366  C   ALA P 256      -9.527 -20.010  76.077  1.00 31.26      D000 C
ATOM   8367  O   ALA P 256      -9.240 -20.914  75.281  1.00 30.62      D000 O
ATOM   8368  CB  ALA P 256      -9.555 -17.793  74.921  1.00 38.76      D000 C
ATOM   8369  N   HIS P 257     -10.412 -20.157  77.066  1.00 30.17      D000 N
ATOM   8370  CA  HIS P 257     -11.139 -21.406  77.272  1.00 32.66      D000 C
ATOM   8371  C   HIS P 257     -12.600 -21.131  77.611  1.00 33.59      D000 C
```

```
ATOM   8372  O   HIS P 257     -12.962 -20.057  78.108  1.00 31.39      D000 O
ATOM   8373  CB  HIS P 257     -10.517 -22.263  78.384  1.00 28.03      D000 C
ATOM   8374  CG  HIS P 257     -10.526 -21.604  79.727  1.00 34.24      D000 C
ATOM   8375  ND1 HIS P 257     -11.562 -21.751  80.621  1.00 34.37      D000 N
ATOM   8376  CD2 HIS P 257      -9.620 -20.802  80.335  1.00 38.40      D000 C
ATOM   8377  CE1 HIS P 257     -11.298 -21.068  81.718  1.00 34.64      D000 C
ATOM   8378  NE2 HIS P 257     -10.128 -20.479  81.569  1.00 37.12      D000 N
ATOM   8379  N   PHE P 258     -13.444 -22.124  77.309  1.00 33.23      D000 N
ATOM   8380  CA  PHE P 258     -14.808 -22.141  77.823  1.00 32.25      D000 C
ATOM   8381  C   PHE P 258     -14.773 -22.392  79.319  1.00 32.26      D000 C
ATOM   8382  O   PHE P 258     -13.956 -23.171  79.811  1.00 29.18      D000 O
ATOM   8383  CB  PHE P 258     -15.652 -23.232  77.153  1.00 30.58      D000 C
ATOM   8384  CG  PHE P 258     -15.651 -23.174  75.659  1.00 27.36      D000 C
ATOM   8385  CD1 PHE P 258     -16.550 -22.394  74.987  1.00 28.97      D000 C
ATOM   8386  CD2 PHE P 258     -14.738 -23.912  74.931  1.00 28.24      D000 C
ATOM   8387  CE1 PHE P 258     -16.541 -22.343  73.614  1.00 34.71      D000 C
ATOM   8388  CE2 PHE P 258     -14.723 -23.869  73.566  1.00 30.59      D000 C
ATOM   8389  CZ  PHE P 258     -15.623 -23.079  72.902  1.00 33.75      D000 C
ATOM   8390  N   THR P 259     -15.684 -21.742  80.033  1.00 36.07      D000 N
ATOM   8391  CA  THR P 259     -15.852 -21.887  81.471  1.00 37.54      D000 C
ATOM   8392  C   THR P 259     -17.106 -22.709  81.741  1.00 38.73      D000 C
ATOM   8393  O   THR P 259     -17.882 -23.018  80.828  1.00 40.70      D000 O
ATOM   8394  CB  THR P 259     -15.949 -20.510  82.148  1.00 41.98      D000 C
ATOM   8395  OG1 THR P 259     -17.200 -19.888  81.813  1.00 41.80      D000 O
ATOM   8396  CG2 THR P 259     -14.799 -19.598  81.696  1.00 30.57      D000 C
ATOM   8397  N   ASP P 260     -17.342 -23.006  83.020  1.00 37.73      D000 N
ATOM   8398  CA  ASP P 260     -18.446 -23.894  83.380  1.00 37.79      D000 C
ATOM   8399  C   ASP P 260     -19.814 -23.404  82.896  1.00 38.90      D000 C
ATOM   8400  O   ASP P 260     -20.758 -24.201  82.869  1.00 41.70      D000 O
ATOM   8401  CB  ASP P 260     -18.483 -24.128  84.901  1.00 35.64      D000 C
ATOM   8402  CG  ASP P 260     -18.619 -22.834  85.712  1.00 42.82      D000 C
ATOM   8403  OD1 ASP P 260     -18.241 -21.740  85.225  1.00 48.13      D000 O
ATOM   8404  OD2 ASP P 260     -19.161 -22.907  86.836  1.00 44.48      D000 O1-
ATOM   8405  N   ASP P 261     -19.955 -22.136  82.499  1.00 41.54      D000 N
ATOM   8406  CA  ASP P 261     -21.226 -21.648  81.973  1.00 42.82      D000 C
ATOM   8407  C   ASP P 261     -21.155 -21.336  80.487  1.00 41.84      D000 C
ATOM   8408  O   ASP P 261     -22.099 -20.769  79.939  1.00 43.69      D000 O
ATOM   8409  CB  ASP P 261     -21.727 -20.412  82.738  1.00 43.58      D000 C
ATOM   8410  CG  ASP P 261     -20.950 -19.119  82.416  1.00 49.58      D000 C
ATOM   8411  OD1 ASP P 261     -19.993 -19.120  81.605  1.00 52.04      D000 O
ATOM   8412  OD2 ASP P 261     -21.333 -18.065  82.974  1.00 48.73      D000 O1-
ATOM   8413  N   GLY P 262     -20.046 -21.659  79.826  1.00 41.79      D000 N
ATOM   8414  CA  GLY P 262     -19.923 -21.469  78.406  1.00 35.80      D000 C
ATOM   8415  C   GLY P 262     -19.239 -20.181  78.005  1.00 34.51      D000 C
ATOM   8416  O   GLY P 262     -18.649 -20.125  76.926  1.00 35.57      D000 O
ATOM   8417  N   ARG P 263     -19.315 -19.141  78.829  1.00 35.18      D000 N
ATOM   8418  CA  ARG P 263     -18.644 -17.901  78.475  1.00 39.45      D000 C
ATOM   8419  C   ARG P 263     -17.120 -18.052  78.581  1.00 36.67      D000 C
ATOM   8420  O   ARG P 263     -16.588 -18.949  79.235  1.00 34.59      D000 O
ATOM   8421  CB  ARG P 263     -19.177 -16.755  79.332  1.00 39.46      D000 C
ATOM   8422  CG  ARG P 263     -20.633 -16.427  79.008  1.00 41.29      D000 C
ATOM   8423  CD  ARG P 263     -21.171 -15.300  79.852  1.00 41.58      D000 C
ATOM   8424  NE  ARG P 263     -21.060 -15.629  81.269  1.00 57.11      D000 N
ATOM   8425  CZ  ARG P 263     -21.316 -14.794  82.274  1.00 54.20      D000 C
ATOM   8426  NH1 ARG P 263     -21.702 -13.543  82.039  1.00 46.67      D000 N1+
ATOM   8427  NH2 ARG P 263     -21.168 -15.216  83.524  1.00 49.65      D000 N
ATOM   8428  N   TRP P 264     -16.414 -17.184  77.879  1.00 39.86      D000 N
ATOM   8429  CA  TRP P 264     -14.984 -17.349  77.652  1.00 38.07      D000 C
ATOM   8430  C   TRP P 264     -14.144 -16.707  78.750  1.00 36.92      D000 C
ATOM   8431  O   TRP P 264     -14.565 -15.769  79.434  1.00 38.51      D000 O
ATOM   8432  CB  TRP P 264     -14.596 -16.743  76.311  1.00 36.59      D000 C
ATOM   8433  CG  TRP P 264     -15.334 -17.316  75.157  1.00 33.59      D000 C
ATOM   8434  CD1 TRP P 264     -16.124 -18.422  75.156  1.00 28.12      D000 C
ATOM   8435  CD2 TRP P 264     -15.343 -16.808  73.823  1.00 37.35      D000 C
ATOM   8436  NE1 TRP P 264     -16.627 -18.635  73.909  1.00 31.66      D000 N
ATOM   8437  CE2 TRP P 264     -16.158 -17.661  73.064  1.00 38.06      D000 C
ATOM   8438  CE3 TRP P 264     -14.736 -15.714  73.194  1.00 34.20      D000 C
ATOM   8439  CZ2 TRP P 264     -16.384 -17.455  71.697  1.00 36.24      D000 C
ATOM   8440  CZ3 TRP P 264     -14.966 -15.510  71.854  1.00 34.62      D000 C
ATOM   8441  CH2 TRP P 264     -15.783 -16.375  71.118  1.00 35.86      D000 C
ATOM   8442  N   ASN P 265     -12.908 -17.179  78.854  1.00 32.60      D000 N
```

```
ATOM   8443  CA  ASN P 265     -11.991 -16.649  79.844  1.00 35.02      D000 C
ATOM   8444  C   ASN P 265     -10.562 -16.955  79.416  1.00 35.40      D000 C
ATOM   8445  O   ASN P 265     -10.303 -17.966  78.762  1.00 34.37      D000 O
ATOM   8446  CB  ASN P 265     -12.302 -17.268  81.206  1.00 41.49      D000 C
ATOM   8447  CG  ASN P 265     -11.391 -16.785  82.295  1.00 45.67      D000 C
ATOM   8448  OD1 ASN P 265     -11.470 -15.634  82.725  1.00 46.99      D000 O
ATOM   8449  ND2 ASN P 265     -10.486 -17.660  82.730  1.00 42.25      D000 N
ATOM   8450  N   ASP P 266      -9.635 -16.081  79.804  1.00 41.02      D000 N
ATOM   8451  CA  ASP P 266      -8.210 -16.284  79.555  1.00 44.53      D000 C
ATOM   8452  C   ASP P 266      -7.533 -16.874  80.790  1.00 44.46      D000 C
ATOM   8453  O   ASP P 266      -7.836 -16.493  81.922  1.00 42.76      D000 O
ATOM   8454  CB  ASP P 266      -7.513 -14.977  79.143  1.00 48.13      D000 C
ATOM   8455  CG  ASP P 266      -7.889 -13.788  80.036  1.00 60.01      D000 C
ATOM   8456  OD1 ASP P 266      -9.096 -13.510  80.179  1.00 60.58      D000 O
ATOM   8457  OD2 ASP P 266      -6.988 -13.158  80.633  1.00 64.47      D000 O1-
ATOM   8458  N   ASP P 267      -6.622 -17.815  80.563  1.00 44.24      D000 N
ATOM   8459  CA  ASP P 267      -5.909 -18.469  81.647  1.00 42.61      D000 C
ATOM   8460  C   ASP P 267      -4.508 -18.821  81.152  1.00 44.14      D000 C
ATOM   8461  O   ASP P 267      -4.233 -18.787  79.952  1.00 41.89      D000 O
ATOM   8462  CB  ASP P 267      -6.688 -19.697  82.122  1.00 38.52      D000 C
ATOM   8463  CG  ASP P 267      -6.223 -20.188  83.464  1.00 45.95      D000 C
ATOM   8464  OD1 ASP P 267      -5.365 -19.510  84.068  1.00 48.74      D000 O
ATOM   8465  OD2 ASP P 267      -6.710 -21.244  83.919  1.00 43.95      D000 O1-
ATOM   8466  N   VAL P 268      -3.612 -19.180  82.076  1.00 47.41      D000 N
ATOM   8467  CA  VAL P 268      -2.258 -19.507  81.643  1.00 46.28      D000 C
ATOM   8468  C   VAL P 268      -2.306 -20.765  80.793  1.00 45.81      D000 C
ATOM   8469  O   VAL P 268      -3.051 -21.717  81.079  1.00 42.24      D000 O
ATOM   8470  CB  VAL P 268      -1.274 -19.643  82.822  1.00 45.28      D000 C
ATOM   8471  CG1 VAL P 268      -1.359 -18.423  83.707  1.00 40.04      D000 C
ATOM   8472  CG2 VAL P 268      -1.489 -20.937  83.609  1.00 40.72      D000 C
ATOM   8473  N   CYS P 269      -1.525 -20.756  79.717  1.00 45.30      D000 N
ATOM   8474  CA  CYS P 269      -1.620 -21.777  78.695  1.00 34.95      D000 C
ATOM   8475  C   CYS P 269      -1.113 -23.121  79.167  1.00 39.62      D000 C
ATOM   8476  O   CYS P 269      -1.267 -24.107  78.438  1.00 44.44      D000 O
ATOM   8477  CB  CYS P 269      -0.849 -21.317  77.456  1.00 47.03      D000 C
ATOM   8478  SG  CYS P 269      -1.435 -19.698  76.766  1.00 60.08      D000 S
ATOM   8479  N   GLN P 270      -0.551 -23.199  80.371  1.00 40.97      D000 N
ATOM   8480  CA  GLN P 270       0.007 -24.461  80.837  1.00 39.29      D000 C
ATOM   8481  C   GLN P 270      -1.038 -25.378  81.448  1.00 33.15      D000 C
ATOM   8482  O   GLN P 270      -0.769 -26.577  81.579  1.00 30.99      D000 O
ATOM   8483  CB  GLN P 270       1.128 -24.207  81.857  1.00 52.36      D000 C
ATOM   8484  CG  GLN P 270       2.531 -23.978  81.256  1.00 68.27      D000 C
ATOM   8485  CD  GLN P 270       3.672 -24.458  82.188  1.00 90.18      D000 C
ATOM   8486  OE1 GLN P 270       3.426 -25.009  83.272  1.00 96.23      D000 O
ATOM   8487  NE2 GLN P 270       4.921 -24.250  81.760  1.00 83.33      D000 N
ATOM   8488  N   ARG P 271      -2.213 -24.847  81.803  1.00 35.97      D000 N
ATOM   8489  CA  ARG P 271      -3.258 -25.641  82.453  1.00 35.38      D000 C
ATOM   8490  C   ARG P 271      -3.614 -26.831  81.577  1.00 34.50      D000 C
ATOM   8491  O   ARG P 271      -3.835 -26.657  80.369  1.00 35.09      D000 O
ATOM   8492  CB  ARG P 271      -4.533 -24.825  82.699  1.00 32.78      D000 C
ATOM   8493  CG  ARG P 271      -4.404 -23.700  83.663  1.00 35.79      D000 C
ATOM   8494  CD  ARG P 271      -4.885 -24.052  85.062  1.00 38.85      D000 C
ATOM   8495  NE  ARG P 271      -4.351 -23.079  86.026  1.00 53.17      D000 N
ATOM   8496  CZ  ARG P 271      -3.487 -23.363  87.009  1.00 57.60      D000 C
ATOM   8497  NH1 ARG P 271      -3.061 -24.616  87.211  1.00 48.15      D000 N1+
ATOM   8498  NH2 ARG P 271      -3.054 -22.387  87.805  1.00 54.98      D000 N
ATOM   8499  N   PRO P 272      -3.709 -27.959  82.102  1.00 34.18      D000 N
ATOM   8500  CA  PRO P 272      -4.104 -29.152  81.304  1.00 30.39      D000 C
ATOM   8501  C   PRO P 272      -5.617 -29.326  81.191  1.00 30.82      D000 C
ATOM   8502  O   PRO P 272      -6.222 -30.227  81.774  1.00 30.88      D000 O
ATOM   8503  CB  PRO P 272      -3.446 -30.296  82.079  1.00 29.98      D000 C
ATOM   8504  CG  PRO P 272      -3.279 -29.776  83.527  1.00 33.19      D000 C
ATOM   8505  CD  PRO P 272      -3.502 -28.269  83.527  1.00 30.33      D000 C
ATOM   8506  N   TYR P 273      -6.260 -28.438  80.435  1.00 29.69      D000 N
ATOM   8507  CA  TYR P 273      -7.685 -28.556  80.183  1.00 26.06      D000 C
ATOM   8508  C   TYR P 273      -7.957 -29.510  79.021  1.00 31.32      D000 C
ATOM   8509  O   TYR P 273      -7.075 -29.834  78.220  1.00 34.09      D000 O
ATOM   8510  CB  TYR P 273      -8.289 -27.199  79.848  1.00 29.36      D000 C
ATOM   8511  CG  TYR P 273      -8.313 -26.189  80.968  1.00 31.45      D000 C
ATOM   8512  CD1 TYR P 273      -8.404 -26.586  82.310  1.00 29.10      D000 C
ATOM   8513  CD2 TYR P 273      -8.243 -24.832  80.685  1.00 26.14      D000 C
```

```
ATOM   8514  CE1 TYR P 273      -8.422 -25.650  83.325  1.00 23.99      D000 C
ATOM   8515  CE2 TYR P 273      -8.275 -23.900  81.688  1.00 30.08      D000 C
ATOM   8516  CZ  TYR P 273      -8.364 -24.312  83.001  1.00 27.73      D000 C
ATOM   8517  OH  TYR P 273      -8.380 -23.357  83.973  1.00 30.77      D000 O
ATOM   8518  N   ARG P 274      -9.208 -29.949  78.931  1.00 28.38      D000 N
ATOM   8519  CA  ARG P 274      -9.699 -30.608  77.733  1.00 26.38      D000 C
ATOM   8520  C   ARG P 274      -9.755 -29.604  76.570  1.00 28.97      D000 C
ATOM   8521  O   ARG P 274      -9.693 -28.383  76.762  1.00 29.05      D000 O
ATOM   8522  CB  ARG P 274     -11.090 -31.183  78.003  1.00 26.93      D000 C
ATOM   8523  CG  ARG P 274     -11.108 -32.298  78.990  1.00 27.16      D000 C
ATOM   8524  CD  ARG P 274     -12.512 -32.728  79.284  1.00 29.23      D000 C
ATOM   8525  NE  ARG P 274     -12.531 -33.815  80.262  1.00 31.79      D000 N
ATOM   8526  CZ  ARG P 274     -13.610 -34.234  80.917  1.00 28.61      D000 C
ATOM   8527  NH1 ARG P 274     -14.801 -33.662  80.721  1.00 27.83      D000 N1+
ATOM   8528  NH2 ARG P 274     -13.495 -35.241  81.767  1.00 30.68      D000 N
ATOM   8529  N   TRP P 275      -9.894 -30.113  75.345  1.00 23.49      D000 N
ATOM   8530  CA  TRP P 275      -9.938 -29.226  74.188  1.00 25.18      D000 C
ATOM   8531  C   TRP P 275     -10.855 -29.837  73.136  1.00 28.35      D000 C
ATOM   8532  O   TRP P 275     -11.240 -31.009  73.214  1.00 27.63      D000 O
ATOM   8533  CB  TRP P 275      -8.524 -28.953  73.614  1.00 26.97      D000 C
ATOM   8534  CG  TRP P 275      -7.949 -30.164  72.960  1.00 26.87      D000 C
ATOM   8535  CD1 TRP P 275      -7.973 -30.473  71.628  1.00 25.57      D000 C
ATOM   8536  CD2 TRP P 275      -7.346 -31.284  73.625  1.00 26.80      D000 C
ATOM   8537  NE1 TRP P 275      -7.403 -31.713  71.419  1.00 26.56      D000 N
ATOM   8538  CE2 TRP P 275      -7.008 -32.230  72.626  1.00 28.11      D000 C
ATOM   8539  CE3 TRP P 275      -7.044 -31.573  74.966  1.00 24.47      D000 C
ATOM   8540  CZ2 TRP P 275      -6.388 -33.439  72.926  1.00 26.32      D000 C
ATOM   8541  CZ3 TRP P 275      -6.439 -32.772  75.265  1.00 25.01      D000 C
ATOM   8542  CH2 TRP P 275      -6.114 -33.692  74.250  1.00 29.39      D000 C
ATOM   8543  N   VAL P 276     -11.186 -29.023  72.135  1.00 27.49      D000 N
ATOM   8544  CA  VAL P 276     -12.064 -29.405  71.039  1.00 29.28      D000 C
ATOM   8545  C   VAL P 276     -11.347 -29.157  69.720  1.00 32.15      D000 C
ATOM   8546  O   VAL P 276     -11.010 -28.009  69.399  1.00 30.70      D000 O
ATOM   8547  CB  VAL P 276     -13.381 -28.615  71.076  1.00 32.24      D000 C
ATOM   8548  CG1 VAL P 276     -14.255 -28.997  69.881  1.00 28.45      D000 C
ATOM   8549  CG2 VAL P 276     -14.099 -28.838  72.418  1.00 27.44      D000 C
ATOM   8550  N   CYS P 277     -11.188 -30.212  68.926  1.00 31.02      D000 N
ATOM   8551  CA  CYS P 277     -10.688 -30.089  67.560  1.00 33.70      D000 C
ATOM   8552  C   CYS P 277     -11.856 -29.883  66.594  1.00 36.60      D000 C
ATOM   8553  O   CYS P 277     -12.924 -30.476  66.769  1.00 35.91      D000 O
ATOM   8554  CB  CYS P 277      -9.893 -31.339  67.158  1.00 33.14      D000 C
ATOM   8555  SG  CYS P 277      -8.261 -31.627  67.947  1.00 35.59      D000 S
ATOM   8556  N   GLU P 278     -11.644 -29.037  65.572  1.00 36.89      D000 N
ATOM   8557  CA  GLU P 278     -12.627 -28.753  64.525  1.00 39.14      D000 C
ATOM   8558  C   GLU P 278     -11.998 -28.940  63.144  1.00 44.48      D000 C
ATOM   8559  O   GLU P 278     -10.812 -28.657  62.944  1.00 39.34      D000 O
ATOM   8560  CB  GLU P 278     -13.201 -27.309  64.639  1.00 33.16      D000 C
ATOM   8561  CG  GLU P 278     -14.353 -26.998  63.675  1.00 36.59      D000 C
ATOM   8562  CD  GLU P 278     -14.820 -25.530  63.719  1.00 44.66      D000 C
ATOM   8563  OE1 GLU P 278     -14.202 -24.714  64.445  1.00 39.06      D000 O
ATOM   8564  OE2 GLU P 278     -15.829 -25.200  63.049  1.00 41.28      D000 O1-
ATOM   8565  N   THR P 279     -12.790 -29.443  62.197  1.00 50.44      D000 N
ATOM   8566  CA  THR P 279     -12.402 -29.459  60.790  1.00 53.12      D000 C
ATOM   8567  C   THR P 279     -13.617 -29.195  59.898  1.00 49.51      D000 C
ATOM   8568  O   THR P 279     -14.703 -29.717  60.154  1.00 53.00      D000 O
ATOM   8569  CB  THR P 279     -11.717 -30.798  60.436  1.00 45.79      D000 C
ATOM   8570  OG1 THR P 279     -11.049 -30.673  59.179  1.00 51.68      D000 O
ATOM   8571  CG2 THR P 279     -12.709 -31.937  60.373  1.00 41.88      D000 C
ATOM   8572  N   GLU P 280     -13.431 -28.398  58.839  1.00 54.11      D000 N
ATOM   8573  CA  GLU P 280     -14.518 -28.026  57.929  1.00 55.44      D000 C
ATOM   8574  C   GLU P 280     -14.664 -29.061  56.808  1.00 60.78      D000 C
ATOM   8575  O   GLU P 280     -13.673 -29.610  56.323  1.00 66.29      D000 O
ATOM   8576  CB  GLU P 280     -14.275 -26.632  57.350  1.00 58.37      D000 C
ATOM   8577  CG  GLU P 280     -14.341 -25.476  58.376  1.00 56.42      D000 C
ATOM   8578  CD  GLU P 280     -13.124 -25.396  59.315  1.00 59.60      D000 C
ATOM   8579  OE1 GLU P 280     -12.166 -26.179  59.134  1.00 63.77      D000 O
ATOM   8580  OE2 GLU P 280     -13.129 -24.553  60.247  1.00 61.91      D000 O1-
ATOM   8581  N   LEU P 281     -15.911 -29.308  56.389  1.00 64.56      D000 N
ATOM   8582  CA  LEU P 281     -16.292 -30.535  55.682  1.00 69.60      D000 C
ATOM   8583  C   LEU P 281     -16.310 -30.448  54.149  1.00 73.85      D000 C
ATOM   8584  O   LEU P 281     -16.945 -31.306  53.521  1.00 77.45      D000 O
```

```
ATOM   8585  CB  LEU P 281     -17.662 -31.015  56.164  1.00 60.03       D000 C
ATOM   8586  CG  LEU P 281     -17.690 -32.374  56.863  1.00 56.08       D000 C
ATOM   8587  CD1 LEU P 281     -19.116 -32.776  57.171  1.00 66.41       D000 C
ATOM   8588  CD2 LEU P 281     -17.006 -33.448  56.066  1.00 58.00       D000 C
ATOM   8589  N   ASP P 282     -15.668 -29.445  53.538  1.00 74.94       D000 N
ATOM   8590  CA  ASP P 282     -15.590 -29.289  52.056  1.00 74.61       D000 C
ATOM   8591  C   ASP P 282     -16.879 -28.715  51.457  1.00 69.05       D000 C
ATOM   8592  O   ASP P 282     -17.285 -27.589  51.750  1.00 68.03       D000 O
ATOM   8593  CB  ASP P 282     -15.291 -30.618  51.327  1.00 75.72       D000 C
ATOM   8594  CG  ASP P 282     -13.973 -31.262  51.748  1.00 83.45       D000 C
ATOM   8595  OD2 ASP P 282     -14.017 -32.153  52.639  1.00 81.11       D000 O
ATOM   8596  OD1 ASP P 282     -12.912 -30.910  51.169  1.00 76.47       D000 O1-
TER
HETATM 8597 CA    CA E   1     -46.046 -40.018  63.255  1.00 40.77          Ca
HETATM 8598 CA    CA E   2     -15.968 -22.911  63.354  1.00 43.19          Ca
TER
```

【０７４７】

【表４６】

表15:抗体定常領域

指定	SEQ ID NO:	CLドメインアミノ酸配列
CL-1	32681	GQPKANPTVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
CL-2	32682	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
CL-2.1	32683	QPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
CL-3	32684	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHKSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
CL-7	32685	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLVSDFYPGAVTVAWKADGSPVKVGVETTKPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCRVTHEGSTVEKTVAPAECS
ヒトカッパv1	32686	TVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
ヒトカッパv2	32687	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

表15：抗体定常領域

Igアイソタイプ	SEQ ID NO:	重鎖定常領域アミノ酸配列
ヒト IgG1z	32688	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEP KSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWL NGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVS LTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
ヒト IgG1za	32689	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEP KSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWL NGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
ヒト IgG1f	32690	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEP KSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWL NGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVS LTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
ヒト IgG1fa	32691	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEP KSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWL NGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
ヒト IgG2	32692	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSNFGTQTYTCNVDHKPSNTKVDKTVER KCCVECPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDP EVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTFRVVSVLTVVHQDWLNGKE YKCKVSNKGLPAPIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRW QQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Igアイソタイプ	SEQ ID NO:	重鎖定常領域アミノ酸配列
ヒト　IgG4	32693	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVES KYGPPCPSCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQED PEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGK EYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCL VKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRW QEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGK
ヒト IgG1-SEFL2	32694	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEP KSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWL NGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVS LTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

【０７４８】

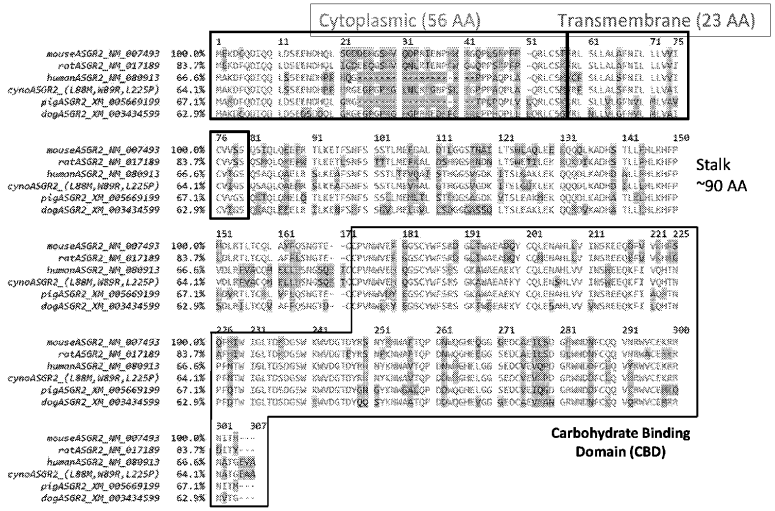
本明細書に引用される各々の参考文献は、これらが教示する全てについて、全ての目的のためにその全体を参照により本明細書に組み込む。

【０７４９】

本発明は本明細書に記載されている特定の実施形態による範囲に限定されず、これらは本発明の個々の実施形態の単一の例示と意図され、機能的に等価の方法および構成要素は、本発明である。実際に、本明細書に示され、記載されているものに加えて、本発明の様々な修飾は前述の記載および添付の図面から当業者に明らかになる。このような修飾は添付の特許請求の範囲内に含まれると意図される。

ASGR2 Full Seq Multiple Sequence Alignment

Figure 2

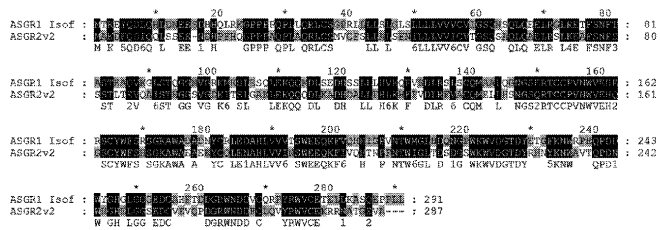


【図２】

3/4125

Human ASGR1 vs Human ASGR2v2 Alignment

Figure 3

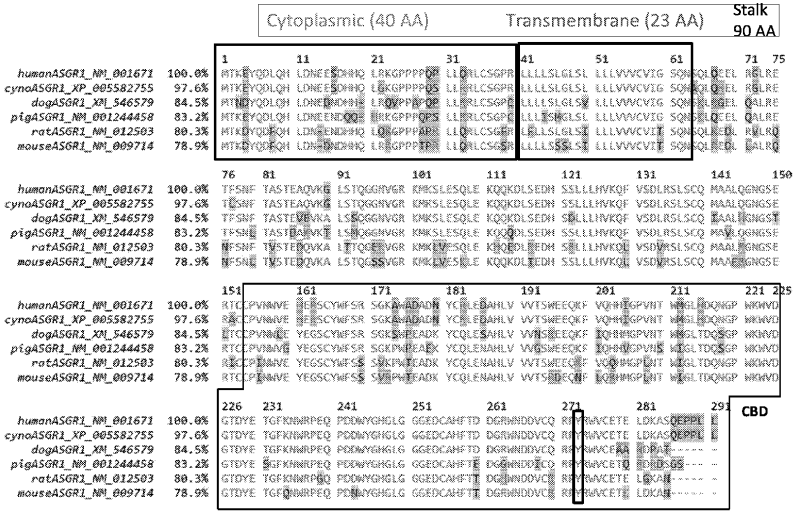


【図３】

4/4125

ASGR1 Full Seq Multiple Sequence Alignment

Figure 1A

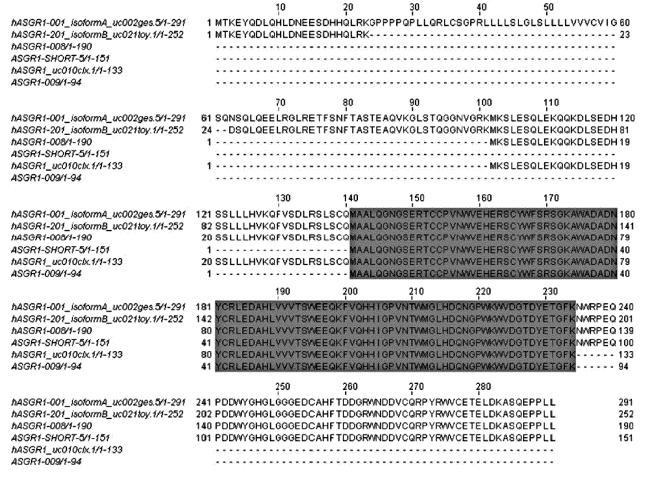


【図１Ａ】

1/4125

ヒトASGR1配列アライメント

Figure 1B



【図１Ｂ】

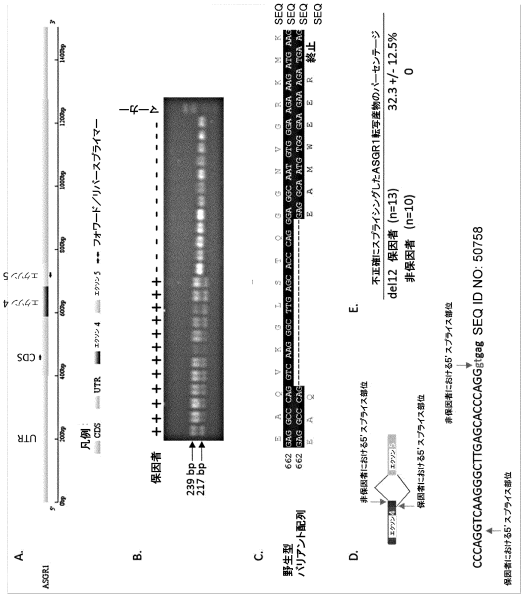
(621)

JP 7628764 B2 2025.2.12

50 40 30 20 10

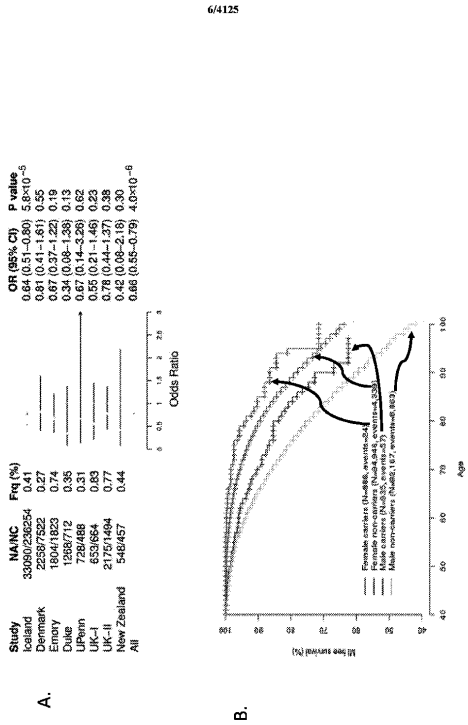
【図４】

Figure 4



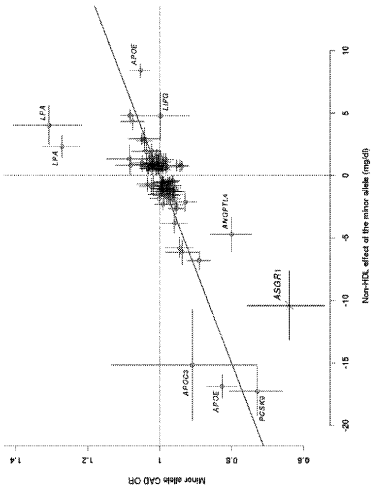
【図５】

Figure 5



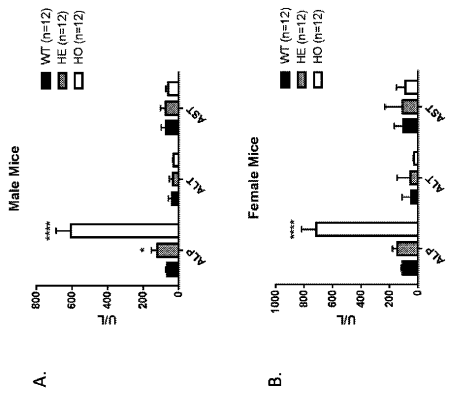
【図６】

Figure 6



【図７】

Figure 7



【図８】

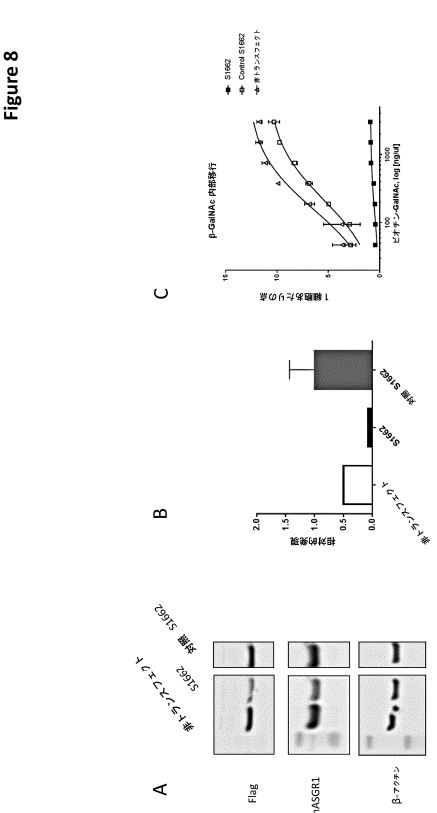
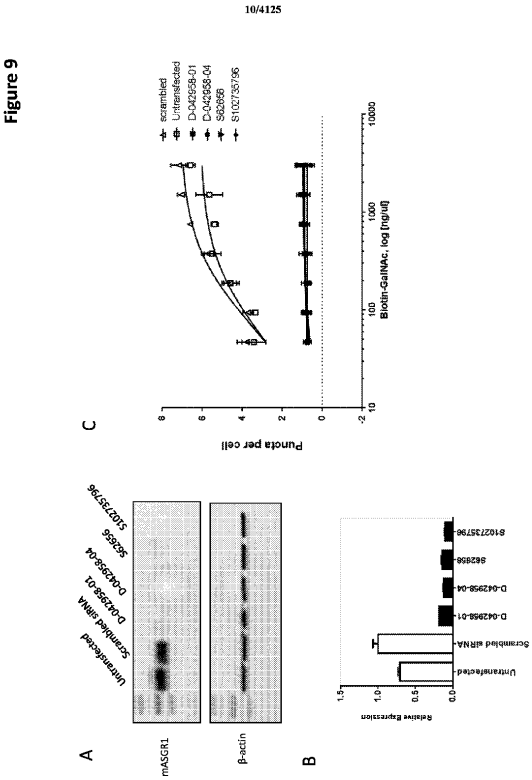


Figure 8
A
Flag
hASGR1
β-アクチン
非トランスフェクト
対照 S1662
S1662
B
相対的発現
C
1 細胞あたりの点
β-GalNAc 内部移行
ビオチン-GalNAc, log [ng/ul]

【図９】


10/4125
Figure 9
A
mASGR1
β-actin
Untransfected
Scrambled siRNA
D-042958-01
D-042958-04
S626S6
S1027357S6
B
Relative Expression
C
Puncta per cell
Biotin-GalNAc, log [ng/ul]
scrambled
Untransfected
D-042958-01
D-042958-04
S62656
S1027357S6

【図１０】

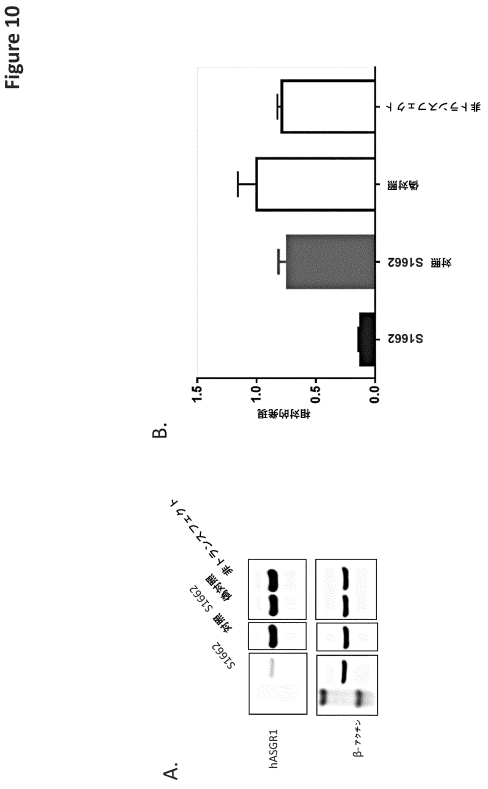
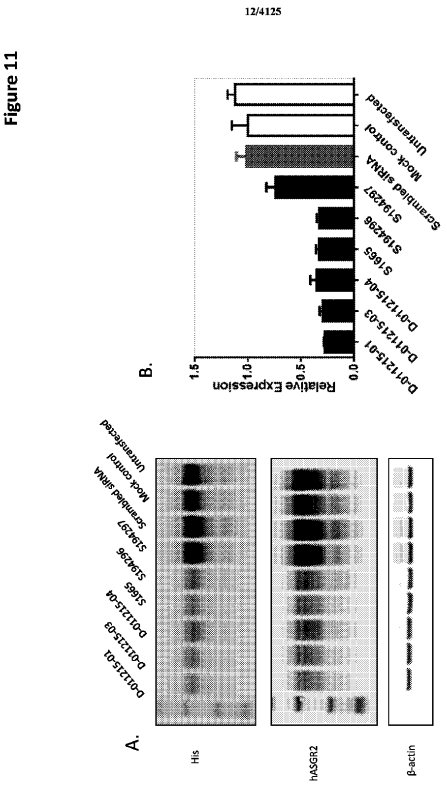
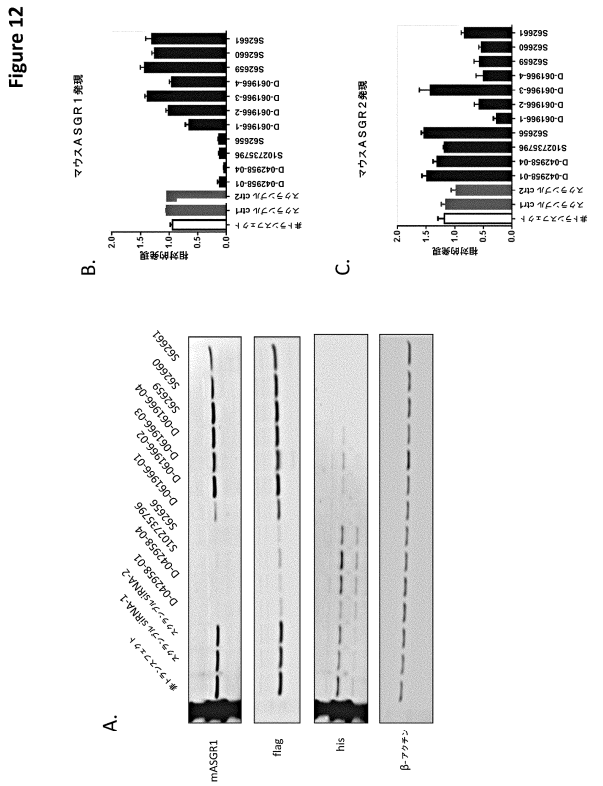


Figure 10
A.
hASGR1
β-アクチン
S1662
対照 S1662
偽対照
非トランスフェクト
B.
相対的発現
S1662
対照 S1662
偽対照
非トランスフェクト

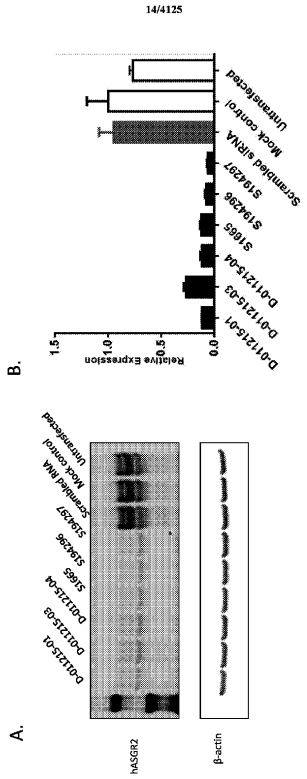
【図１１】


12/4125
Figure 11
A.
His
hASGR2
β-actin
D-011215-01
D-011215-03
D-011215-04
S1665
S1942S6
S1942S7
Scrambled siRNA
Mock control
Untransfected
B.
Relative Expression
D-011215-01
D-011215-03
D-011215-04
S1665
S1942S6
S1942S7
Scrambled siRNA
Mock control
Untransfected

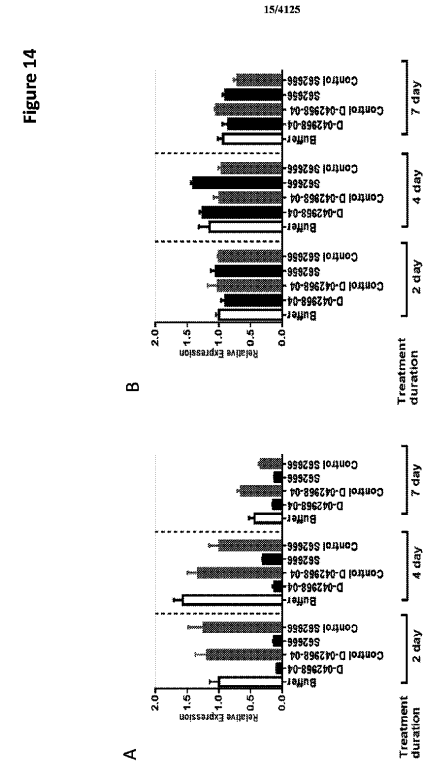
【図１２】



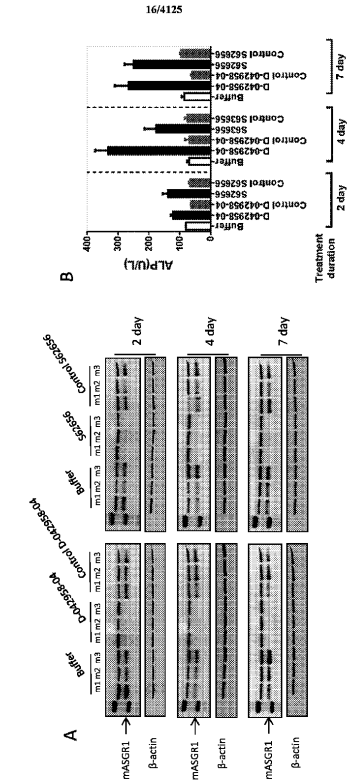
【図１３】



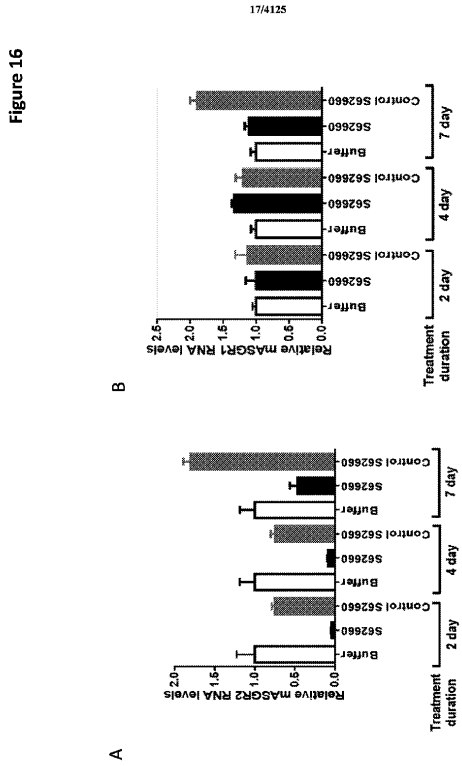
【図１４】



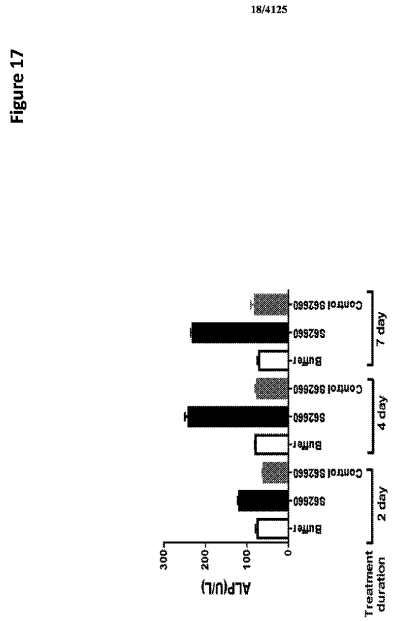
【図１５】



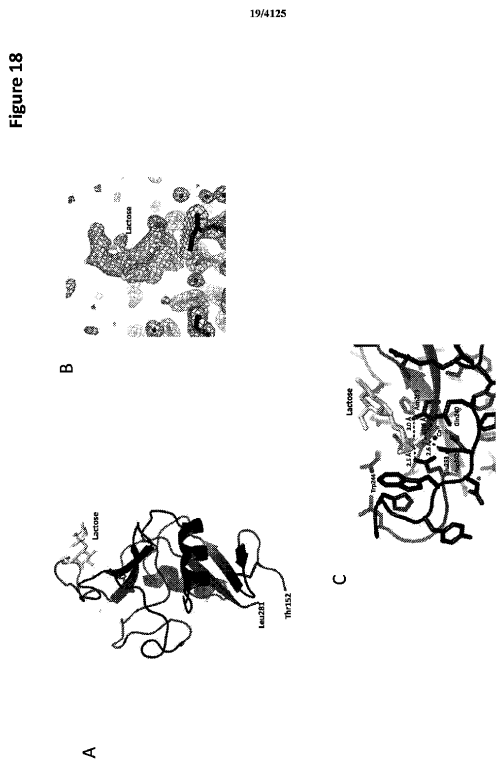
【図１６】



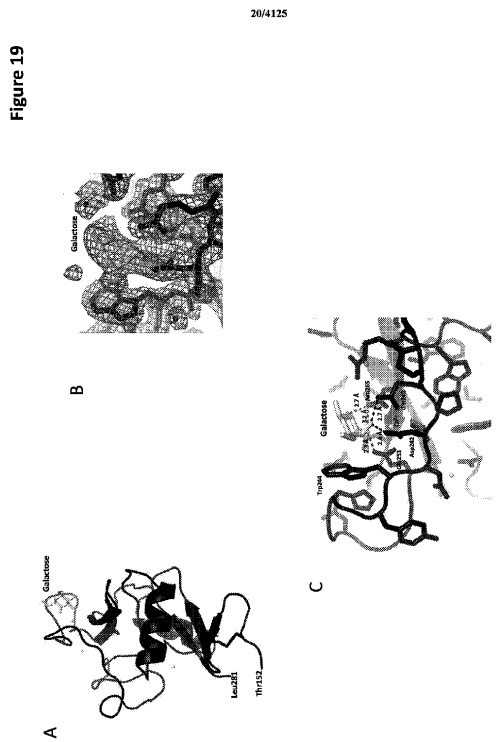
【図１７】



【図１８】



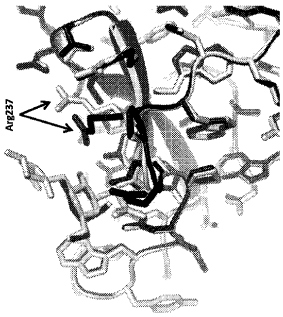
【図１９】



【図２０】

21/4125

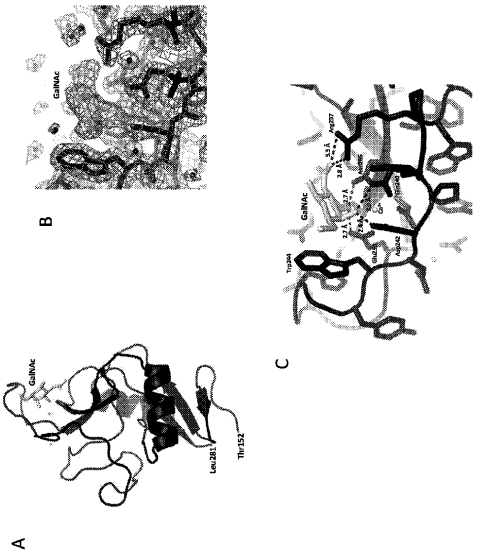
Figure 20



【図２１】

22/4125

Figure 21



【図２２】

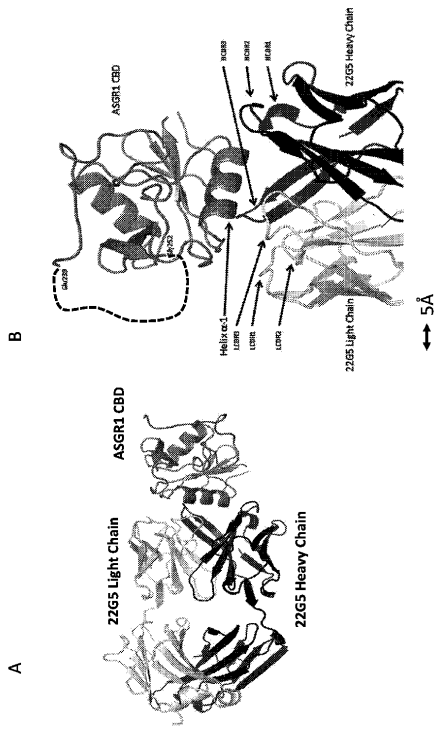
23/4125

Figure 22

【図２３】

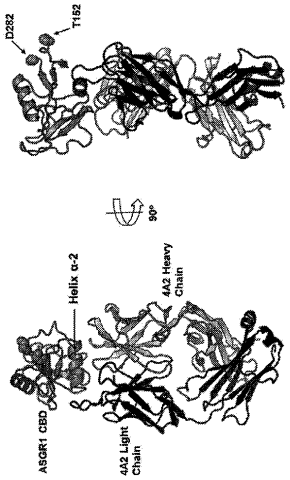
24/4125

Figure 23



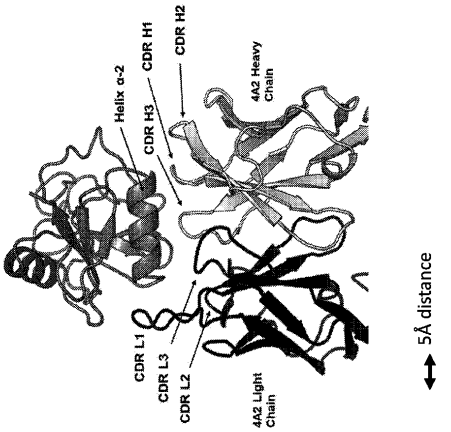
【図２４】

Figure 24



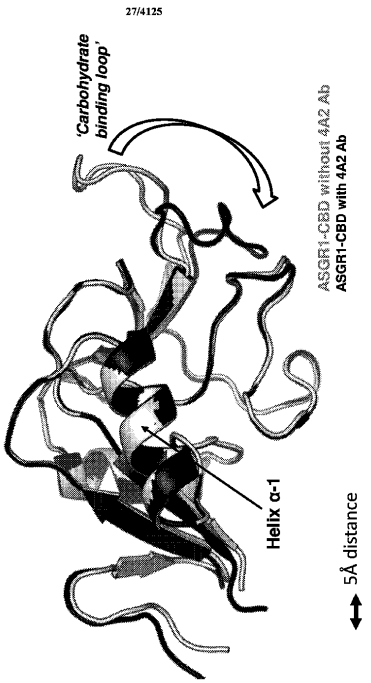
【図２５】

Figure 25



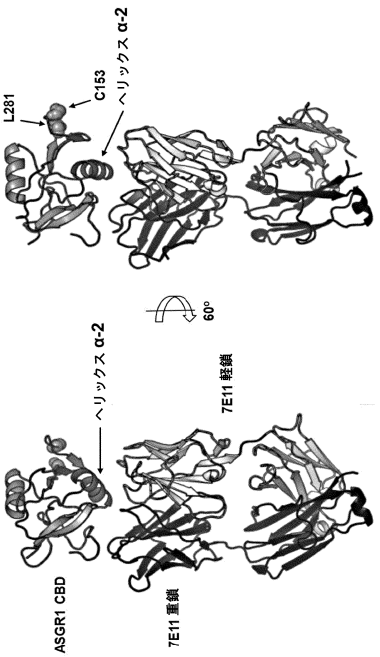
【図２６】

Figure 26



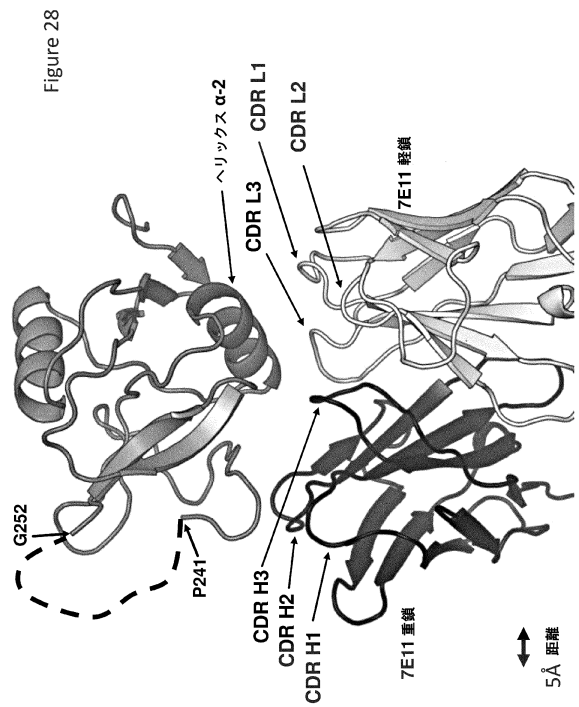
【図２７】

Figure 27



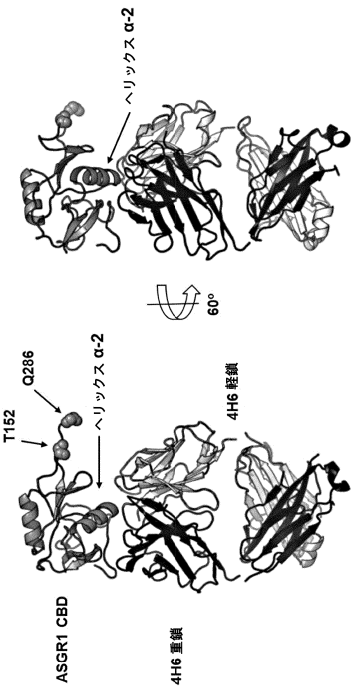
【図２８】

Figure 28



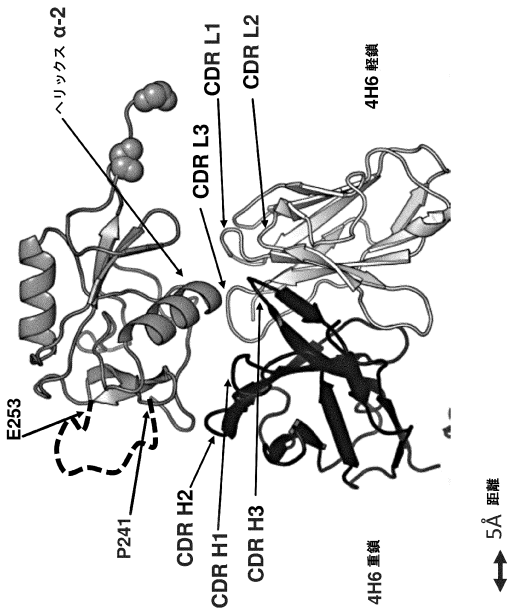
【図２９】

Figure 29



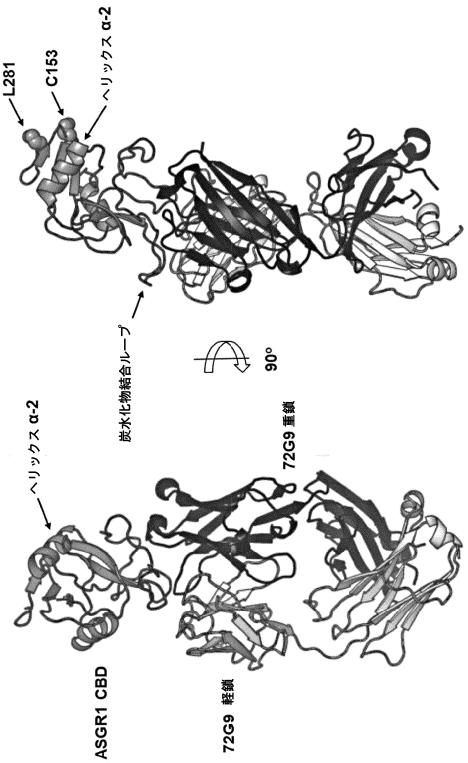
【図３０】

Figure 30

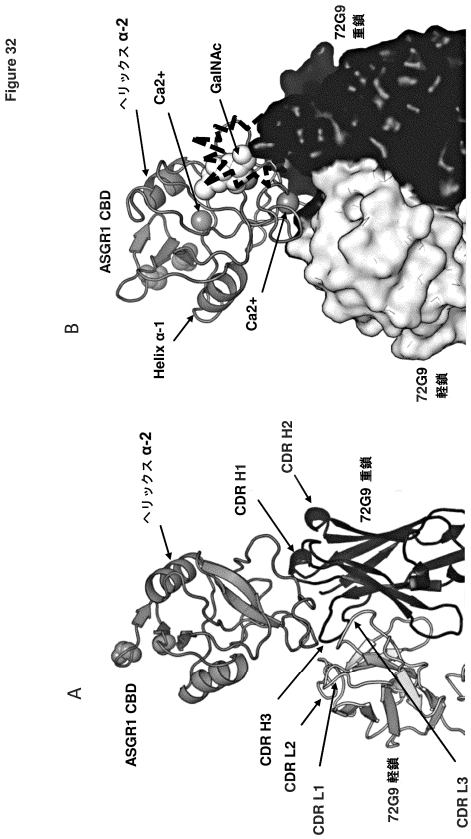


【図３１】

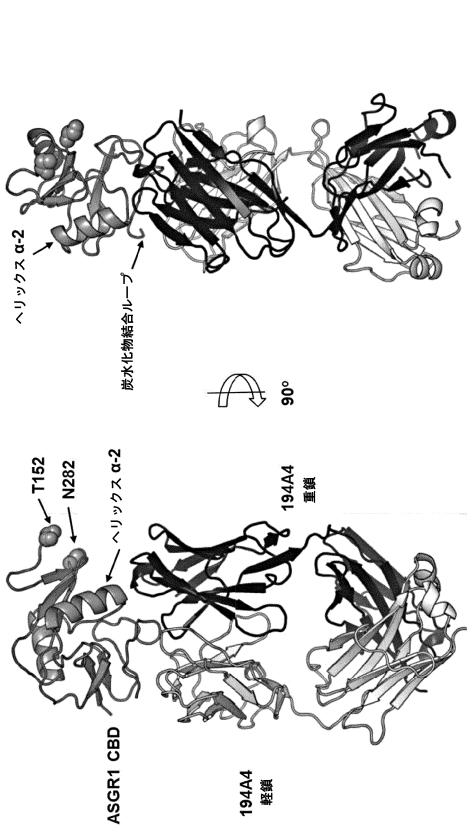
Figure 31



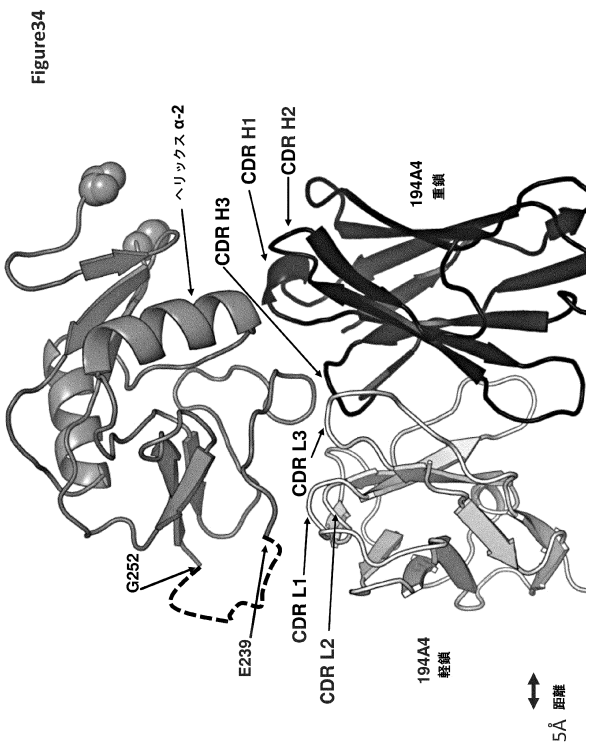
【図３２】



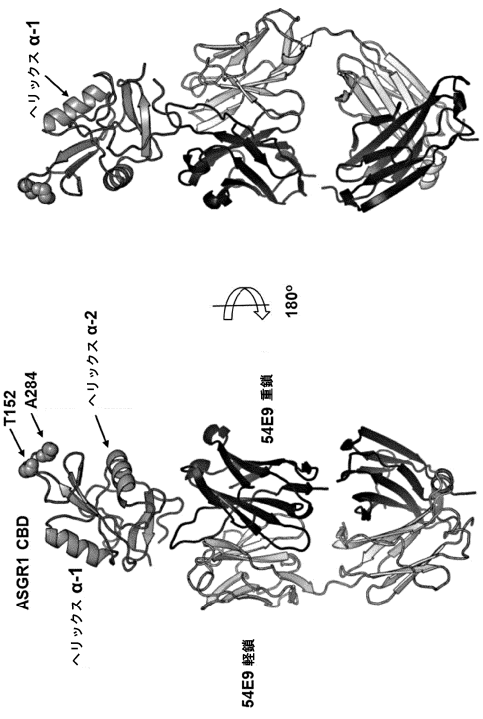
【図３３】



【図３４】

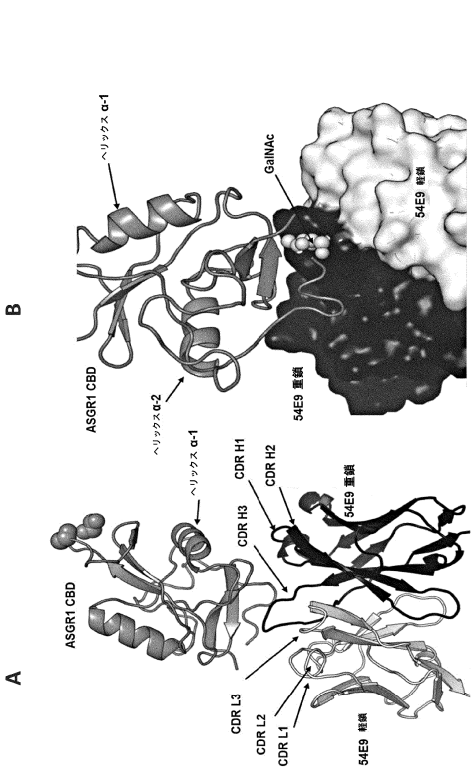


【図３５】



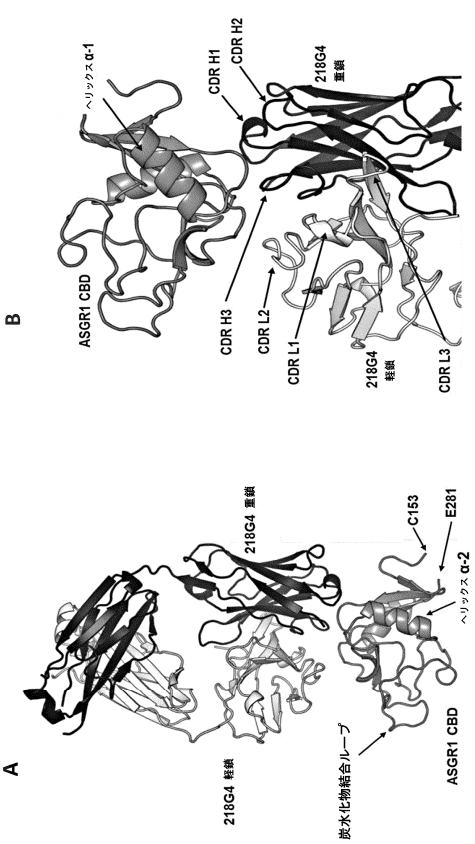
【図３６】

Figure 36



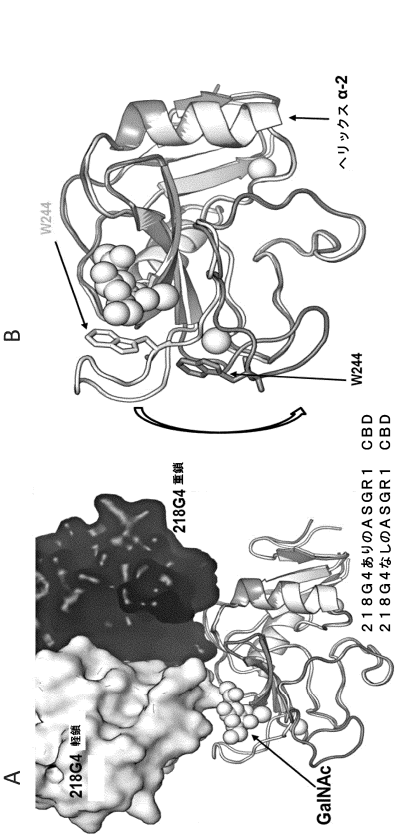
【図３７】

Figure 37



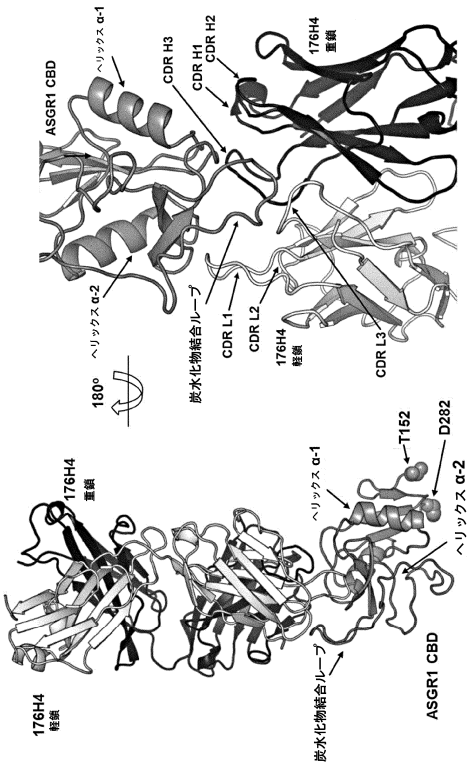
【図３８】

Figure 38



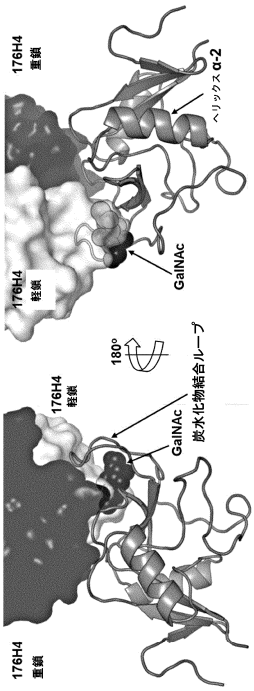
【図３９】

Figure 39



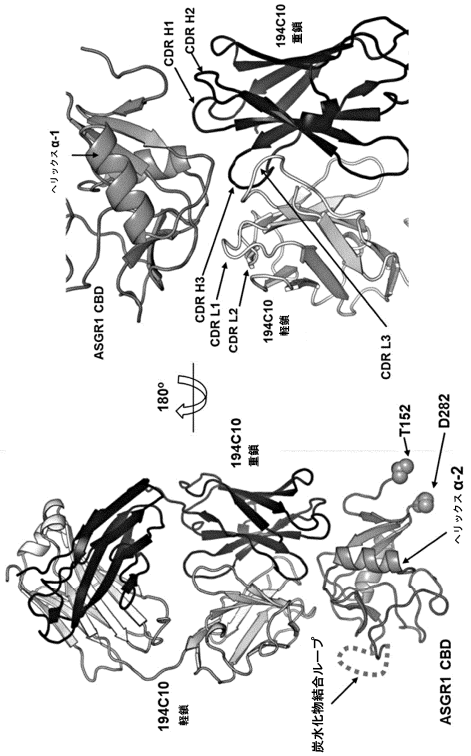
【図４０】

Figure 40



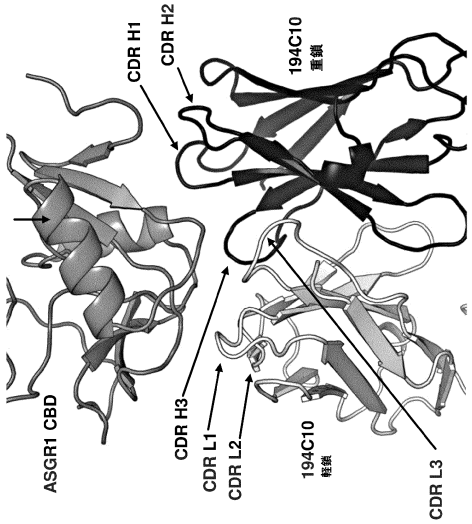
【図４１】

Figure 41



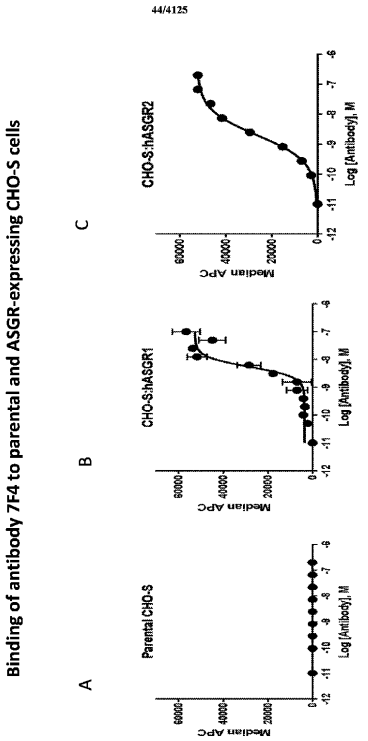
【図４２】

Figure 42

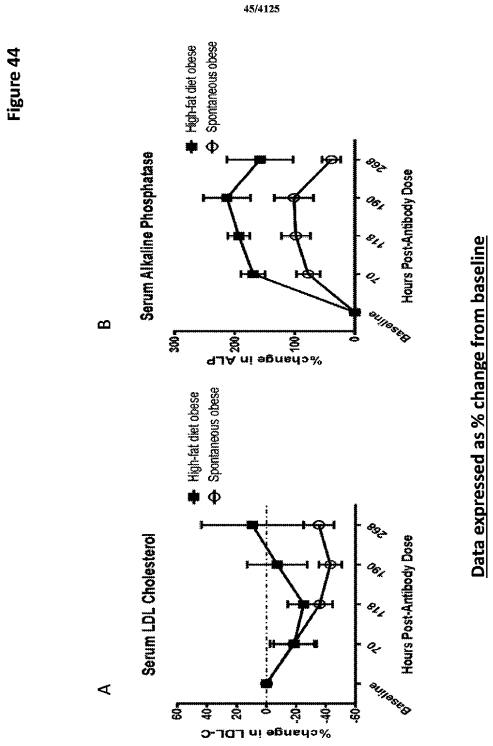


【図４３】

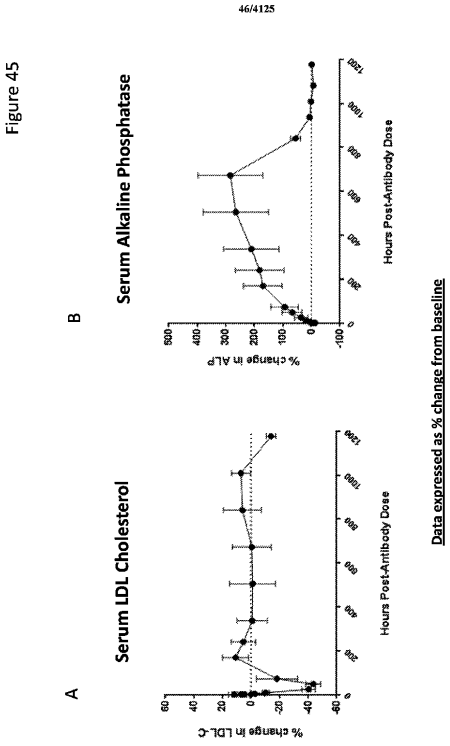
Figure 43



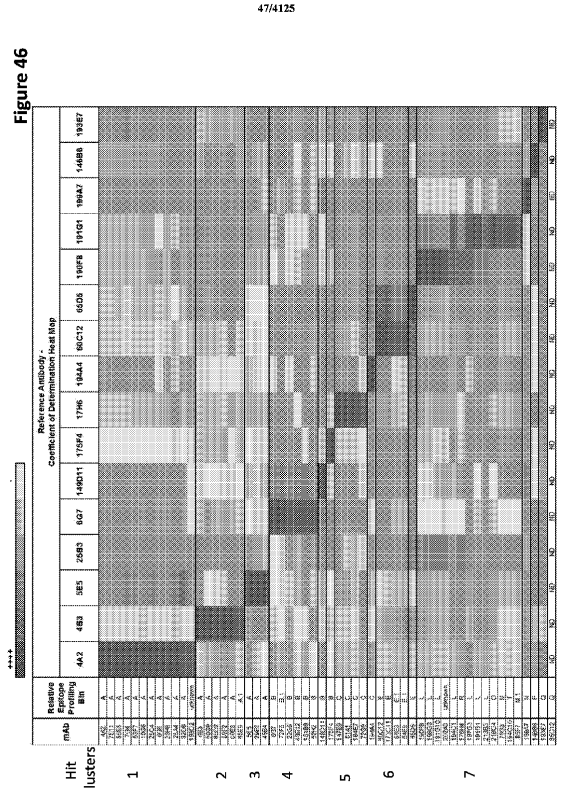
【図４４】



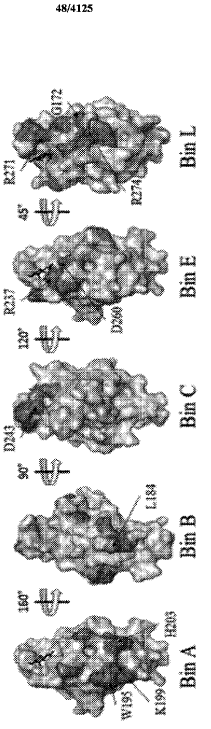
【図４５】



【図４６】



【図４７】



【図４８－１】

49/4125

FIGURE 48

Table 1

Immunogens

Name	Sequence Range	Tags	Amino Acid Sequence	Vector	SEQ ID NO:
muASGR1	1-284	TCE	MTYDVVDFQHLDLNWEISDHHQLRKGIPPPPQPLLQRLCSGRPLLLSKLSLLLLVVCVGSQNSGLQSELRGLRE TTSNFTASTEADWKGLSTDGSSVGRWKLSSQLEQKQDLSEHSSLLLHKGLPSLGSKDASLKRRSLTGDVSQ SERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGL RQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLL PKDWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pET21a	9
muASGR1(ECD)	63-284	TCE	SQLREDLALADGPSRTLTCTEDYKALSTDGSSVGRWKLVESKLEQKQDLTEHSSLLLHKGLPSLGSKDASLK RRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVP QTLGYSIGLRQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLT ALDGNPFLLPKDWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pSLX235s	10
muASGR1(CBD)	153-284	TCE	CPNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEE PFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLLPKDWDDSDV GPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pSLX235a	11
huASGR1	1-291	TCE	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLRKGIPPPPQPLLQRLCSGRPLLLSKLSLLLLVVCVGSQNSGLQSELRGLRE TTSNFTASTEADWKGLSTDGSSVGRWKLSSQLEQKQDLSEHSSLLLHKGLPSLGSKDASLKRRSLTGDVSQ SERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGL RQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLL PKDWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pET21a	12
huASGR1(ECD)	64-291	TCE	SQLQEELRGLRETFSNFTASTEADWKGLSTDGSSVGRWKLSSQLEQKQDLSEHSSLLLHKGLPSLGSKDASLK RRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVP QTLGYSIGLRQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLT ALDGNPFLLPKDWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pSLX235s	13
huASGR1(CBD)	154-291	TCE	CPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEE PFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLLPKDWDDSDV GPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pSLX235a	14
huASGR2	1-287	TCE	MKDPQDQQLSSEENDHPPHQQPPAQPLQQRLCSMVCFRLLALSFNLLLVVCVTGSQSAQLQAELRSLKEAF SNFSSSTLTEVQAISTHGESVGDKTSLQAKLEKQQQDLKADHDALLFHLKHFPVDLRFVACQMELLHSNGSQR TCVPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFISPFVPQTLGYSIGLRQPE HLEGSEDCVEVQPDGRWMDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVA	pET21a	15
huASGR2(CBD)	153-287	TCE	CPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEE PFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLLPKDWDDSDV GPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pSLX235a	16
huASGR1(ECD)	61-287	TCE	QSAQLQAELRSLKEAFSNFSSSTLTEVQAISTHGESVGDKTSLQAKLEKQQQDLKADHDALLFHLKHFPVDLRFV ACQMELLHSNGSQRTCVPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVP QTLGYSIGLRQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTA LDGNPFLLPKDWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pSLX235e	17
huASGR2(ECD)	61-287	TCE	QSAQLQAELRSLKEAFSNFSSSTLTEVQAISTHGESVGDKTSLQAKLEKQQQDLKADHDALLFHLKHFPVDLRFV ACQMELLHSNGSQRTCVPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFISPFVP QTLGYSIGLRQPEHLEGSEDCVEVQPDGRWMDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVA	pSLX235e	18
huASGR1(CBD)	154-291	TCE	CPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEE PFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLLPKDWDDSDV GPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pSLX235a	19
huASGR2	1-287	TCE	MKDPQDQQLSSEENDHPPHQQPPAQPLQQRLCSMVCFRLLALSFNLLLVVCVTGSQSAQLQAELRSLKEAF SNFSSSTLTEVQAISTHGESVGDKTSLQAKLEKQQQDLKADHDALLFHLKHFPVDLRFVACQMELLHSNGSQR TCVPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGLRQPE HLEGSEDCVEVQPDGRWMDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVA	pET21a	20
huASGR1(60-153)	60-153	None	MASGSNQSLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKGLP SLGSKDASLKRRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFV QHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEGSEDCVEVQPDGRWMDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVA	pET21a	21

【図４８－２】

50/4125

FIGURE 48

Name	Sequence Range	Tags	Amino Acid Sequence	Vector
Structural Work				
M:huASGR1(154-291)	154-291	None	MCPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEE PFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLLPKDWDDSDV GPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pET21a	11
M:huASGR1(145-291)	145-291	None	MCSSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGL RQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLLPK DWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pET21a	12
MA:huASGR1(148-291)	148-291	None	MACPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHL EEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLLPKDWDDSD VGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pET21a	13
MA:huASGR1(154-291)	154-291	None	MASGSNQSLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKGLP SLGSKDASLKRRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFV QHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNP AITAVNLTALDGNPFLLPKDWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pET21a	14
MA:huASGR1(60-153)	60-153	None	MASGSNQSLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKGLP SLGSKDASLKRRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFV QHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEGSEDCVEVQPDGRWMDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVA	pET21a	15
MA:huASGR1(60-291)	60-291	None	MASGSNQSLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKGLP SLGSKDASLKRRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFV QHFINPFVPNTLGYSIGLRQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNP AITAVNLTALDGNPFLLPKDWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLG	pET21a	16
MA:huASGR1(62-153)	62-153	None	MAQNSQLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKGLPS LGSKDASLKRRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQ HFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEGSEDCAHFTDDGRWMDDVCQRPYRWVCETKLDKAS	pET21a	17
MA:huASGR1(58-153)	58-153	None	MAVVGSQNSGLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKG LPSLGSKDASLKRRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQK FVQHFINPFVPQTLGYSIGLRQPEHLEGSEDCAHFTDDGRWMDDVCQRPYRWVCETKLDKASQEPPLL	pET21a	18
MA:huASGR1(58-143)	58-143	None	MAVVGSQNSGLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKG	pET21a	19
MA:huASGR1(62-143)	62-143	None	MAQNSQLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKGLPS LGSKDASLKRRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQ	pET21a	20
MA:huASGR1(60-143)	60-143	None	MASGSNQSLQSELRGLRETFSNFTASTEAQVKGLSTDGSNVGRKMKSLESQLEKQQDLSEDHSSLLLHKGLP SLGSKDASLKRRSLTGDVSQSERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFV	pET21a	21

【図４８－３】

51/4125

FIGURE 48

Name	Sequence Range	Tags	Amino Acid Sequence	Vector	
Complex Formation Assays					
huASGR1::GS::SNAP26f	1-291	SNAP26f	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLRKGIPPPPQPLLQRLCSGRPLLLSKLSLLLLVVCVGSQNSGLQSELRGLRE TTSNFTASTEADWKGLSTDGSSVGRWKLSSQLEQKQDLSEHSSLLLHKGLPSLGSKDASLKRRSLTGDVSQ SERTCDPVNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVTSWEEQKFVQHFINPFVPQTLGYSIGL RQPEHLEEPFVPALHHPVFQGESFTRQVLMKLLKVKFGEVIEYSHLKALVGNPAITAVNLTALDGNPFLL PKDWDDSDVGPVLGSLAVKEMLLAHEGHRLGKPGLGGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGG GSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGS GGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGG SGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGG GSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGS

【図４８－５】

53/4125

FIGURE 48

huASGR2::GS::(G4S)3::SNAP2BF	1-287	SNAP2BF	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVCVTSGSDAQLQAELRSLKEAF SNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVQLDPVACQMELLHSNGSQRT CCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQNFVQHTNPNTTWIGLTDSDGSWKWV DGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVAGSMGKG CSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTALDSNMPVFLIPCHRVVQGDSDV GPYLGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLG	37
huASGR2::GS::CLIP	1-287	CLIP	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVCVTSGSDAQLQAELRSLKEAF SNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVQLDPVACQMELLHSNGSQRT CCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQNFVQHTNPNTTWIGLTDSDGSWKWV DGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVAGSMGKG CSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTALDSNMPVFLIPCHRVVQGDSDV GPYLGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLG	pRES_puro3.1 , pJiff	38
huASGR2::GS::(G4S)3::CLIP	1-287	CLIP	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVCVTSGSDAQLQAELRSLKEAF SNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVQLDPVACQMELLHSNGSQRT CCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQNFVQHTNPNTTWIGLTDSDGSWKWV DGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVAGSMGKG CSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTALDSNMPVFLIPCHRVVQGDSDV GPYLGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLG	pRES_puro3.1	39
huASGR2(v4)::GS::SNAP281	1-308	SNAP2BF	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGEPGPTTRRLNPRRGNPLAGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVC VTSGSQAQLQAELRSLKEAFSNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVD LRFVACQMELLHSNGSQRTCCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQKFVQHTNP NFPNTWIGLTDSDGSWKWVDGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRW VCEKRRNATGEVAGSMGKGCSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTAL DSNPVFLIPCHRVVQGDLDVGGYEGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLG	pRES_puro3.1 , pJiff	40
huASGR2(v4)::GS::(G4S)3::SNAP281	1-308	SNAP2BF	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGEPGPTTRRLNPRRGNPLAGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVC VTSGSQAQLQAELRSLKEAFSNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVD LRFVACQMELLHSNGSQRTCCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQKFVQHTNP NFPNTWIGLTDSDGSWKWVDGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRW VCEKRRNATGEVAGSMGKGCSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTAL DSNPVFLIPCHRVVQGDLDVGGYEGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLG	pRES_puro3.1	41
huASGR2(v4)::GS::(G4S)3::CLIP	1-308	CLIP	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGEPGPTTRRLNPRRGNPLAGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVC VTSGSQAQLQAELRSLKEAFSNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVD LRFVACQMELLHSNGSQRTCCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQKFVQHTNP NFPNTWIGLTDSDGSWKWVDGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRW VCEKRRNATGEVAGSMGKGCSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTAL DSNPVFLIPCHRVVQGDLDVGGYEGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLG	pRES_puro3.1	42

【図４８－６】

54/4125

FIGURE 48

huASGR2(v4)::GS::(G4S)3::CLIP	1-308	CLIP	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGEPGPTTRRLNPRRGNPLAGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVC VTSGSQAQLQAELRSLKEAFSNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVD LRFVACQMELLHSNGSQRTCCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQKFVQHTNP NFPNTWIGLTDSDGSWKWVDGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRW VCEKRRNATGEVAGSMGKGCSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTAL DSNPVFLIPCHRVVQGDLDVGGYEGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLG	pRES_puro3.1	43
			Mammalian Expression				
huASGR1	1-291	None	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLQRGPPPAPLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TFSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVVTSWEEQKFVQHHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLL	pTT5, pSLX235a, puF1	44
huASGR2	1-301	None	MEIQDFQDQLDSEENDHQLQGEGSGHVQNLRTENPRWQGPPPRPRLSLALAFNLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TFSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVVTSWEEQKFVQHHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLLDYMGDDDK	pTT5, pSLX235a, puF1	45
huASGR1::Flag	1-291	Flag	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLRGPPPPQPLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TFSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVVTSWEEQKFVQHHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLLDYKDDDDK	pTT5, pSLX235a, puF1	46
huASGR2::Flag	1-301	Flag	MEIQDFQDQLDSEENDHQLQGEGSGHVQNLRTENPRWQGPPPRPRLSLALAFNLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TFSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVVTSWEEQKFVQHHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLLDYKDDDDK	pTT5, pSLX235a, puF1	47
cynASGR1	1-291	None	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLQKGPPPPQPLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TLSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCQRPYRWVCETELDKASQEP PLL	pTT5, pSLX235a	48
cynASGR1::Flag	1-291	Flag	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLQKGPPPPQPLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TLSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCQRPYRWVCETELDKASQEP PLLDYKDDDDK	pTT5, pSLX235a	49
cynASGR1(Y273C)	1-291	None	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLQKGPPPPQPLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TLSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCQRPCRWVCETELDKASQEP PLL	pTT5, pSLX235a	50
cynASGR1::Flag	1-291	Flag	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLQKGPPPPQPLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TLSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCQRPCRWVCETELDKASQEP PLLDYKDDDDK	pTT5, pSLX235a	50

【図４８－７】

55/4125

FIGURE 48

cynASGR1(Y273C)::Flag	1-291	Flag	MTKEYQDLQHLDNEESDHHQLQKGPPPQPLLRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TLSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLLDYKDDDDK	pTT5, pSLX235a	51
muASGR1	1-284	None	MTKDYQDFQHLDNENDHHQLRGPPPTPRLLQRLCSGSRLLLSSSLSILLVVCVTSGNSQLREDLLALRQNNF SNLTVSETEDQVKALTQGSSVGRKMVLVESKLEKQQQDLTEDHSILLHVKQLVSDVRSLSCQMAVPRGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWPAETEAQKYCQLENHALVVVTSWEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG WKGDTDTYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCRRPCRWVCETELDKAA	pTT5, puF1	52
muASGR1(Y272C)	1-284	None	MTKDYQDFQHLDNENDHHQLRGPPPTPRLLQRLCSGSRLLLSSSLSILLVVCVTSGNSQLREDLLALRQNNF SNLTVSETEDQVKALTQGSSVGRKMVLVESKLEKQQQDLTEDHSILLHVKQLVSDVRSLSCQMAVPRGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWPAETEAQKYCQLENHALVVNSMEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG WKGDTDTYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCRRPCRWVCETELDKAA	pTT5, pSLX235a, puF1	53
ratASGR1(Y272C)	1-284	None	MTKDYQDFQHLDNENDHHQLRGPPPAPRLLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGNSQLREDLLALRQNNF SNLTVSETEDQVKALTQGSSVGRKMVLVESKLEKQQQDLTEDHSILLHVKQLVSDVRSLSCQMAVPRGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWPAETEAQKYCQLENHALVVNSMEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG WKGDTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCRRPCRWVCETELDKAA	pTT5, pSLX235a	54
muASGR1::Flag	1-284	Flag	MTKDYQDFQHLDNENDHHQLRGPPPTPRLLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGNSQLREDLLALRQNNF SNLTVSETEDQVKALTQGSSVGRKMVLVESKLEKQQQDLTEDHSILLHVKQLVSDVRSLSCQMAVPRGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWPAETEAQKYCQLENHALVVNSMEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG WKGDTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCRRPCRWVCETELDKAA	pTT5, pSLX235a	55
muASGR1(Y272C)::Flag	1-284	Flag	MTKDYQDFQHLDNENDHHQLRGPPPTPRLLQRLCSGSRLLLSSSLSILLVVCVTSGNSQLREDLLALRQNNF SNLTVSETEDQVKALTQGSSVGRKMVLVESKLEKQQQDLTEDHSILLHVKQLVSDVRSLSCQMAAPRGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWPAETEAQKYCQLENHALVVTSWEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG WKGDTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTTDGRWNDDVCRRPCRWVCETELDKAVNDGLW PLL	pTT5, pSLX235a	56
ratASGR1::Flag	1-284	Flag	MTKDYQDFQHLDNENDHHQLRGPPPAPRLLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGNSQLREDLLALRQNNF SNFTVSETEDQVKALTQGSSVGRKMVLVESKLEKQQQDLTEDHSILLHVKQLVSDVRSLSCQMAVPRGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWPAETEAQKYCQLENHALVVNSMEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG WKGDTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCQRPYRWVCETELDKASQEP PLL	pTT5, pSLX235a	57
mfASGR1::Flag	1-284	Flag	MTKDYQDFQHLDNENDHHQLRGPPPTPRLLQRLCSGSRLLLSSSLSILLVVCVTSGNSQLREDLLALRQNNF SNLTVSETEDQVKALTQGSSVGRKMVLVESKLEKQQQDLTEDHSILLHVKQLVSDVRSLSCQMAAPRGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWPAETEAQKYCQLENHALVVTSWEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG WKGDTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTTDGRWNDDVCRRPCRWVCETELDKAVNDGLW PLL	pTT5, pSLX235a	58

【図４８－８】

56/4125

FIGURE 48

ratASGR1(Y272C)::Flag	1-284	Flag	MTKDYQDFQHLDNENDHHQLRGPPPAPRLLQRLCSGPRLLLSLGLSLLLVVCVTSGNSQLREDLLALRQNNF SNFTVSETEDQVKALTQGSSVGRKMVLVESKLEKQQQDLTEDHSILLHVKQLVSDVRSLSCQMAVPRGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWPAETEAQKYCQLENHALVVNSMEEQNFVQHIGPVNTWMGLHDQNG WKGDTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDDVCQRPYRWVCETELDKASQEP PLL	pTT5, pSLX235a	59
huASGR2	1-308	None	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVCVTSGSDAQLQAELRSLKEAF SNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVQLDPVACQMELLHSNGSQRT CCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQNFVQHTNPNTTWIGLTDSDGSWKWV DGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVAGSMGKG CSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTALDSNMPVFLIPCHRVVQGDSDV GPYLGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLGGGGSGGGGSGGGGSMDKDCEMKRTTLDSPLGKLELSGCEQGLHRIFLDGKGTSAADAR STPPSFLTCGWCLRLMHTAGQSKMPETGIPDMFDLSAFSGQVLSPSQSTRASSLDENKYFRSQGYNIIEPLKL TKMGDSLTTKDFRKCPLDGGVKRLQGTVTLRSKPGLVAKELVRVEEKFKLMFTSELKNIDPPIVPIEHVLSTL GLKVYYTAWPQNFTIEVKDNLAPIPGLLGSKHFQSAYQKVAVKEFSLPSTRVNFTLDKNGLEVDEDRPLLKH LSELPTTGDAIYTMDILNGCGEDISYHFQCRSIAYAESQRDDSALFVLKKENQTEVLQFNLRTKNPKDWTSHN KFKSVNELPTVQLPDYDKPSVLTSMWTPDDNQAHERIYGLTVDSRSVFIDELTGVIWDLEDHTGTRVSYSSQC LENVQRNSTHIALIVKEGTCEIQELRAHEVTERRSEYEEMFRSSGQGFVDSGISTQELISAGSSLAVMQGQSQ PLLDYKDDDDK	pTT5, pSLX235a	60
muASGR2	1-301	None	MEIQDFQDQLDSEENDHQLQGEGSGHVQNLRTENPRWQGPPPRPRLSLALAFNLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TFSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVVTSWEEQKFVQHHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLLDYKDDDDK	pTT5, pSLX235a, puF1	61
huASGR2::Flag	1-301	Flag	MEIQDFQDQLDSEENDHQLQGEGSGHVQNLRTENPRWQGPPPRPRLSLALAFNLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TFSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVVTSWEEQKFVQHHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLLDYMGDDDK	pTT5, pSLX235a, puF1	62
huASGR2::6xHis	1-308	6xHis	MAKDFQDIQQLSSEENDHPPHQGPPPAQPLAQRLCSMVCFSLLALSPNLLLVVCVTSGSDAQLQAELRSLKEAF SNFSRSITLTEVQASTHGGSVGDKITLGAKLEKQQQDLKADHDALLFHLHPPVQLDPVACQMELLHSNGSQRT CCPVNWVEHQGSCYWFSHSGKAWEAERVCQALENHALVVNSMEEQNFVQHTNPNTTWIGLTDSDGSWKWV DGTDYRHNYKNWAVTQPDNWHGHEILGSSEDCVEVQPDGRWNDDFCLQVYRWVCEKRRNATGEVAGSMGKG CSKWAVTTGSELSFKTVKVLKLVVKFGEIVESEHILAALVGNPAATAAVNTALDSNMPVFLIPCHRVVQGDSDV GPYLGGLAVKEWLLAHEGHRLGKPGLGGGGSGGGGSGGGGSMDKDCEMKRTTLDSPLGKLELSGCEQGLHRIFLDGKGTSAADAR STPPSFLTCGWCLRLMHTAGQSKMPETGIPDMFDLSAFSGQVLSPSQSTRASSLDENKYFRSQGYNIIEPLKL TKMGDSLTTKDFRKCPLDGGVKRLQGTVTLRSKPGLVAKELVRVEEKFKLMFTSELKNIDPPIVPIEHVLSTL GLKVYYTAWPQNFTIEVKDNLAPIPGLLGSKHFQSAYQKVAVKEFSLPSTRVNFTLDKNGLEVDEDRPLLKH LSELPTTGDAIYTMDILNGCGEDISYHFQCRSIAYAESQRDDSALFVLKKENQTEVLQFNLRTKNPKDWTSHN KFKSVNELPTVQLPDYDKPSVLTSMWTPDDNQAHERIYGLTVDSRSVFIDELTGVIWDLEDHTGTRVSYSSQC LENVQRNSTHIALIVKEGTCEIQELRAHEVTERRSEYEEMFRSSGQGFVDSGISTQELISAGSSLAVMQGQSQ PLLHHHHHH	pTT5, pSLX235a	63
muASGR2::6xHis	1-301	6xHis	MEIQDFQDQLDSEENDHQLQGEGSGHVQNLRTENPRWQGPPPRPRLSLALAFNLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TFSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVVTSWEEQKFVQHHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLLDYMGDDDKHHHHHH	pTT5, pSLX235a	64
ratA::6xHis	1-301	6xHis	MEIQDFQDQLDSEENDHQLSGDESGSHVQNLRTENPRWQGPPPRPRLSLALAFNLLLVVCVTSGSQNSQLQEELRGLRE TFSNFTASTEAQVKGLSTQGGNVGRKNMSLESQLEKQQNDLSEDHSSLLLHVKQFVSDLRSLSCQMAALQGNG SERTCDFNWVEHERSCYWFSRSGKAWADADNYCRLEDAHLVVVTSWEEQKFVQHHIGPVNTWMGLHDQNG PWKWVDGTDYETGFKNWRPEQPDDWYGHGLGGGEDCAHFTDDGRWNDVPCNYRWVCEFTLDLKKVNDGLW PLLHHHHHH	pTT5, pSLX235a	65
dogASGR2::6xHis	1-302	6xHis	MAKDCQDIQQLDSEENDQQLGREGSGPGRHGPRREDRPCRPLPPHQPLLQRLCSGVRLNLLVLGFNVLMLV ACVVSGASQLEESLLSLEKSFSNFSRSITLMEVQASTHGTLLHKFSLLKHFSQLSRDLSCQMAALQGNGSER RCCPWNWVEYERSCYWFSRSGKAWADGTDYDQSYNNWAVTQPDDWGHGLEVGSGEDCAEVRANGRWNDNFCKQVQRW PRDTVWGLTDSDGSWRWVDGTDYDQSYNNWAVTQPDDWGHGLEVGSGEDCAEVRANGRWNDNFCKQVQRW VCEMRRNVTGEHHHHHH	pTT5, pSLX235a	66

【図４８－９】

57/4125

FIGURE 48

dogASGR2	1-302	None	MAKDCQDIQQLDSEDSDQQLGRGSEGPRGHSPRRREDRFCRRLPPHQPLLQRLQSGYRLNLVLGFNVLMLV AIDVISGQRAQLEEELRLHENFSHFSSGVLMELGVLLSDGGGAS8QLTSLEAKLEKQQRDVKADHATLLLHLKHF PSDLRLTCQLWPTQSNMTDCAPVNMLETSSKCYMFSRSGKNAAEAEYCQLENHLVVNWSREEQKPCLQHTN PEDDLRLTCQLWPTQSNMTDCQPVNMLETSSKCYMFSRSGKTWEDAEYCQLENHLVVNWSREEQKPCLQHTN VCEMRRNVTG	pTT5, pSLX235a	67
cynASGR2	1-306	None	MAKQFQDIQQLSSEENDHPFHRGEGPGPRGNLNLRRGMPSLKGPPPAQPLAQRLCSNVRFSLLALSPNLLLVAC VIGSGSAQLQAELWSLKEAFSNFSSSTLMEHVALGTHGGSVGDGNTSLGEKLEKGQQDLKADHDILLHLNHFPV DLRFVACDMELLHSHGSQHTCCPVNWVEHQRSCYMFSRSGKAWAEAEYCQLENHLVVNWSMEDKRTVQH TNHPNTWGLTDSGGSWKWVDGTDYRNYTNWAVTQPKDDMHGHELGGSEDCVEMRPDGRWNDDFCLGVHR WVCEKRRNATGEAAHHHHHH	pTT5, pSLX235a	68
cynASGR2(L225P);:ibrilis	1-306	Ibrilis	MAKQFQDIQQLSSEENDHPFHRGEGPGPRGNLNLRRGMPSLKGPPPAQPLAQRLCSNVRFSLLALSPNLLLVAC VIGSGSAQLQAELWSLKEAFSNFSSSTLMEHVALGTHGGSVGDGNTSLGEKLEKGQQDLKADHDILLHLNHFPV DLRFVACDMELLHSHGSQHTCCPVNWVEHQRSCYMFSRSGKAWAEAEYCQLENHLVVNWSMEDKRTVQH TNHPNTWGLTDSGGSWKWVDGTDYRNYTNWAVTQPKDDMHGHELGGSEDCVEMRPDGRWNDDFCLGVHR WVCEKRRNATGEAAHHHHHH	pTT5, pSLX235a	69
pgASGR2::ibrilis	1-283	Ibrilis	MARDFQDIQQLDSEDNDHQLGRGTPLPQPLVLGRLQSKLRLSLVLGFNVLMLVAVCVSGSQRTGLQMELQTLK ETFSNFSSLLLMEMLTLSTRGSSAGDKVTSLEAKMEKQQQDLKADHATLRLHLKHFPRDVRTLTGRLVPLQSNG TECCPVNWVDYEGSCYMFSRSGKAWAEAEYCQLENHLVVNWSREEQKPAQRTNPQTWGLTDSGSWK WVDGTDYGNSYNWGALQPDDVMDSHELGGSEDCVEIGSDGRWNDDFCQGVKRWVCEMKGNTM	pTT5, pSLX235a	70
cynASGR2(L225P)	1-306	None	MAKQFQDIQQLSSEENDHPFHRGEGPGPRGNLNLRRGMPSLKGPPPAQPLAQRLCSNVRFSLLALSPNLLLVAC VIGSGSAQLQAELWSLKEAFSNFSSSTLMEHVALGTHGGSVGDGNTSLGEKLEKGQQDLKADHDILLHLNHFPV DLRFVACDMELLHSHGSQHTCCPVNWVEHQRSCYMFSRSGKAWAEAEYCQLENHLVVNWSMEDKRTVQH TNHPNTWGLTDSGGSWKWVDGTDYRNYTNWAVTQPKDDMHGHELGGSEDCVEMRPDGRWNDDFCLGVHR WVCEKRRNATGEAA	pTT5, pSLX235a	71
pgASGR2	1-283	None	MARDFQDIQQLDSEDNDHQLGRGTPLPQPLVLGRLQSKLRLSLVLGFNVLMLVAVCVSGSQRTGLQMELQTLK ETFSNFSSLLLMEMLTLSTRGSSAGDKVTSLEAKMEKQQQDLKADHATLRLHLKHFPRDVRTLTGRLVPLQSNG TECCPVNWVDYEGSCYMFSRSGKAWAEAEYCQLENHLVVNWSREEQKPAQRTNPQTWGLTDSGSWK WVDGTDYGNSYNWGALQPDDVMDSHELGGSEDCVEIGSDGRWNDDFCQGVKRWVCEMKGNTM	pTT5, pSLX235a	72
dogASGR1	1-284	None	MTNDVQDLQHLDNEDNDHHLRQVPPAPQPLLRRLCSGPCLLLSLGLSVLLVVCVGSQNSKLRGELQALRET PSNFTASTEVEVKALSSQGSNVGRKMKSLESQLEKQQKDLSEDHSSLLHKKPVSDLRSLSCQAAVLGHNGSTL TCCPVNMLEYESCYMFSRSGKSWPEADKYCQLESHLVVNWSREEQKPCLQHFMGPVNTWMGLTDSGPWK WVDGTDYETGPNVWPPEPDDWYGHGLGSGEDCAHFTEGGWMVDDVCQRPYRWVCEVARDPAT	pTT5, pSLX235a	73
pgASGR1	1-285	None	MTKEYQDLQHLDNEENDQDHRKGPPPQPSLLRRLCSGPCLLLSMGLSLLLVVCVGSQNSKLQEELQALRET PSNLTASTDAKVKTLSMQGSNVGRKMKSLESQLEKQQQDLSEDHSSLLHKKGPVSDLRSLSCQMAVLGDNGS EPTCCPVNWVDYEGSCYMFSRSGKPWPEAEKYCQLENHLVVCGSWEEQKPQHVGPVNSWMGLTDSGP WKWVDGTDYETGFNVWPPEPDDWYGHGLGSGEDCAHFTEGGWMVDDVCQRPYRWVCEVARDPAT	pTT5, pSLX235a	74
dogASGR1::Flag	1-284	Flag	MTNDVQDLQHLDNEDNDHHLRQVPPAPQPLLRRLCSGPCLLLSLGLSVLLVVCVGSQNSKLRGELQALRET PSNFTASTEVEVKALSSQGSNVGRKMKSLESQLEKQQKDLSEDHSSLLHKKPVSDLRSLSCQAALHGNGSTL TCCPVNMLEYESCYMFSRSGKSWPEADKYCQLESHLVVNWSREEQKPCLQHFMGPVNTWMGLTDSGPWK WVDGTDYETGPNVWPPEPDDWYGHGLGSGEDCAHFTDDGWMVDDVCQRPYRWVCEVARDPATLTDYKDDD DK.	pTT5, pSLX235a	75

【図４８－１０】

58/4125

FIGURE 48

pgASGR1::Flag	1-285	Flag	MTKEYQDLQHLDNEENDQDHRKGPPPQPSLLRRLCSGPCLLLSMGLSLLLVVCVGSQNSKLQEELQALRET PSNLTASTDAKVKTLSMQGSNVGRKMKSLESQLEKQQQDLSEDHSSLLHKKGPVSDLRSLSCQMAVLGDNGS EPTCCPVNWVDYEGSCYMFSRSGKPWPEAEKYCQLENHLVVCGSWEEQKPQHVGPVNSWMGLTDSGP WKWVDGTDYEGPNVWPPEPDDWYGHGLGSGEDCAHFTEGGWMVDDVCQRPYRWVCEVARDPATLTDYKDDD KDDDDK	pTT5, pSLX235a	76
huASGR1(deCODE)	1-94.	None	MTKEYQDLQHLDNEESQHHQLRKGPPPPQPQPLLQRLCSGPCLLLSLGLSLLLVVCVVGSQNSQLQEELRQLRE	pUF1	77
huASGR1(deCODE):Myc	1-94.	Myc	MTKEYQDLQHLDNEESQHHQLRKGPPPPQPQPLLQRLCSGPCLLLSLGLSLLLVVCVVGSQNSQLQEELRQLRE TPSNFTASTEAGEAAMMEERGQQKLISEEDL	pTT5	0

【図４９－１】

59/4125

FIGURE 49

Table 2A
Standard
IgG Antibody
VL CDRs

iPS#	Ab	Type	CDR1	CDR2	CDR3
iPS:451135	21-225_64A11	NA	CGGGCAAGTCGGACGGTTTAG CAGATATTTAAAT SEQ ID NO:79	GTTGCATCCCGGTTTGCAA AGT SEQ ID NO:8091	CAACAGAGTGACAGTTTCCC TCTCACT SEQ ID NO:16103
		AA	RASRSVSRVLN SEQ ID NO:80	VASRLQS SEQ ID NO:8092	QQSDSSPLT SEQ ID NO:16104
iPS:451141	21-225_164B11	NA	AAGTCCAGCCAGATGTCTTTT AAAGAGCTCCAACAATAAG AGCTACTTAGCT	TGGGCATCTTCCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTATTCC TCCCACT
		AA	KSSQSVLFSSNNYNYLA SEQ ID NO:81	WASTRES SEQ ID NO:8093	QQYYSIPPT SEQ ID NO:16105
		AA	KSSQQLLKSSNNKSYLA SEQ ID NO:82	WASSRES SEQ ID NO:8094	QQYYSIPPT SEQ ID NO:16106
iPS:451137	21-225_74A7	NA	AAGTCCAGCCAGATGTTTTT ATTCAGCTCCAACAATTATA ACTACTTAGCTT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATCATAGTTCTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLFSSNNYNYLA SEQ ID NO:83	WASTRES SEQ ID NO:8095	QQYYSIPPT SEQ ID NO:16107
		AA	KSSQQSVLFSSNNYNYLA SEQ ID NO:84	WASTRES SEQ ID NO:8096	QQYYSIPPT SEQ ID NO:16108
iPS:451139	21-225_71A6	NA	AAGTCTAGTCAGACGCCTCCT GCGTAGTGATGGAAAAGACCC ATTTGTAT	GAAGTTTCCAACCCGGTTC TCT	ATGCAAAGTAAACAGCTTCC TCTCACT
		AA	KSSQSLLKSDGKTHLY SEQ ID NO:85	LVSNRFS SEQ ID NO:8097	WQGTHFPQT SEQ ID NO:16109
		AA	KSSQSLLKSDGKTHLY SEQ ID NO:86	LVSNRFS SEQ ID NO:8098	WQGTHFPQT SEQ ID NO:16110

【図４９－２】

60/4125

FIGURE 49

iPS:451143	21-225_66H11	NA	CCGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCT SEQ ID NO:87	GGTGCATTCAATTTGCAC AGT SEQ ID NO:8099	CAACATAGTAGTTGTTACCC ATTCACT SEQ ID NO:16111
		AA	PASQGISNYLA SEQ ID NO:88	GAFNLHS SEQ ID NO:8100	QQYSCYPFT SEQ ID NO:16112
iPS:453445	21-225_148E10	NA	TCTGGAGATAAATTGGGTAA TAAATATGTTTGT SEQ ID NO:89	CAAGATATGCAAGCGGCC CTCA SEQ ID NO:8101	CAGGCGTGGGACAGGAAACAC TTATGTGTGTG SEQ ID NO:16113
		AA	SGDKLGNKYVC SEQ ID NO:90	QDSKRPS SEQ ID NO:8102	QAWDRNTYVV SEQ ID NO:16114
iPS:453447	21-225_65F10	NA	CGGGGGGGTCAGGGTATTAG CACATGGTTAGCA SEQ ID NO:91	GCTGCATCCATTTTTGCAA AGT SEQ ID NO:8103	CAACAGGGTAACATTTTCCC ATTCACT SEQ ID NO:16115
		AA	RGGQGISTWLA SEQ ID NO:92	AASILQS SEQ ID NO:8104	QQGNIFPPT SEQ ID NO:16116
iPS:453449	21-225_208A2	NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC SEQ ID NO:93	GCTGCATCCAGTTTGCTT AGT SEQ ID NO:8105	CTACAGTATAATAGTTACCC TCCCACC SEQ ID NO:16117
		AA	RTSQGIRNDLG SEQ ID NO:94	AASSLLS SEQ ID NO:8106	LQYNSYPPT SEQ ID NO:16118
iPS:453451	21-225_52G11	NA	CGGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAAATGGTTAGCC SEQ ID NO:95	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT SEQ ID NO:8107	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT SEQ ID NO:16119
		AA	RASQGISKWLA SEQ ID NO:96	AASSLQS SEQ ID NO:8108	QQANSFPPT SEQ ID NO:16120
iPS:453453	21-225_53F2	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAAGTGGTTAGCC SEQ ID NO:97	GCTGCATCCATTTTGCAA AGT SEQ ID NO:8109	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT SEQ ID NO:16121
		AA	RASQGISKWLA SEQ ID NO:98	AASSLQS SEQ ID NO:8110	QQANSFPPT SEQ ID NO:16122

【図４９－３】

61/4125

FIGURE 49

iPS:468810	21-225_74D5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATCCAGCAGGGC
			CAGCAACTACTTAGGC	CACT
			SEQ ID NO:99	SEQ ID NO:8111
		AA	RASQSVNSNYLA	GASSRAT
			SEQ ID NO:100	SEQ ID NO:8112
iPS:468812	21-225_48H4	NA	CGGGCAAGTCGAGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:101	SEQ ID NO:8113
		AA	RASRDIRNDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:102	SEQ ID NO:8114
iPS:468816	21-225_52G8	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAAGCGGCT
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	CTCT
			TATTTGTAT	
			SEQ ID NO:103	SEQ ID NO:8115
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSKRLS
			SEQ ID NO:104	SEQ ID NO:8116
iPS:468814	21-225_223D11	NA	CGGGCGAGTCCAGGGCATTAG	GCTGCATCCACTTTGCAA
			CAATTATTTAGGCC	AGT
			SEQ ID NO:105	SEQ ID NO:8117
		AA	RASQGIRNYLA	AASTLQS
			SEQ ID NO:106	SEQ ID NO:8118
iPS:468822	21-225_147E10	NA	AAGTCTAGTCAGCGCCTCCT	GAAAGTTTCCAACCGGTTC
			GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT
			ATTTGTAT	
			SEQ ID NO:107	SEQ ID NO:8119
		AA	KSSQRLLHGDGKTYLY	EVSNRFS
			SEQ ID NO:108	SEQ ID NO:8120
iPS:468824	21-225_73G6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:109	SEQ ID NO:8121

iPS:468810	21-225_74D5	NA	CAGCAGTATGAAAGCTCGCC
			CTGGACG
			SEQ ID NO:16123
		AA	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:16124
iPS:468812	21-225_48H4	NA	CTACAACATTATAGTTACCC
			GCTCACT
			SEQ ID NO:16125
		AA	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:16126
iPS:468816	21-225_52G8	NA	ATGCAAAGTATGCAGCTTCC
			GATTATC
			SEQ ID NO:16127
		AA	MQSMQLPIT
			SEQ ID NO:16128
iPS:468814	21-225_223D11	NA	CAACAGTATAGTGGTTACCC
			ATTCACT
			SEQ ID NO:16129
		AA	QQYSGYPPT
			SEQ ID NO:16130
iPS:468822	21-225_147E10	NA	ATGCAAAGTATACAGGTTCC
			GTGGACG
			SEQ ID NO:16131
		AA	MQSIQVPWT
			SEQ ID NO:16132
iPS:468824	21-225_73G6	NA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			GCTCACT
			SEQ ID NO:16133

【図４９－４】

62/4125

FIGURE 49

		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:110	SEQ ID NO:8122
iPS:468818	21-225_190C8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:111	SEQ ID NO:8123
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:112	SEQ ID NO:8124
iPS:468826	21-225_201C5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			ACATGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:113	SEQ ID NO:8125
		AA	RASQGIRHDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:114	SEQ ID NO:8126
iPS:468828	21-225_162A10	NA	AGGGCCAGTCAGACTGTTAA	GGTGCATCCACCAGGGC
			CAGCAACTTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:115	SEQ ID NO:8127
		AA	RASQTVNSNLA	GASTRAT
			SEQ ID NO:116	SEQ ID NO:8128
iPS:468830	21-225_191G11	NA	AGGACCAGTCAGAGTGTTTG	GGTGCAGCCACCAGGGC
			GATTAGCGTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:117	SEQ ID NO:8129
		AA	RTSQSVWISVA	GAATRAT
			SEQ ID NO:118	SEQ ID NO:8130
iPS:468832	21-225_76H10	NA	CGGTGCAATCCAGTTTGCA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			AAATTATTTAGGC	ATTCACT
			SEQ ID NO:119	SEQ ID NO:8131
		AA	RASQDIRNYLG	GASSLQS
			SEQ ID NO:120	SEQ ID NO:8132
iPS:468834	21-225_94G10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATCCAGCAGGGC
			CAGCAACTACTTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:121	SEQ ID NO:8133

iPS:468818	21-225_190C8	NA	CAGCAGTATAATAGTTACCC
			GTTCACT
			SEQ ID NO:16135
		AA	LQHNDYPPT
			SEQ ID NO:16136
iPS:468826	21-225_201C5	NA	CTACAGCATTATAGTTCCCT
			CGGACG
			SEQ ID NO:16137
		AA	LQIYSPPRT
			SEQ ID NO:16138
iPS:468828	21-225_162A10	NA	CAGCAGTATAATGACTGGCC
			GTGCAGT
			SEQ ID NO:16139
		AA	QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:16140
iPS:468830	21-225_191G11	NA	CAGCAGTATAATTACTGGCC
			GCTCACT
			SEQ ID NO:16141
		AA	QQYNYWPLT
			SEQ ID NO:16142
iPS:468832	21-225_76H10	NA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			ATTCACT
			SEQ ID NO:16143
		AA	LQYNSYPFT
			SEQ ID NO:16144
iPS:468834	21-225_94G10	NA	CAGCAGTATGAAAGCTCGCC
			CTGGACG
			SEQ ID NO:16145

【図４９－５】

63/4125

FIGURE 49

		AA	RASQSVNSNYLA	GASSRAT
			SEQ ID NO:122	SEQ ID NO:8134
iPS:468836	21-225_198E3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			GAAAAGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:123	SEQ ID NO:8135
		AA	RASQQIRKDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:124	SEQ ID NO:8136
iPS:468838	21-225_80E12	NA	AGGGCCAGTCAGAGCGTTAA	GGTGCATCCAGCAGGGC
			CAGCAACTACTTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:125	SEQ ID NO:8137
		AA	RASQSVNSNYLA	GASSRAT
			SEQ ID NO:126	SEQ ID NO:8138
iPS:468840	21-225_280D9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:127	SEQ ID NO:8139
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:128	SEQ ID NO:8140
iPS:468820	21-225_76E10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATCCAGCAGGGC
			CAGCAACTACTTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:129	SEQ ID NO:8141
		AA	RASQSVNSNYLA	GASSRAT
			SEQ ID NO:130	SEQ ID NO:8142
iPS:468842	21-225_50H4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:131	SEQ ID NO:8143
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:132	SEQ ID NO:8144
iPS:468844	21-225_48E10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA
			AAGTGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:133	SEQ ID NO:8145

iPS:468836	21-225_198E3	NA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			TTTCACT
			SEQ ID NO:16147
		AA	LQHYRYPPT
			SEQ ID NO:16148
iPS:468838	21-225_80E12	NA	CAGCAGTATGAAAGCTCGCC
			GTGGACG
			SEQ ID NO:16149
		AA	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:16150
iPS:468840	21-225_280D9	NA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			TCTCACT
			SEQ ID NO:16151
		AA	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:16152
iPS:468820	21-225_76E10	NA	CAGCAGTATGAAAGCTCGCC
			GTGGACG
			SEQ ID NO:16153
		AA	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:16154
iPS:468842	21-225_50H4	NA	CTACAACATTATAGTTACCC
			TCGGACG
			SEQ ID NO:16155
		AA	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:16156
iPS:468844	21-225_48E10	NA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			ATTCACT
			SEQ ID NO:16157

【図４９－６】

64/4125

FIGURE 49

		AA	RASQGIRSDLG	TASSLQS
			SEQ ID NO:134	SEQ ID NO:8146
iPS:468846	21-225_53B10	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA
			AAATTATTTAGGC	AAGT
			SEQ ID NO:135	SEQ ID NO:8147
		AA	RASQDIRNYLG	GASSLQS
			SEQ ID NO:136	SEQ ID NO:8148
iPS:468848	21-225_54B1	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAT
			CAGCTATTTAAAT	AGT
			SEQ ID NO:137	SEQ ID NO:8149
		AA	RASQNISSYLN	AASSLHS
			SEQ ID NO:138	SEQ ID NO:8150
iPS:468850	21-225_71F3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA
			ATCCAGCTCCAACAATAACA	ATCC
			ACTACTTAGCT	
			SEQ ID NO:139	SEQ ID NO:8151
		AA	KSSQSVLSSSNNNNYLA	WASTRES
			SEQ ID NO:140	SEQ ID NO:8152
iPS:468852	21-225_72C4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT	TGGGCATCTACCCGGGA
			ATCCAACTCCAACAATAACA	ATCC
			ACTACTTAGCT	
			SEQ ID NO:141	SEQ ID NO:8153
		AA	KSSQSVLSNSNNNNYLA	WASTRES
			SEQ ID NO:142	SEQ ID NO:8154
iPS:468854		NA	AGGTCTCGTCAAAGCCTCGT	GAGGTTTCTAAGTGGGA
			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTCT
			ACTTGAAT	
			SEQ ID NO:143	SEQ ID NO:8155
		AA	RSQNSLVYSDGNTYLN	EVSKWPDS
			SEQ ID NO:144	SEQ ID NO:8156

iPS:468846	21-225_53B10	NA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			ATTCACT
			SEQ ID NO:16159
		AA	LQYNSYPPT
			SEQ ID NO:16160
iPS:468848	21-225_54B1	NA	CAACAGAGTTACAGAACCCC
			TCTGTGGACG
			SEQ ID NO:16161
		AA	QQSYRTPLWT
			SEQ ID NO:16162
iPS:468850	21-225_71F3	NA	CAGCAATATTATACTACTCC
			GTGCAGT
			SEQ ID NO:16163
		AA	QQYYTTPCS
			SEQ ID NO:16164
iPS:468852	21-225_72C4	NA	CAGCAATATTATACTACTCC
			GTGCAGT
			SEQ ID NO:16165
		AA	KSSQSVWISNNNNYLA
			SEQ ID NO:16166
iPS:468854		NA	ATGCAAGTACACACTGGCC
			GCTCACT
			SEQ ID NO:16167
		AA	MQGTHWPLT
			SEQ ID NO:16168

【図４９－７】

FIGURE 49

iPS:468856	21-225_7FC9	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTACACACTGGCC	
			TTACAGTGTTGGAAACACCT	CTCT	ATTCACT	
			CCTTGAGT			
			SEQ ID NO:145	SEQ ID NO:8157	SEQ ID NO:16169	
		AA	RSSQSLVYSVGNTSLS	KVSNWDS	MQQTHWPPT	
			SEQ ID NO:146	SEQ ID NO:8158	SEQ ID NO:16170	
iPS:468858	21-225_148C9	NA	CGGGCAAGTCGGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAG	CTACAGCATTATAGTTATCC	
			AGATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
			SEQ ID NO:147	SEQ ID NO:8159	SEQ ID NO:16171	
		AA	RASRGIRDDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	
			SEQ ID NO:148	SEQ ID NO:8160	SEQ ID NO:16172	
iPS:468860	21-225_224E7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAG	CTACAACATTATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
			SEQ ID NO:149	SEQ ID NO:8161	SEQ ID NO:16173	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	
			SEQ ID NO:150	SEQ ID NO:8162	SEQ ID NO:16174	
iPS:468862	21-225_178H8	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCCGGCC	AGCTCATATACAAGCACCGG	
			TGGTGGTTATAATTTGTCT	CTCA	CACTGTGGTA	
			CC			
			SEQ ID NO:151	SEQ ID NO:8163	SEQ ID NO:16175	
		AA	TGTSSDVGGYNFVS	EVSNRPS	SSYTSSTVV	
			SEQ ID NO:152	SEQ ID NO:8164	SEQ ID NO:16176	
iPS:468864	21-225_60D6	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATAATCAGCGGCC	GCAGCATGGGATGACAGCCT	
			CGGAAGTAATACTGTAAAC	CTCA	GAATGGTCCG	
			SEQ ID NO:153	SEQ ID NO:8165	SEQ ID NO:16177	
		AA	SGSSSNIGSNTVN	SNNQRPS	AAWDDSLNGP	
			SEQ ID NO:154	SEQ ID NO:8166	SEQ ID NO:16178	
iPS:468866		NA	ACTGGAGATGCAATGCCGAA	GAGGACAGCAAGCGACC	AACTCAACAGACAGCAGTGG	
			AAAATATGCTTAT	CTCC	TAATCGGGTG	

【図４９－８】

FIGURE 49

	21-225_190C1	AA	SEQ ID NO:155	SEQ ID NO:8167	SEQ ID NO:16179	
			TGDAMPKKYAY	EDSKRPS	NSTDSSGNRV	
			SEQ ID NO:156	SEQ ID NO:8168	SEQ ID NO:16180	
iPS:468868	21-225_74A1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAG	CTACAGCATGATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:157	SEQ ID NO:8169	SEQ ID NO:16181	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHDSYPLT	
			SEQ ID NO:158	SEQ ID NO:8170	SEQ ID NO:16182	
iPS:468870	21-225_74A8	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATTATTATGTACTCC	
			GTACAGCTCCAACAGTCACA	ATCC	GTGCAGT	
			ACTACTTAGCT			
		AA	KSSQSVLYSSNSHNYLA	WASTRES	QQYYSTPCS	
			SEQ ID NO:159	SEQ ID NO:8171	SEQ ID NO:16183	
		NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	ACTGCATACAGTTTGCA	CTACAACATTATAATTACCC	
			AGATAATTTAGGC	AAGT	GCTCACT	
	21-225_14B1_LC1		SEQ ID NO:161	SEQ ID NO:8173	SEQ ID NO:16185	
		AA	RASQDIRDNLG	TASLQS	LQHYNYPLT	
			SEQ ID NO:162	SEQ ID NO:8174	SEQ ID NO:16186	
iPS:472731	21-225_14B1_LC2	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGCCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC	
			TAAATATGCTTAC	CTCA	TGTGGTG	
			SEQ ID NO:163	SEQ ID NO:8175	SEQ ID NO:16187	
		AA	SGDKLGDKYAY	QDRKRPS	QAWDNSTVV	
			SEQ ID NO:164	SEQ ID NO:8176	SEQ ID NO:16188	
iPS:472732	21-225_2B10_LC1	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATACAAGGTACGCACTGGCC	
			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTCT	TTTCCCC	
			TCTTGAAT			
			SEQ ID NO:165	SEQ ID NO:8177	SEQ ID NO:16189	
		AA	RSSQSLVYSDGNTFLN	KVSNWDS	IQGTHWPFP	
			SEQ ID NO:166	SEQ ID NO:8178	SEQ ID NO:16190	

【図４９－９】

FIGURE 49

iPS:472733	21-225_2B10_LC2	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCCGGCC	AGCTCATATACAAGCACCGG	
			TGGTGGTTATAATTTGTCT	CTCA	CACTGTGGTA	
			CC			
			SEQ ID NO:167	SEQ ID NO:8179	SEQ ID NO:16191	
		AA	TGTSSDVGGYNFVS	EVSNRPS	SSYTSTGTVV	
			SEQ ID NO:168	SEQ ID NO:8180	SEQ ID NO:16192	
iPS:473253	21-225_7C3_LC1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCT	
			AAGTGATTTAGGC	AGT	CCCCATCACC	
			SEQ ID NO:169	SEQ ID NO:8181	SEQ ID NO:16193	
		AA	RASQGIRSDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:170	SEQ ID NO:8182	SEQ ID NO:16194	
iPS:473254	21-225_7C3_LC2	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGGTTGCA	CAACAGGCTAACAAGTTTCCC	
			CAGCTGGTTAGCC	AAGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:171	SEQ ID NO:8183	SEQ ID NO:16195	
		AA	RASQGISSWLA	AASRLQS	QQANSFPPT	
			SEQ ID NO:172	SEQ ID NO:8184	SEQ ID NO:16196	
iPS:473255	21-225_9F12_LC1	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGAGTTGCA	CAACAGGCTAACAAGTTTCCC	
			CAGGTGGTTAGCC	AAGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:173	SEQ ID NO:8185	SEQ ID NO:16197	
		AA	RASQGISRWLA	AASRLQS	QQANSFPPT	
			SEQ ID NO:174	SEQ ID NO:8186	SEQ ID NO:16198	
iPS:473256	21-225_9F12_LC2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCT	
			AAATGATTTAGGC	AGT	CCCCATCACC	
			SEQ ID NO:175	SEQ ID NO:8187	SEQ ID NO:16199	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYLPT	
			SEQ ID NO:176	SEQ ID NO:8188	SEQ ID NO:16200	
iPS:472742	21-225_30D9_LC2	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC	
			TAAATATGTTTAC	CTCA	TGCGGTA	
			SEQ ID NO:177	SEQ ID NO:8189	SEQ ID NO:16201	
		AA	SGDKLGDKYVY	QDRKRPS	QAWDNSTAV	

FIGURE 49

iPS:472741	21-225_30D9_LC1	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	TTGCAAGGTACACACTGGCC	
			ATCCAGTGATGGAAACACCT	CTCT	TCTCACC	
			TCTTGAAT			
			SEQ ID NO:179	SEQ ID NO:8191	SEQ ID NO:16203	
		AA	RSSQSLVSSDGNTFLN	KVSNWDS	LQGTHWPLT	
			SEQ ID NO:180	SEQ ID NO:8192	SEQ ID NO:16204	
iPS:472743	21-225_68G6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAAATAGTAC	
			TAAATATACTTAC	CTCA	TGCGGTA	
			SEQ ID NO:181	SEQ ID NO:8193	SEQ ID NO:16205	
		AA	SGDKLGDKYTY	QDRKRPS	QAWDNSTAV	
			SEQ ID NO:182	SEQ ID NO:8194	SEQ ID NO:16206	
iPS:392573	21-225_15G2	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCCGGCC	ACCTCATATACAAGCACCAG	
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTGTGGTC	
			CC			
			SEQ ID NO:183	SEQ ID NO:8195	SEQ ID NO:16207	
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVSNRPS	TSYTSTSTVV	
			SEQ ID NO:184	SEQ ID NO:8196	SEQ ID NO:16208	
iPS:392583	21-225_10B10	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC	
			TAAATATGCTTGG	CTCA	TGTGGTT	
			SEQ ID NO:185	SEQ ID NO:8197	SEQ ID NO:16209	
		AA	SGDKLGNKYAW	QDRKRPS	QAWDNSTVV	
			SEQ ID NO:186	SEQ ID NO:8198	SEQ ID NO:16210	
iPS:392585	21-225_14H11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATACCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
			AAAATATGTTTGC	CTCA	TATA	
			SEQ ID NO:187	SEQ ID NO:8199	SEQ ID NO:16211	
		AA	SGDKLGSKYVC	QDTKRPS	QAWDSSTT	
			SEQ ID NO:188	SEQ ID NO:8200	SEQ ID NO:16212	
iPS:392587		NA	TCTGGAGCAGAAATTGGGGG	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGCGCGTGGAACAGCAGCAA	
			ATAAATATGTTTGT	CTCA	TGTGGTA	

【図４９－１０】

【図４９－１１】

FIGURE 49

iPS:392589	21-225_18G5		SEQ ID NO:189	SEQ ID NO:8201	SEQ ID NO:16213	
		AA	SGRGLGDKYVC	QDSRGRPS	QAWNSSNVV	
	21-225_27H12		SEQ ID NO:190	SEQ ID NO:8202	SEQ ID NO:16214	
		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATGGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TTATGTGGTA	
		AA	SGDKLGDKYAS	QDGRKRPS	QAWDSSTYVV	
			SEQ ID NO:192	SEQ ID NO:8204	SEQ ID NO:16216	
iPS:392593	21-225_3E10	NA	GGGGGAAAACAACATTGGAA	AGCGATAGCAACCGGCC	CAGGTGTGGGACAGTAGTAG	
			GTAAAGCTGTGCAC	CTCA	TGATCATGTGGTA	
		AA	GGNNTGSKAVH	SDSNRPS	QVWDSSSDHVV	
			SEQ ID NO:194	SEQ ID NO:8206	SEQ ID NO:16218	
iPS:392596	21-225_12D8	NA	ACCCTAAGCAGTGAGCACAG	GTTAAGAGTGATGGCAG	GGAGAGAGCCACACGATTGA	
			CACCTACACCATCGAA	CCACAGCAAGGGGAAC	TCGCCAAGTCCGGTGTGGTA	
			SEQ ID NO:195	SEQ ID NO:8207	SEQ ID NO:16219	
		AA	TLSSEHSTYTIE	VRSDGSHSKGD	GESHTIDGQVGVV	
			SEQ ID NO:196	SEQ ID NO:8208	SEQ ID NO:16220	
iPS:392598	21-225_16F10	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGA	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
			TAAATATGCTTGG	CTCA	ACTGGTA	
		AA	SGDRLGDKYAW	QDRKRPS	QAWDSSTVV	
			SEQ ID NO:198	SEQ ID NO:8210	SEQ ID NO:16222	
iPS:392618		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCTACCGGTTC	TTTCAAAGTATACAGCTTCC	
			GCAATAGTGATGGAAAAGACCC	TCT	GCTTCACT	
			ATTTGAAT			
			SEQ ID NO:199	SEQ ID NO:8211	SEQ ID NO:16223	
		AA	KSSQSLLHSDGKTHLN	EVSYRFS	FQSIQLPLT	
			SEQ ID NO:200	SEQ ID NO:8212	SEQ ID NO:16224	

【図４９－１２】

FIGURE 49

iPS:392620	21-225_17H5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CAACAGTATCATAGTTACCC	
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYHSTYPFT	
			SEQ ID NO:201	SEQ ID NO:8213	SEQ ID NO:16225	
iPS:392622	21-225_17H8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AAGT	ACTCACT	
		AA	RASQGIRNDLG	GASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:203	SEQ ID NO:8215	SEQ ID NO:16227	
iPS:392624	21-225_17H12	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTATAT	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTTCACT	
		AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPWT	
			SEQ ID NO:205	SEQ ID NO:8217	SEQ ID NO:16229	
iPS:392626	21-225_18A5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:208	SEQ ID NO:8220	SEQ ID NO:16232	
iPS:392628	21-225_20C2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTTCACAATGCTAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHASYPLT	
			SEQ ID NO:210	SEQ ID NO:8222	SEQ ID NO:16234	
iPS:392630	21-225_20E5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:212	SEQ ID NO:8224	SEQ ID NO:16236	

【図４９－１３】

FIGURE 49

iPS:392632	21-225_16A11	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGTATAATAGTTATCC	
			AAATCATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:213	SEQ ID NO:8225	SEQ ID NO:16237	
		AA	RASQDIRNHLG	AASSLQS	LQYNSYPPT	
			SEQ ID NO:214	SEQ ID NO:8226	SEQ ID NO:16238	
iPS:392634	21-225_17B3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCAATATAGTTACCC	
			AAGTGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
			SEQ ID NO:215	SEQ ID NO:8227	SEQ ID NO:16239	
		AA	RASQGIRSDLG	AASSLQS	LQQYSYPRT	
			SEQ ID NO:216	SEQ ID NO:8228	SEQ ID NO:16240	
iPS:392636	21-225_17A6	NA	CGGGCAAGTCAGACCATTAG	GCTGCTTCCAGTTTGCAA	CAACGAGATCACACTCTCCCC	
			CAACTATTTAAAT	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:217	SEQ ID NO:8229	SEQ ID NO:16241	
		AA	RASQTISNYLN	AASSLQS	QQSHTTSPLT	
			SEQ ID NO:218	SEQ ID NO:8230	SEQ ID NO:16242	
iPS:392638	21-225_17P9	NA	CGGGCAAGTCAGGTCATTAG	GCTGTATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATACTTATCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:219	SEQ ID NO:8231	SEQ ID NO:16243	
		AA	RASQVIRNDLG	AVSSLQS	LQHNTYPLT	
			SEQ ID NO:220	SEQ ID NO:8232	SEQ ID NO:16244	
iPS:392640	21-225_18A1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:221	SEQ ID NO:8233	SEQ ID NO:16245	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:222	SEQ ID NO:8234	SEQ ID NO:16246	
iPS:392642	21-225_18C6	NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTTCTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:223	SEQ ID NO:8235	SEQ ID NO:16247	
		AA	RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT	
			SEQ ID NO:224	SEQ ID NO:8236	SEQ ID NO:16248	

【図４９－１４】

FIGURE 49

iPS:392644	21-225_19E1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAAATTACAA	CTACAGCATAATAGTTTCCC	
			AAAATGATTTAGGC	GCTCACT		
		AA	RASQGIRNDLG	AASNLQS	LQHNSPPLT	
			SEQ ID NO:225	SEQ ID NO:8237	SEQ ID NO:16249	
iPS:392646	21-225_20G2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTCCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSFQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:227	SEQ ID NO:8239	SEQ ID NO:16251	
iPS:392648	21-225_16D11	NA	CGGGCAAGTCAGACCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTCACAGTTCCCC	
			CAACTATTTAAAT	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:229	SEQ ID NO:8241	SEQ ID NO:16253	
		AA	RASQTISNYLN	AASSLQS	QQSHSSPLT	
			SEQ ID NO:230	SEQ ID NO:8242	SEQ ID NO:16254	
iPS:392650	21-225_17A4	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	
			CAACTGGTTAGCC	AGT	TCGGACG	
			SEQ ID NO:231	SEQ ID NO:8243	SEQ ID NO:16255	
		AA	RASQGIGNWLA	AASSLQS	QQANSPPRT	
			SEQ ID NO:232	SEQ ID NO:8244	SEQ ID NO:16256	
iPS:392652	21-225_17C6	NA	CGGGCAAGTCAGACATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGAACCCC	
			ITACTTAITTAAAT	AGT	CTTTTTCACT	
			SEQ ID NO:233	SEQ ID NO:8245	SEQ ID NO:16257	
		AA	RASQSINTYLN	AASSLQS	QQSYRTPPFT	
			SEQ ID NO:234	SEQ ID NO:8246	SEQ ID NO:16258	
iPS:392654	21-225_17A10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCATTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:235	SEQ ID NO:8247	SEQ ID NO:16259	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:236	SEQ ID NO:8248	SEQ ID NO:16260	

【図４９－１５】

FIGURE 49

iPS:392656	21-225_1F2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTGTGCA	GCTGCATCCAGTGTGCA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AAGT	AAGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:237	SEQ ID NO:8249	SEQ ID NO:8249	SEQ ID NO:16261
		AA	RASQGIRNDLG	AASSVQS	AASSVQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:238	SEQ ID NO:8250	SEQ ID NO:8250	SEQ ID NO:16262
iPS:392658	21-225_18E8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:239	SEQ ID NO:8251	SEQ ID NO:8251	SEQ ID NO:16263
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:240	SEQ ID NO:8252	SEQ ID NO:8252	SEQ ID NO:16264
iPS:392660	21-225_19B3	NA	CGGGCAGGTCAGAACATTAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTACCCC
			CAACTATTTAAAT	AGT	AGT	TTTCACT
			SEQ ID NO:241	SEQ ID NO:8253	SEQ ID NO:8253	SEQ ID NO:16265
		AA	RAGQNIINYLN	VASSLQS	VASSLQS	QQSYSTPFT
			SEQ ID NO:242	SEQ ID NO:8254	SEQ ID NO:8254	SEQ ID NO:16266
iPS:392664	21-225_20F6	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTCCCCC
			CACCTATTTAAAT	AGT	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:243	SEQ ID NO:8255	SEQ ID NO:8255	SEQ ID NO:16267
		AA	RASQSIITYLN	TASSLQS	TASSLQS	QQTYSPPLT
			SEQ ID NO:244	SEQ ID NO:8256	SEQ ID NO:8256	SEQ ID NO:16268
iPS:392666	21-225_16F11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTGTACA	GCTGCATCCAGTGTACA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AAGT	AAGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:245	SEQ ID NO:8257	SEQ ID NO:8257	SEQ ID NO:16269
		AA	RASQGIRNDLG	AASSVQS	AASSVQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:246	SEQ ID NO:8258	SEQ ID NO:8258	SEQ ID NO:16270
iPS:392668	21-225_17B4	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGAGTTACAGAACCCC
			TAGTTATTTAAAT	AACT	AACT	CTTTTTCACT
			SEQ ID NO:247	SEQ ID NO:8259	SEQ ID NO:8259	SEQ ID NO:16271
		AA	RASQNIISSYLN	GASSLQT	GASSLQT	QQSYRTPFFT
			SEQ ID NO:248	SEQ ID NO:8260	SEQ ID NO:8260	SEQ ID NO:16272

【図４９－１６】

FIGURE 49

iPS:392674	21-225_18C2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:249	SEQ ID NO:8261	SEQ ID NO:16273	
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:250	SEQ ID NO:8262	SEQ ID NO:16274	
iPS:392676	21-225_19F3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATAA	GCTGTTTCCAGTTTGCAA	CTACAGCATGCCAGTTACCC	
			GAAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:251	SEQ ID NO:8263	SEQ ID NO:16275	
		AA	RASQGIRNDLG	AVSSLQS	LQHASYPLT	
			SEQ ID NO:252	SEQ ID NO:8264	SEQ ID NO:16276	
iPS:392678	21-225_20F3	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTGCCCC	
			TAGTTATTTATAT	AGT	TCCATTCACT	
			SEQ ID NO:253	SEQ ID NO:8265	SEQ ID NO:16277	
		AA	RASQSIISSYLY	AASSLQS	QQSYSAPPFT	
			SEQ ID NO:254	SEQ ID NO:8266	SEQ ID NO:16278	
iPS:392680	21-225_20A7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:255	SEQ ID NO:8267	SEQ ID NO:16279	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:256	SEQ ID NO:8268	SEQ ID NO:16280	
iPS:392682	21-225_16A12	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATTATAGTTATCC	
			CACTTATTTAGCC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:257	SEQ ID NO:8269	SEQ ID NO:16281	
		AA	RASQAINTYLA	AASSLQS	QQVYSYPLT	
			SEQ ID NO:258	SEQ ID NO:8270	SEQ ID NO:16282	
iPS:392684	21-225_17F4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:259	SEQ ID NO:8271	SEQ ID NO:16283	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT	
			SEQ ID NO:260	SEQ ID NO:8272	SEQ ID NO:16284	

【図４９－１７】

FIGURE 49

iPS:392686	21-225_17C7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:261	SEQ ID NO:8273	SEQ ID NO:16285	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:262	SEQ ID NO:8274	SEQ ID NO:16286	
iPS:392690	21-225_18F2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:263	SEQ ID NO:8275	SEQ ID NO:16287	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:264	SEQ ID NO:8276	SEQ ID NO:16288	
iPS:392692	21-225_18G10	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	TTTACAGTATAATAGTTACCC	
			CTATTATTTATGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:265	SEQ ID NO:8277	SEQ ID NO:16289	
		AA	RASQDISYYLA	VASSLQS	LQYNSYPFT	
			SEQ ID NO:266	SEQ ID NO:8278	SEQ ID NO:16290	
iPS:392694	21-225_19A5	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAT	GTTGCATCCAAATTTACAA	CAACAGAGTTACAGTCCCCC	
			CAACTATTTAAAT	GGT	TTTCACT	
			SEQ ID NO:267	SEQ ID NO:8279	SEQ ID NO:16291	
		AA	RASQNIINYLN	VASNLQG	QQSYSTPFT	
			SEQ ID NO:268	SEQ ID NO:8280	SEQ ID NO:16292	
iPS:392696	21-225_20A4	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	GCTGCATCCAGTTTGCAC	CAACAGAGTTACAGAAACCCC	
			CAACTATTTAAAT	AGT	CTTATTCACT	
			SEQ ID NO:269	SEQ ID NO:8281	SEQ ID NO:16293	
		AA	RASQSIINYLN	AASSLHS	QQSYRTPLFT	
			SEQ ID NO:270	SEQ ID NO:8282	SEQ ID NO:16294	
iPS:392700	21-225_16E12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:271	SEQ ID NO:8283	SEQ ID NO:16295	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:272	SEQ ID NO:8284	SEQ ID NO:16296	

【図４９－１８】

FIGURE 49

iPS:392702	21-225_17F7	NA	CGGGCAAGTCAGACCATTAG	GCTGCTTCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGAACCCC	
			TAGTTTTTTAAAT	AGT	CTTTTTCACT	
			SEQ ID NO:273	SEQ ID NO:8285	SEQ ID NO:16297	
		AA	RASQTISSFLN	AASSLQS	QQSYRTPFFT	
			SEQ ID NO:274	SEQ ID NO:8286	SEQ ID NO:16298	
iPS:392704	21-225_17F11	NA	CGGGCAAGTCGGACCATTAA	GCTACATCCAGTTTACAA	CAACAGACTTACAGTACCCC	
			CAACTATTTAAAT	AGT	CTTATTCGCT	
			SEQ ID NO:275	SEQ ID NO:8287	SEQ ID NO:16299	
		AA	RASRTINNYLN	ATSSLQS	QQTYSTPLFA	
			SEQ ID NO:276	SEQ ID NO:8288	SEQ ID NO:16300	
iPS:392706	21-225_18A3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:277	SEQ ID NO:8289	SEQ ID NO:16301	
		AA	RASQGIRNDLG	VASSLQS	LQHSSYPLT	
			SEQ ID NO:278	SEQ ID NO:8290	SEQ ID NO:16302	
iPS:392708	21-225_18D11	NA	CGGGCGAGTCAGGGCAATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATACTTACCC	
			CTATTAATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:279	SEQ ID NO:8291	SEQ ID NO:16303	
		AA	RASQGISYYLA	VASSLQS	QQYNTYPFT	
			SEQ ID NO:280	SEQ ID NO:8292	SEQ ID NO:16304	
iPS:392710	21-225_19A10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATGGTTACCC	
			AACTGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:281	SEQ ID NO:8293	SEQ ID NO:16305	
		AA	RASQGIRTDLG	TASSLQS	LQHNGYPWT	
			SEQ ID NO:282	SEQ ID NO:8294	SEQ ID NO:16306	
iPS:392714	21-225_16G12	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATCATAGTTTCCC	
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:283	SEQ ID NO:8295	SEQ ID NO:16307	
		AA	RASQDISNYLA	AASSLQS	QQYHSTPFT	
			SEQ ID NO:284	SEQ ID NO:8296	SEQ ID NO:16308	

【図４９－１９】

FIGURE 49

iPS:392716	21-225_17B5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAATTTGCAAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:285	SEQ ID NO:8297	SEQ ID NO:16309
		AA	RASQGIRNDLG	AASNLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:286	SEQ ID NO:8298	SEQ ID NO:16310
iPS:392718	21-225_17B8	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAATGATTTAGGC	TTGGGTTCTCATCGGGCCC TCC	ATGCAAGTTCTACAAACTCC TCCCCTCACT
			SEQ ID NO:287	SEQ ID NO:8299	SEQ ID NO:16311
		AA	RSSQSLLHSNGNSLD	LGSIRAS	MQVTQTPPLT
			SEQ ID NO:288	SEQ ID NO:8300	SEQ ID NO:16312
iPS:392720	21-225_17A12	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG TAGTTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CAACAGAGTTACAATACCCC CTTATTCACT
			SEQ ID NO:289	SEQ ID NO:8301	SEQ ID NO:16313
		AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSYNTPLFT
			SEQ ID NO:290	SEQ ID NO:8302	SEQ ID NO:16314
iPS:392722	21-225_18B12	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG TAGTTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTACAAA AGT	CAACAGAGTTACAGAACCCC CTTTTTCACT
			SEQ ID NO:291	SEQ ID NO:8303	SEQ ID NO:16315
		AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSYRTPPFT
			SEQ ID NO:292	SEQ ID NO:8304	SEQ ID NO:16316
iPS:392726	21-225_20B5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCACTTTGCAAA TCA	CAAAAGTATAACAGTGCCCC TCCGATCACC
			SEQ ID NO:293	SEQ ID NO:8305	SEQ ID NO:16317
		AA	RASQGINNYLA	AASTLQS	QKYNSAPPIT
			SEQ ID NO:294	SEQ ID NO:8306	SEQ ID NO:16318
iPS:392728	21-225_20F7	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGCTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC TCGGACG
			SEQ ID NO:295	SEQ ID NO:8307	SEQ ID NO:16319
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQANSPPRT

【図４９－２０】

FIGURE 49

iPS:392730	21-225_17A1	NA	CGGGCAAGTCAGACATTAA CAATTATTTAAAT	ACTACATCTAGTTTACAAA AGT	CAACAGAGTTACACTACCCC CACGTGGACG
			SEQ ID NO:297	SEQ ID NO:8309	SEQ ID NO:16321
		AA	RASQNINNYLN	TTSSLQS	QQSYTTPTWT
			SEQ ID NO:298	SEQ ID NO:8310	SEQ ID NO:16322
iPS:392732	21-225_17K5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CTACAACATAATAGTTACCC GTTGACG
			SEQ ID NO:299	SEQ ID NO:8311	SEQ ID NO:16323
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:300	SEQ ID NO:8312	SEQ ID NO:16324
iPS:392734	21-225_17D8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CAGT	CAGCAGTATAATAACTGGCC TCTGACG
			SEQ ID NO:301	SEQ ID NO:8313	SEQ ID NO:16325
		AA	RASQSVSSNLA	GASTRAS	QQYNWPLT
			SEQ ID NO:302	SEQ ID NO:8314	SEQ ID NO:16326
iPS:392736	21-225_17B12	NA	CGGGCAAGTCAGAATATTAA CAACTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CAACAGACTTACACTACCCC CACGTGGACG
			SEQ ID NO:303	SEQ ID NO:8315	SEQ ID NO:16327
		AA	RASQNINNYLN	TASSLQS	QQTYTTPTWT
			SEQ ID NO:304	SEQ ID NO:8316	SEQ ID NO:16328
iPS:392738	21-225_18G4	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA ACT	CAACAGACTTACAGTCCCCC CGCTCACT
			SEQ ID NO:305	SEQ ID NO:8317	SEQ ID NO:16329
		AA	RASQSISSYLN	TASSLQT	QQTYSPPLT
			SEQ ID NO:306	SEQ ID NO:8318	SEQ ID NO:16330
iPS:392740	21-225_18H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAAATTTGCAAA ACT	CTACAACATAATAAATTACCC GTGGACG
			SEQ ID NO:307	SEQ ID NO:8319	SEQ ID NO:16331
		AA	RASQGIRNDLG	TASNLQS	LQHNNYPWT

【図４９－２１】

FIGURE 49

iPS:392742	21-225_20B2	NA	CGGGCAAGTCAGGGACATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAATTACCC TCGGGCG
			SEQ ID NO:309	SEQ ID NO:8321	SEQ ID NO:16333
		AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	LQHYNYPRA
			SEQ ID NO:310	SEQ ID NO:8322	SEQ ID NO:16334
iPS:392744	21-225_20D5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GTTCACT
			SEQ ID NO:311	SEQ ID NO:8323	SEQ ID NO:16335
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSTPFT
			SEQ ID NO:312	SEQ ID NO:8324	SEQ ID NO:16336
iPS:392746	21-225_20H7	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTAA CAATTATTTAGTC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGATTATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:313	SEQ ID NO:8325	SEQ ID NO:16337
		AA	RTSQGINNYLV	AASSLQS	QQYYSYPPFT
			SEQ ID NO:314	SEQ ID NO:8326	SEQ ID NO:16338
iPS:392748	21-225_20A8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA TAATTATTTAGTC	GCTGCATCCAGTTTGCTG GATCACC	CAACAGTATAATAGTTACCC GATCACC
			SEQ ID NO:315	SEQ ID NO:8327	SEQ ID NO:16339
		AA	RASQGINNYLV	AASSLLS	QQYNSYPIT
			SEQ ID NO:316	SEQ ID NO:8328	SEQ ID NO:16340
iPS:392750	21-225_20A10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGATACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:317	SEQ ID NO:8329	SEQ ID NO:16341
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNRYPLT
			SEQ ID NO:318	SEQ ID NO:8330	SEQ ID NO:16342
iPS:392754	21-225_21D3	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAC TGGTTATTCAAAT	GCTACATACAGTTTGGA AAGT	CAACAGAGTTACAGTACCTC GATCACC
			SEQ ID NO:319	SEQ ID NO:8331	SEQ ID NO:16343
		AA	RASQSITGYSN	ATYSLES	QQSYSTSIT

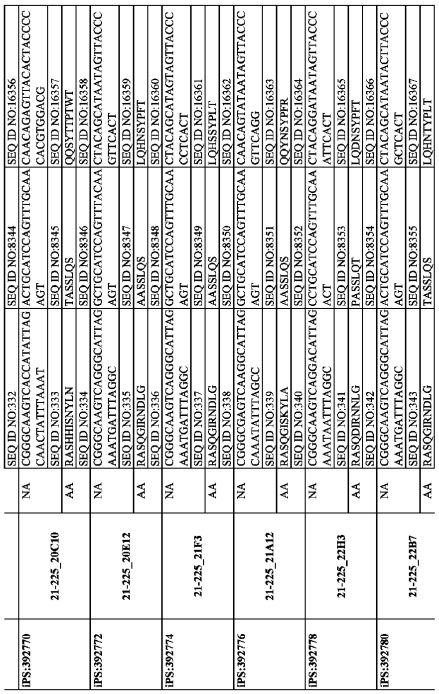
【図４９－２２】

FIGURE 49

iPS:392758	21-225_21G11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAACATAATAATTACCC GTGGACG
			SEQ ID NO:321	SEQ ID NO:8333	SEQ ID NO:16345
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNNYPWT
			SEQ ID NO:322	SEQ ID NO:8334	SEQ ID NO:16346
iPS:392760	21-225_22G3	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG TAATTATTTAAAT	GCTGCTTCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTTCAGAACCCC CTTTTTCACT
			SEQ ID NO:323	SEQ ID NO:8335	SEQ ID NO:16347
		AA	RASQSISNYLN	AASSLQS	QQSRTPFFT
			SEQ ID NO:324	SEQ ID NO:8336	SEQ ID NO:16348
iPS:392762	21-225_22G5	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AAT	CAACAGAGTTACAGAACCCC CTTATTCACT
			SEQ ID NO:325	SEQ ID NO:8337	SEQ ID NO:16349
		AA	RASQNISSYLN	AASSLQN	QQSYRTPLFT
			SEQ ID NO:326	SEQ ID NO:8338	SEQ ID NO:16350
iPS:392764	21-225_22G10	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTTT CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTACAA AGT	CAACAGAGTTTCAGAACCCC CTTATTCACT
			SEQ ID NO:327	SEQ ID NO:8339	SEQ ID NO:16351
		AA	RASQSIFSYLN	AASSLQS	QQSRTPLFT
			SEQ ID NO:328	SEQ ID NO:8340	SEQ ID NO:16352
iPS:392766	21-225_23H4	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG CAAGTATTTAAAT	TCTACATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTACCCC CACGTGGACG
			SEQ ID NO:329	SEQ ID NO:8341	SEQ ID NO:16353
		AA	RASQNISSYLN	SFSSLQS	QQSYSTPTWT
			SEQ ID NO:330	SEQ ID NO:8342	SEQ ID NO:16354
iPS:392768	21-225_20H8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAACTTAGCC	GCTGCATCCACCAGGGC CAGT	CAGCAGTATAATAACTGTCC TCTGACG
			SEQ ID NO:331	SEQ ID NO:8343	SEQ ID NO:16355
		AA	RASQSVSSNLA	GASTRAS	QQYNNCPLT

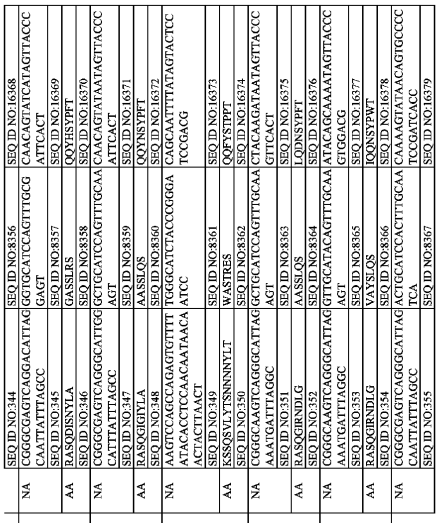
【図４９－２３】

FIGURE 49



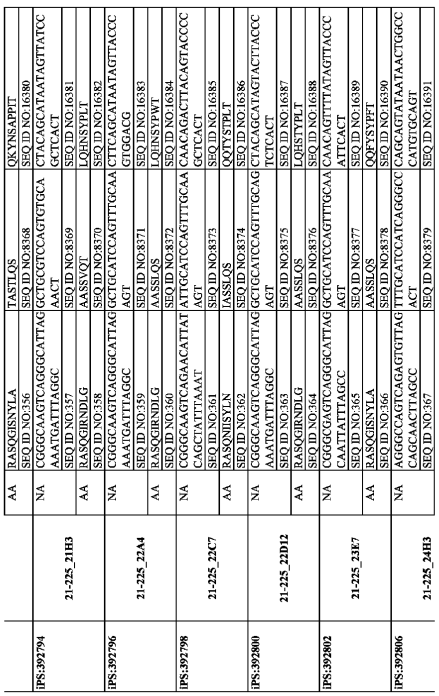
【図４９－２４】

FIGURE 49



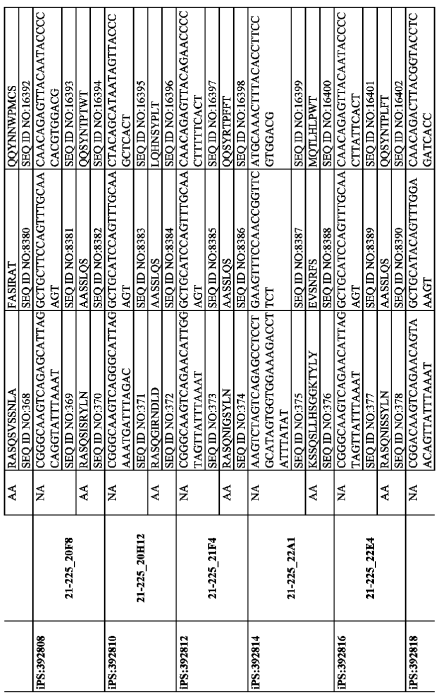
【図４９－２５】

FIGURE 49



【図４９－２６】

FIGURE 49



【図４９－２７】

FIGURE 49

	21-225_23H11		SEQ ID NO:403	SEQ ID NO:8415	SEQ ID NO:16427
		AA	RASQGIRNDLG	PASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:404	SEQ ID NO:8416	SEQ ID NO:16428
IPS:392846	21-225_24B6	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAC	CTACAGCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:405	SEQ ID NO:8417	SEQ ID NO:16429
		AA	RASQDIRNDLG	AASSLHS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:406	SEQ ID NO:8418	SEQ ID NO:16430
IPS:392848	21-225_20F9	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATCATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:407	SEQ ID NO:8419	SEQ ID NO:16431
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYHSYPWT
			SEQ ID NO:408	SEQ ID NO:8420	SEQ ID NO:16432
IPS:392850	21-225_20H10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATAATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:409	SEQ ID NO:8421	SEQ ID NO:16433
		AA	RASQGIKNNLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:410	SEQ ID NO:8422	SEQ ID NO:16434
IPS:392852	21-225_21A2	NA	CGGGCAAGTCAGAGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGAACCCC
			TAGTTATTTAAAT	AGT	CTTTTTCACT
			SEQ ID NO:411	SEQ ID NO:8423	SEQ ID NO:16435
		AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSYRTPPPT
			SEQ ID NO:412	SEQ ID NO:8424	SEQ ID NO:16436
IPS:392854	21-225_21E5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTACATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	CCTCACT
			SEQ ID NO:413	SEQ ID NO:8425	SEQ ID NO:16437
		AA	RASQGIRNDLG	AITSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:414	SEQ ID NO:8426	SEQ ID NO:16438
IPS:392856		NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTTCCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	GCTCACT

	21-225_22A2		SEQ ID NO:415	SEQ ID NO:8427	SEQ ID NO:16439
		AA	RASQDISNYLA	AASSLQS	QQYNSPPLT
			SEQ ID NO:416	SEQ ID NO:8428	SEQ ID NO:16440
IPS:392858	21-225_22H4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTGTGCA	CTACAGCATAATAGTTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:417	SEQ ID NO:8429	SEQ ID NO:16441
		AA	RASQGIRNDLG	AASSYQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:418	SEQ ID NO:8430	SEQ ID NO:16442
IPS:392860	21-225_22H8	NA	AAGTCTAGTCAGACGCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
			GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT	GCTCTCA
			TTTTGTTAT		
			SEQ ID NO:419	SEQ ID NO:8431	SEQ ID NO:16443
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EVSNRFS	MQSIQLPLS
			SEQ ID NO:420	SEQ ID NO:8432	SEQ ID NO:16444
IPS:392864	21-225_23B9	NA	AGGGCCAGTCAGAATGTTTA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CAGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:421	SEQ ID NO:8433	SEQ ID NO:16445
		AA	RASQNVYSSYLA	GASSRAS	QQYGSSPRT
			SEQ ID NO:422	SEQ ID NO:8434	SEQ ID NO:16446
IPS:392866	21-225_23H11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCAATAATCGTTACCC
			AAATGATTTAGAC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:423	SEQ ID NO:8435	SEQ ID NO:16447
		AA	RASQGIRNDLD	AASSLQS	LQHNRYPLT
			SEQ ID NO:424	SEQ ID NO:8436	SEQ ID NO:16448
IPS:392868	21-225_24D6	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAA	GATGCATCCGATTTGGA	CAACAGTATGAAAATCTCCC
			CAACTATTTAAAT	AACA	GATCACC
			SEQ ID NO:425	SEQ ID NO:8437	SEQ ID NO:16449
		AA	QASQDINNYLN	DASDLET	QQYDNLPIT
			SEQ ID NO:426	SEQ ID NO:8438	SEQ ID NO:16450

【図４９－２８】

FIGURE 49

	21-225_22D8		SEQ ID NO:379	SEQ ID NO:8391	SEQ ID NO:16403
		AA	RTSQNSNSYLN	AAYSLES	QQTYGTSIT
			SEQ ID NO:380	SEQ ID NO:8392	SEQ ID NO:16404
IPS:392820	21-225_23D1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATCA	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAGTAGTTACCC
			GAAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:381	SEQ ID NO:8393	SEQ ID NO:16405
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT
			SEQ ID NO:382	SEQ ID NO:8394	SEQ ID NO:16406
IPS:392822	21-225_23C8	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GGTGCATCCAGTGTGCA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AAGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:383	SEQ ID NO:8395	SEQ ID NO:16407
		AA	RASQGIRNDLG	GASSVQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:384	SEQ ID NO:8396	SEQ ID NO:16408
IPS:392824	21-225_24E5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTAATTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:385	SEQ ID NO:8397	SEQ ID NO:16409
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSNYPLT
			SEQ ID NO:386	SEQ ID NO:8398	SEQ ID NO:16410
IPS:392826	21-225_20B9	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATACTTATCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:387	SEQ ID NO:8399	SEQ ID NO:16411
		AA	RASQGISNYLA	VASSLQS	QQYNTYPFT
			SEQ ID NO:388	SEQ ID NO:8400	SEQ ID NO:16412
IPS:392830	21-225_21A5	NA	CGGGCAAGTCAGACCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAATATCTC
			CAGCCATTTAAAT	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:389	SEQ ID NO:8401	SEQ ID NO:16413
		AA	RASQTISSHLN	AASSLQS	QQSYNISPT
			SEQ ID NO:390	SEQ ID NO:8402	SEQ ID NO:16414
IPS:392832		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG

【図４９－２９】

FIGURE 49

	21-225_21H8		SEQ ID NO:391	SEQ ID NO:8403	SEQ ID NO:16415
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:392	SEQ ID NO:8404	SEQ ID NO:16416
IPS:392834	21-225_22C1	NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTACTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:393	SEQ ID NO:8405	SEQ ID NO:16417
		AA	RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSTYPLT
			SEQ ID NO:394	SEQ ID NO:8406	SEQ ID NO:16418
IPS:392836	21-225_22F4	NA	CGGGCAAGTCAGGTCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACACCACTATAGTTATCC
			AGATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:395	SEQ ID NO:8407	SEQ ID NO:16419
		AA	RASQVIRDDLG	AASSLQS	LHHTYPRT
			SEQ ID NO:396	SEQ ID NO:8408	SEQ ID NO:16420
IPS:392838	21-225_22G8	NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:397	SEQ ID NO:8409	SEQ ID NO:16421
		AA	RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:398	SEQ ID NO:8410	SEQ ID NO:16422
IPS:392840	21-225_23G1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAG	CAACAGTATAATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:399	SEQ ID NO:8411	SEQ ID NO:16423
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPFT
			SEQ ID NO:400	SEQ ID NO:8412	SEQ ID NO:16424
IPS:392842	21-225_23G8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
			AAATTATTTAGCC	AGT	TTTCACT
			SEQ ID NO:401	SEQ ID NO:8413	SEQ ID NO:16425
		AA	RASQGIRNYLA	AASSLQS	QQYNSYPFT
			SEQ ID NO:402	SEQ ID NO:8414	SEQ ID NO:16426
IPS:392844		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	CCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG

10

20

30

40

50

【図４９－３１】

FIGURE 49

iPS:392870	21-225_20G9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	AGT	CTACAGCATACGTACTTACCC
			AAATGATTTAGGC		SEQ ID NO:8439	TCTCACT
		AA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTTCATCCAGTTTGCAA	SEQ ID NO:427	SEQ ID NO:16451
			AAATGATTTAGGC		AASSLQS	LQHSTYPLT
			SEQ ID NO:451	SEQ ID NO:8463	SEQ ID NO:428	SEQ ID NO:16452
iPS:392872	21-225_20B11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCATT	CTACAGCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC		AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:429	SEQ ID NO:8441	SEQ ID NO:8443	SEQ ID NO:16453
		AA	RASQGIGNDLG	AASSLHS	LQHYSYPRT	
			SEQ ID NO:430	SEQ ID NO:8442	SEQ ID NO:8446	SEQ ID NO:16454
iPS:392874	21-225_21D2	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GATACATCCAGTTTGCA	CAACAGACTTACAATATTCT	
			CGACTATTTAAAT	AAGT	TCCCGGAGCGCAGT	
		AA	RASQSISDYLN	DTSSLQS	QQTYNILPERS	
			SEQ ID NO:432	SEQ ID NO:8444	SEQ ID NO:8448	SEQ ID NO:16456
iPS:392876	21-225_21F7	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAATTTTCAA	CTACAGCATAATAATTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
		AA	RASQDIRNDLG	AASNFQS	LQHNNYPWT	
			SEQ ID NO:434	SEQ ID NO:8446	SEQ ID NO:8438	
iPS:392878	21-225_22C5	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG	GCTGCATCCGTTTTGCAAA	CAACAGAGTTACAGAACCCC	
			CAGCTATTTAAAT	CAT	CTTATTCACT	
		AA	RASQNISSYLN	AASVLQH	QQSYRTPLFT	
			SEQ ID NO:436	SEQ ID NO:8448	SEQ ID NO:16460	
iPS:392880	21-225_22F9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
			SEQ ID NO:437	SEQ ID NO:8449	SEQ ID NO:16461	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	
			SEQ ID NO:438	SEQ ID NO:8450	SEQ ID NO:16462	

【図４９－３２】

FIGURE 49

iPS:392882	21-225_23A3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTGTGCA	CTACAGCATAAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AAGT	GCTCACT	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSVQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:440	SEQ ID NO:8452	SEQ ID NO:16464	
iPS:392884	21-225_23A10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTGCAACATTATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	
			SEQ ID NO:442	SEQ ID NO:8454	SEQ ID NO:16466	
iPS:392886	21-225_23A12	NA	AAGTCCACGCCAGAGTGTTTT	TGGACATCTACCCGGGA	CAGCAGTATATTGATACTCC	
			ATACAGCTCCCAACAATAACA	ATCC	TCCGACG	
			ATTATTTAGCT			
		AA	KSSQSVLYSSNNNNYLA	WTSTRES	QQYYDTPPT	
			SEQ ID NO:444	SEQ ID NO:8456	SEQ ID NO:16468	
iPS:392888	21-225_25A2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAATTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTACACAGTTTCC	
			ACATAGTGAAGGAAAGACC	TCT	GCTCACT	
			TATTTGTAT			
		AA	KSSQGIRNDLG	AASSLQS	QQYNSYPPT	
			SEQ ID NO:445	SEQ ID NO:8457	SEQ ID NO:16469	
			KSSQSLLHSEGKTYLY	EISNRFS	MQSTQFPLT	
		AA	SEQ ID NO:446	SEQ ID NO:8458	SEQ ID NO:16470	
iPS:392890	21-225_20H9	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC	
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	SEQ ID NO:8459	SEQ ID NO:16471
			SEQ ID NO:447	SEQ ID NO:8459	QQYNSYPPT	
			RASQGISNYLA	AASSLQS	SEQ ID NO:8460	SEQ ID NO:16472
iPS:392892	21-225_20C11	NA	CGGGCGAGTCAGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGTATCATAGTTTCCC	
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:449	SEQ ID NO:8461	SEQ ID NO:16473	

【図４９－３３】

FIGURE 49

iPS:392894	21-225_21G2	AA	RASQDISNYLA	AASSLQS	QQYHSTPFT	
			SEQ ID NO:450	SEQ ID NO:8462	SEQ ID NO:16474	
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTTCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:451	SEQ ID NO:8463	SEQ ID NO:16475	
		AA	RASQGIRNDLG	TSSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:452	SEQ ID NO:8464	SEQ ID NO:16476	
iPS:392896	21-225_21G7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCGTTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:453	SEQ ID NO:8465	SEQ ID NO:16477	
		AA	RASQCVRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT	
			SEQ ID NO:454	SEQ ID NO:8466	SEQ ID NO:16478	
iPS:392898	21-225_21H10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTTTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACG	
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	CAGT	
		AA	RASQSFSSSYLA	GASSRAT	QQYGSSRS	
			SEQ ID NO:456	SEQ ID NO:8468	SEQ ID NO:16480	
iPS:392900	21-225_22F2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:457	SEQ ID NO:8469	SEQ ID NO:16481	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:458	SEQ ID NO:8470	SEQ ID NO:16482	
iPS:392902	21-225_22D5	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTT	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	
			TAGTTATTTAAAT	AGT	CTTATTCACT	
			SEQ ID NO:459	SEQ ID NO:8471	SEQ ID NO:16483	
		AA	RASQNIESYLN	AASSLQS	QQSYSTPLFT	
			SEQ ID NO:460	SEQ ID NO:8472	SEQ ID NO:16484	
iPS:392904	21-225_22G9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCTTCCAGTTTGCAA	CTACAGCATGCCACAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:461	SEQ ID NO:8473	SEQ ID NO:16485	

【図４９－３４】

FIGURE 49

iPS:392908	21-225_23F12	AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHASTYPLT	
			SEQ ID NO:462	SEQ ID NO:8474	SEQ ID NO:16486	
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:463	SEQ ID NO:8475	SEQ ID NO:16487	
		AA	RASQGIRNDLG	VASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:464	SEQ ID NO:8476	SEQ ID NO:16488	
iPS:392912	21-225_25A9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:465	SEQ ID NO:8477	SEQ ID NO:16489	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT	
			SEQ ID NO:466	SEQ ID NO:8478	SEQ ID NO:16490	
iPS:392914	21-225_25D12	NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATTATAGTTTCCCT	
			AAATGATTTAGGC	AGT	CGGACG	
			SEQ ID NO:467	SEQ ID NO:8479	SEQ ID NO:16491	
		AA	RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSPPRT	
			SEQ ID NO:468	SEQ ID NO:8480	SEQ ID NO:16492	
iPS:392916	21-225_27C5	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTATGACAGTTTCCC	
			CAGCTGGTTAGCC	AAGT	TCGGACG	
			SEQ ID NO:469	SEQ ID NO:8481	SEQ ID NO:16493	
		AA	RASQGISSWLA	GASSLQS	QQYDSPPRT	
			SEQ ID NO:470	SEQ ID NO:8482	SEQ ID NO:16494	
iPS:392918	21-225_28R5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATACTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:471	SEQ ID NO:8483	SEQ ID NO:16495	
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNTYPWT	
			SEQ ID NO:472	SEQ ID NO:8484	SEQ ID NO:16496	
iPS:392920	21-225_29G4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:473	SEQ ID NO:8485	SEQ ID NO:16497	

【図４９－３５】

FIGURE 49

	AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
iPS:392922		SEQ ID NO:474	SEQ ID NO:8486	SEQ ID NO:16498
	NA	CGGGCAACTCAGAACATTTT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACTCAGCTACAGTCCCCC
21-225_30G4		CAGCTATTTAAAT	GGT	GTACACT
	AA	SEQ ID NO:475	SEQ ID NO:8487	SEQ ID NO:16499
		KATQNIPSYLN	TASSLQG	QLSYSPPYT
iPS:392924	AA	SEQ ID NO:476	SEQ ID NO:8488	SEQ ID NO:16500
	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAACTTTCCAACCGGTTC	TTGCAAAGTATACAATATCC
21-225_32H2		CCATAGTGATGGAAGGACCT	TCT	CATCACC
		ATTTGTAT		
	AA	SEQ ID NO:477	SEQ ID NO:8489	SEQ ID NO:16501
		RSSQSLLHSDGRTYLY	FLSNRFS	LQSIQYPIT
iPS:392928	AA	SEQ ID NO:478	SEQ ID NO:8490	SEQ ID NO:16502
	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAGTATTATAGTACTCC
21-225_25A4		ATACAGCTCCCACAATAACA	ATCC	TCCGACG
		ACTACTTAACT		
	AA	KSSQSLLHGDGKTYLF	EVSNRFS	MQSIQLPWT
	AA	SEQ ID NO:479	SEQ ID NO:8491	SEQ ID NO:16503
iPS:392934		KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
	NA	SEQ ID NO:480	SEQ ID NO:8492	SEQ ID NO:16504
21-225_27D5		CGGGCCAAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTCTGACAGTTTCCC
		TAGTTGGTTAGCC	AAGT	TCGGACG
	AA	SEQ ID NO:481	SEQ ID NO:8493	SEQ ID NO:16505
		KSSQSLLHSDGKTYLY	EVSHRFS	MQSIQHPFT
	AA	SEQ ID NO:482	SEQ ID NO:8494	SEQ ID NO:16506
iPS:392938	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
21-225_29H4		AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
		ATTTGTAT	SEQ ID NO:8495	SEQ ID NO:16507
	AA	SEQ ID NO:483	RASQGIRNDLG	LQHNSYPPT
	AA	SEQ ID NO:484	AASSLQS	SEQ ID NO:16508

【図４９－３６】

FIGURE 49

	NA	CGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATGCATTGTACACACTGGCT
21-225_28B6		ATATAGTGATGGAGACACCT	CTCT	CCTT
		ACTTGAAT		
	AA	SEQ ID NO:485	SEQ ID NO:8497	SEQ ID NO:16509
		RSSQSLVYSDGDTYLN	KVSNWDS	MHCTHWLL
	AA	SEQ ID NO:486	SEQ ID NO:8498	SEQ ID NO:16510
iPS:392936	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAGGTTTCCCACCGGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCATCC
21-225_29H4		GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTTCACT
		ATTTGTAT		
	AA	SEQ ID NO:487	SEQ ID NO:8499	SEQ ID NO:16511
		KSSQSLLHSDGKTYLY	EVSHRFS	MQSIQHPFT
	AA	SEQ ID NO:488	SEQ ID NO:8500	SEQ ID NO:16512
iPS:392940	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATACTTACCC
21-225_29D9		AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
		SEQ ID NO:489	SEQ ID NO:8501	SEQ ID NO:16513
	AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHINTYPFT
		SEQ ID NO:490	SEQ ID NO:8502	SEQ ID NO:16514
iPS:392942	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GGTGCATTCAGCTTGCA	CTACAGCATACTAGTTACCC
21-225_30E9		AGATGATTTAGGC	AAGT	TCCTACT
		SEQ ID NO:491	SEQ ID NO:8503	SEQ ID NO:16515
	AA	RASQDIRDDLG	GAFSLQS	LQHTSYPPT
		SEQ ID NO:492	SEQ ID NO:8504	SEQ ID NO:16516
iPS:392944	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	ATACACATATTATTTACCC
21-225_31H5		AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT
		SEQ ID NO:493	SEQ ID NO:8505	SEQ ID NO:16517
	AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	IQHIDYPPT
		SEQ ID NO:494	SEQ ID NO:8506	SEQ ID NO:16518
iPS:392948	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
21-225_25G5		AAATGATTTAGGC	ACT	CTTCACT
		SEQ ID NO:495	SEQ ID NO:8507	SEQ ID NO:16519

【図４９－３７】

FIGURE 49

	AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT
iPS:392950		SEQ ID NO:496	SEQ ID NO:8508	SEQ ID NO:16520
	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATCATAGTTACCC
21-225_25C10		CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
		SEQ ID NO:497	SEQ ID NO:8509	SEQ ID NO:16521
	AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYHSYPFT
		SEQ ID NO:498	SEQ ID NO:8510	SEQ ID NO:16522
iPS:392952	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCGA	CAACAGTATCATAGTTACCC
21-225_26G1		CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
		SEQ ID NO:499	SEQ ID NO:8511	SEQ ID NO:16523
	AA	RASQDISNYLA	AASSLRS	QQYHSYPFT
		SEQ ID NO:500	SEQ ID NO:8512	SEQ ID NO:16524
iPS:392954	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGCTTGCA	CAACAGAGTTACAGTACCCC
21-225_26A10		CAGCTATTTAAAT	AAGT	TACGTGGACG
		SEQ ID NO:501	SEQ ID NO:8513	SEQ ID NO:16525
	AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSYSTPTWT
		SEQ ID NO:502	SEQ ID NO:8514	SEQ ID NO:16526
iPS:392956	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTCTGACAGTTTCCC
21-225_27A11		TAGTTGGTTAGCC	AAGT	TCGGACG
		SEQ ID NO:503	SEQ ID NO:8515	SEQ ID NO:16527
	AA	RASQGISSWLA	GASSLQS	QQSDSFPRT
		SEQ ID NO:504	SEQ ID NO:8516	SEQ ID NO:16528
iPS:392958	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ATTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATACTTACCC
21-225_28C7		AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
		SEQ ID NO:505	SEQ ID NO:8517	SEQ ID NO:16529
	AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNTYPWT
		SEQ ID NO:506	SEQ ID NO:8518	SEQ ID NO:16530
iPS:392960	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTTCCCGGGA	CAGCAGTATTATAGTACTCC
21-225_29E6		ATACAGCTCCCACAATAACT	ATCC	TCCGACG
		ACTACTTAACT		

【図４９－３８】

FIGURE 49

	AA	KSSQSLVYSSINNYYLT	WASSRES	QQYYSTPPT
iPS:392962		SEQ ID NO:508	SEQ ID NO:8520	SEQ ID NO:16532
	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATCATAGTTACCC
21-225_30A1		CAATTATTTAGCC	ACT	ATTCACT
		SEQ ID NO:509	SEQ ID NO:8521	SEQ ID NO:16533
	AA	RASQGISNYLA	AASSLQT	QQYNSYPPT
iPS:392964		SEQ ID NO:510	SEQ ID NO:8522	SEQ ID NO:16534
	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGTATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC
21-225_31A8		AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT
		SEQ ID NO:511	SEQ ID NO:8523	SEQ ID NO:16535
	AA	RASQDIRSDLG	AVSSLQS	LQHTYPPT
iPS:392966		SEQ ID NO:512	SEQ ID NO:8524	SEQ ID NO:16536
	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GATACATCCAGTTTGCA	CAACAGTATCATAGTTACCC
21-225_32G3		CAATTATTTAGCC	AAGT	GCTCACT
		SEQ ID NO:513	SEQ ID NO:8525	SEQ ID NO:16537
	AA	RASQAISNYLA	DTSSLQS	QQYHSYPLT
iPS:392968		SEQ ID NO:514	SEQ ID NO:8526	SEQ ID NO:16538
	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	CGTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
21-225_25B6		AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
		SEQ ID NO:515	SEQ ID NO:8527	SEQ ID NO:16539
	AA	RASQGIRNDLG	RASSLQS	LQHSNSYPFT
		SEQ ID NO:516	SEQ ID NO:8528	SEQ ID NO:16540
iPS:392972	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAG	CTACAGCATAATCGTTACCC
21-225_26A2		AAGTGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
		SEQ ID NO:517	SEQ ID NO:8529	SEQ ID NO:16541
	AA	RASQGIRSDLG	TASSLQS	LQHNRYPWT
		SEQ ID NO:518	SEQ ID NO:8530	SEQ ID NO:16542
iPS:392974	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAATTACCC
		AAATGATTTAGGC	AGT	TCGCAGT

【図４９－３９】

FIGURE 49

iPS:392976	21-225_26A11			SEQ ID NO:519	SEQ ID NO:8531	SEQ ID NO:16543
			AA	RASQAIRNDLG	AASSLQS	LQITNYPRS
				SEQ ID NO:520	SEQ ID NO:8532	SEQ ID NO:16544
	21-225_27H12		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTATTATAGTTACCC
				CAATTATTTAGCC	AAGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:521	SEQ ID NO:8533	SEQ ID NO:16545
			AA	RASQGISNYLA	GASSLQS	QQYYSYPPT
				SEQ ID NO:522	SEQ ID NO:8534	SEQ ID NO:16546
iPS:392978	21-225_28B8		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:523	SEQ ID NO:8535	SEQ ID NO:16547
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
				SEQ ID NO:524	SEQ ID NO:8536	SEQ ID NO:16548
iPS:392980	21-225_29H6		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
				SEQ ID NO:525	SEQ ID NO:8537	SEQ ID NO:16549
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:526	SEQ ID NO:8538	SEQ ID NO:16550
iPS:392982	21-225_30D11		NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC
				AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT
				SEQ ID NO:527	SEQ ID NO:8539	SEQ ID NO:16551
			AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTYPPT
				SEQ ID NO:528	SEQ ID NO:8540	SEQ ID NO:16552
iPS:392984	21-225_30E11		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC
				CAACTATTTAAAT	AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:529	SEQ ID NO:8541	SEQ ID NO:16553
			AA	RASQSISNYLN	AASSLQS	QQSYSTPPT
				SEQ ID NO:530	SEQ ID NO:8542	SEQ ID NO:16554
iPS:392986			NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CTACAGCATATTATTTACCCT
				AAGTGATTTAGGC	AAGT	CCTACT

【図４９－４０】

FIGURE 49

iPS:392988	21-225_31B8			SEQ ID NO:531	SEQ ID NO:8543	SEQ ID NO:16555
			AA	RASQDIRSDLG	GASSLQS	LQHITYPPT
				SEQ ID NO:532	SEQ ID NO:8544	SEQ ID NO:16556
	21-225_25E6		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
				SEQ ID NO:533	SEQ ID NO:8545	SEQ ID NO:16557
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:534	SEQ ID NO:8546	SEQ ID NO:16558
iPS:392990	21-225_25H10		NA	CGGGCAAGTCCGGGGCATTAG	GCTGCATTCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
				SEQ ID NO:535	SEQ ID NO:8547	SEQ ID NO:16559
			AA	RASRGIRNDLG	AAFSLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:536	SEQ ID NO:8548	SEQ ID NO:16560
iPS:392992	21-225_26C4		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
				ATACCGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCGACG
				ACTACTTAGCT		
				SEQ ID NO:537	SEQ ID NO:8549	SEQ ID NO:16561
			AA	KSSQSVLYRSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
				SEQ ID NO:538	SEQ ID NO:8550	SEQ ID NO:16562
iPS:392994	21-225_26G11		NA	AAGTCTAGTCAGACCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATAAAGCTTCC
				TGACTGGTTAGCC	TCT	GCTCACT
				SEQ ID NO:541	SEQ ID NO:8553	SEQ ID NO:16565
			AA	RASQAINDWLA	AASSHQS	QQASSPPPT
				SEQ ID NO:542	SEQ ID NO:8554	SEQ ID NO:16566

【図４９－４１】

FIGURE 49

iPS:392998	21-225_28A9		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCTTCTAGTTTGCAA	CTACAGCATAATCGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AAT	ATTCACT
				SEQ ID NO:543	SEQ ID NO:8555	SEQ ID NO:16567
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQN	LQINRYPPT
				SEQ ID NO:544	SEQ ID NO:8556	SEQ ID NO:16568
iPS:393000	21-225_29D7		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:545	SEQ ID NO:8557	SEQ ID NO:16569
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
				SEQ ID NO:546	SEQ ID NO:8558	SEQ ID NO:16570
iPS:393002	21-225_30G1		NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTA	GCTGCATCCAGTTTGCAT	CAACAGAGTTACAGTACTCC
				CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
				SEQ ID NO:547	SEQ ID NO:8559	SEQ ID NO:16571
			AA	RASQNIYSYLN	AASSLHS	QQSYSTPLT
				SEQ ID NO:548	SEQ ID NO:8560	SEQ ID NO:16572
iPS:393004	21-225_30G11		NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC
				AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT
				SEQ ID NO:549	SEQ ID NO:8561	SEQ ID NO:16573
			AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTYPPT
				SEQ ID NO:550	SEQ ID NO:8562	SEQ ID NO:16574
iPS:393006	21-225_31G9		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	CCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGGATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	TTTCACT
				SEQ ID NO:551	SEQ ID NO:8563	SEQ ID NO:16575
			AA	RASQGIRNDLG	PASSLQS	LQDNSYPPT
				SEQ ID NO:552	SEQ ID NO:8564	SEQ ID NO:16576
iPS:393010	21-225_25E11		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
				CAACTGGTTAGCC	GGT	AATCACT
				SEQ ID NO:553	SEQ ID NO:8565	SEQ ID NO:16577
			AA	RASQGISNWLA	TASSLQG	QQANSTPIT
				SEQ ID NO:554	SEQ ID NO:8566	SEQ ID NO:16578

【図４９－４２】

FIGURE 49

iPS:393012	21-225_26G7		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGCTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
				GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT	GCTCACT
				TATTTGTAT		
				SEQ ID NO:555	SEQ ID NO:8567	SEQ ID NO:16579
			AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSHRLS	MQSIQLPLT
				SEQ ID NO:556	SEQ ID NO:8568	SEQ ID NO:16580
iPS:393014	21-225_26D12		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTCTGACAGTTTCCC
				TAGTTGGTTAGCC	AAGT	TCGGACG
				SEQ ID NO:557	SEQ ID NO:8569	SEQ ID NO:16581
			AA	RASQGISSWLA	GASSLQS	QQSDSPPRT
				SEQ ID NO:558	SEQ ID NO:8570	SEQ ID NO:16582
iPS:393016	21-225_28F11		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAAATTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTCTCCC
				CAACTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:559	SEQ ID NO:8571	SEQ ID NO:16583
			AA	RASQGISNWLA	AASNLQS	QQANSLPPT
				SEQ ID NO:560	SEQ ID NO:8572	SEQ ID NO:16584
iPS:393018	21-225_29B8		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
				SEQ ID NO:561	SEQ ID NO:8573	SEQ ID NO:16585
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:562	SEQ ID NO:8574	SEQ ID NO:16586
iPS:393020	21-225_30E2		NA	CAGGCGAGTCAGTCAGTTAG	GATGGATCCAGTTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCTCCC
				CAACTATTTAAAT	AACA	GATCACC
				SEQ ID NO:563	SEQ ID NO:8575	SEQ ID NO:16587
			AA	QASQYISNYLN	DGSSLET	QQYDNLPIT
				SEQ ID NO:564	SEQ ID NO:8576	SEQ ID NO:16588
iPS:393022	21-225_30H11		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	CCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGGATAATAGTCATCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:565	SEQ ID NO:8577	SEQ ID NO:16589
			AA	RASQGIRNDLG	PASSLQS	LQDNSHPPT

【図４９－４３】

FIGURE 49

iPS:393024	21-225_31H9	NA	SEQ ID NO:566	SEQ ID NO:8578	SEQ ID NO:16590
			CGGGCGAGTCAGGGTATTAC AAT	GATACATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGGTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:567	SEQ ID NO:8579	SEQ ID NO:16591
		AA	RASQGITSWLT	DTSSLQS	QQSNSYPPFT
			SEQ ID NO:568	SEQ ID NO:8580	SEQ ID NO:16592
iPS:393026	21-225_32B6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ATTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GTGGACG
			SEQ ID NO:569	SEQ ID NO:8581	SEQ ID NO:16593
		AA	RASQGIRNDLG	IASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:570	SEQ ID NO:8582	SEQ ID NO:16594
iPS:393028	21-225_25D7	NA	CGGGCGAGTCAGGATATTTT AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGGCTTACAGTTTCCC GTGGACG
			SEQ ID NO:571	SEQ ID NO:8583	SEQ ID NO:16595
		AA	RASQDIFDWLA	AASSLQS	QQAYSPPWT
			SEQ ID NO:572	SEQ ID NO:8584	SEQ ID NO:16596
iPS:393030	21-225_25H11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AACT	GCTGCATCCAGTTTACAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:573	SEQ ID NO:8585	SEQ ID NO:16597
		AA	RASQGIRTDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:574	SEQ ID NO:8586	SEQ ID NO:16598
iPS:393032	21-225_26F8	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAGACCT ATTTGTAT	GAAGTTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGCTTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:575	SEQ ID NO:8587	SEQ ID NO:16599
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:576	SEQ ID NO:8588	SEQ ID NO:16600
iPS:393034	21-225_27F2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GTTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:577	SEQ ID NO:8589	SEQ ID NO:16601

【図４９－４４】

FIGURE 49

	21-225_28G3	AA	RASQGIRNDLG	VASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:578	SEQ ID NO:8590	SEQ ID NO:16602
iPS:393036		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT ACATGGTGATGGAAAGACCT ATTTGTAT	GAAGTTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGATTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:579	SEQ ID NO:8591	SEQ ID NO:16603
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQIPWT
			SEQ ID NO:580	SEQ ID NO:8592	SEQ ID NO:16604
iPS:393038	21-225_29D8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:581	SEQ ID NO:8593	SEQ ID NO:16605
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:582	SEQ ID NO:8594	SEQ ID NO:16606
iPS:393040	21-225_30E3	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AGATGATTTAGGC	GCTGCATTCAGCTTGCAA AGT	CTACAGCATACTAGTTACCC TCCTACT
			SEQ ID NO:583	SEQ ID NO:8595	SEQ ID NO:16607
		AA	RASQDIRDDLG	AAFSLQS	LQHTSYPPT
			SEQ ID NO:584	SEQ ID NO:8596	SEQ ID NO:16608
iPS:393042	21-225_31F1	NA	CGGGCAAGTCAGAGGATTA GCAGCTATTTAAAT AAGT	GCTGCATCCAGTTCGCA AGT	CAACAGAGTTACATTACCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:585	SEQ ID NO:8597	SEQ ID NO:16609
		AA	RASQKISSYLN	AASSSQS	QQSYITPLT
			SEQ ID NO:586	SEQ ID NO:8598	SEQ ID NO:16610
iPS:393044	21-225_25B8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG AAGTAATTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAATGGCC TCCGTGGCCG
			SEQ ID NO:587	SEQ ID NO:8599	SEQ ID NO:16611
		AA	RASQSVRSNLA	GASTRAT	QQYNNWPPWP
			SEQ ID NO:588	SEQ ID NO:8600	SEQ ID NO:16612
iPS:393046		NA	CGGGCAAGTCAGGCCATTAG AGATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAATTACCC TCGCAGT

【図４９－４５】

FIGURE 49

	21-225_25A12	AA	SEQ ID NO:589	SEQ ID NO:8601	SEQ ID NO:16613
			RASQAIRDDLG	AASSLQS	LQHTYYPRS
iPS:393048	21-225_27C3	NA	SEQ ID NO:590	SEQ ID NO:8602	SEQ ID NO:16614
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA GCTCACT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:591	SEQ ID NO:8603	SEQ ID NO:16615
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:592	SEQ ID NO:8604	SEQ ID NO:16616
iPS:393050	21-225_28C5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT TCCGTGGCCG	CAGCAGTATAATAATTGGCC GCTCACT
			SEQ ID NO:593	SEQ ID NO:8605	SEQ ID NO:16617
		AA	RASQSVSSNLA	GASTRAT	QQYNNWPPWP
			SEQ ID NO:594	SEQ ID NO:8606	SEQ ID NO:16618
iPS:393054	21-225_29G8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTATCC GCTCACT
			SEQ ID NO:595	SEQ ID NO:8607	SEQ ID NO:16619
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:596	SEQ ID NO:8608	SEQ ID NO:16620
iPS:393056	21-225_30F3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTACAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GTTCACT
			SEQ ID NO:597	SEQ ID NO:8609	SEQ ID NO:16621
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:598	SEQ ID NO:8610	SEQ ID NO:16622
iPS:393058	21-225_31H3	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AGATGATTTAGGC	GCTGCATTCAGCTTGCAA AGT	CTACAGCATACTAGTTACCC TCCTACT
			SEQ ID NO:599	SEQ ID NO:8611	SEQ ID NO:16623
		AA	RASQDIRDDLG	AAFSLQS	LQHTSYPPT
			SEQ ID NO:600	SEQ ID NO:8612	SEQ ID NO:16624
iPS:393060		NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAGTGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTGCAGCATACTATTTACCC TCCTACT

【図４９－４６】

FIGURE 49

	21-225_32G12	AA	SEQ ID NO:601	SEQ ID NO:8613	SEQ ID NO:16625
			RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTYPPT
iPS:393062	21-225_33H3	NA	SEQ ID NO:602	SEQ ID NO:8614	SEQ ID NO:16626
			CAGGCGAGTCAGGACATTTC CAACTTTTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGTA GATCACC	CAACAGTATGATAATCTCCC GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:603	SEQ ID NO:8615	SEQ ID NO:16627
			QASQDISNFLN	DASNLVT	QQYDNLPIT
			SEQ ID NO:604	SEQ ID NO:8616	SEQ ID NO:16628
iPS:393064	21-225_33A9	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA GATCACC	CAACAGAGTTACATTATCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:605	SEQ ID NO:8617	SEQ ID NO:16629
		AA	RASQSISRYLS	AASSLQS	QQSYNIPIT
			SEQ ID NO:606	SEQ ID NO:8618	SEQ ID NO:16630
iPS:393066	21-225_34D3	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTA CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAT GCTCACT	CAACAGAGTTACAGTACTCC GCTCACT
			SEQ ID NO:607	SEQ ID NO:8619	SEQ ID NO:16631
		AA	RASQNIYSYLN	AASSLHS	QQSYSTPLT
			SEQ ID NO:608	SEQ ID NO:8620	SEQ ID NO:16632
iPS:393068	21-225_34G9	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAGTGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTCCAGCATACTATTTACCCT CCTACT
			SEQ ID NO:609	SEQ ID NO:8621	SEQ ID NO:16633
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTYPPT
			SEQ ID NO:610	SEQ ID NO:8622	SEQ ID NO:16634
iPS:393072	21-225_36C5	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAGTGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTCCATCATCCTATTTACCCT CCTACT
			SEQ ID NO:611	SEQ ID NO:8623	SEQ ID NO:16635
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LHHPIYPPT
			SEQ ID NO:612	SEQ ID NO:8624	SEQ ID NO:16636
iPS:393074		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAATTACCC GCTCACT

10

20

30

40

50

【図４９－４７】

FIGURE 49

iPS:393098	21-225_35G6	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGGTTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	SEQ ID NO:8625	SEQ ID NO:16637
			CCGGTGGTTAGCC	AAGT	CTTCACT	TASSLQS	LQHNSYPFT
			SEQ ID NO:657	SEQ ID NO:8649	SEQ ID NO:16661	SEQ ID NO:8626	SEQ ID NO:16638
		AA	RASQQISRWLA	AASRLQS	QQANSPPFT	SEQ ID NO:8650	SEQ ID NO:16662
iPS:393100	21-225_36B8	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	SEQ ID NO:8627	SEQ ID NO:16639
			CAGCTATTTAAAT	AGT	GTACACT	RASQQHRNDVG	AASSLQR
			SEQ ID NO:639	SEQ ID NO:8651	SEQ ID NO:16663	SEQ ID NO:8628	SEQ ID NO:16640
		AA	RASQSIISYLN	VASSLQS	QQSYSTPYT	TGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			SEQ ID NO:640	SEQ ID NO:8652	SEQ ID NO:16664	CAGTTATTTAGCC	GGT
iPS:393102	21-225_33F1	NA	CGGACAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCTCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC	SEQ ID NO:8629	SEQ ID NO:16641
			AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT	WASQGINSYLA	AASSLQG
			SEQ ID NO:641	SEQ ID NO:8653	SEQ ID NO:16665	SEQ ID NO:8630	SEQ ID NO:16642
		AA	RTSQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTTYPPT	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			SEQ ID NO:642	SEQ ID NO:8654	SEQ ID NO:16666	TAAGTGGTTAGCC	AGT
iPS:393104	21-225_33A7	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC	SEQ ID NO:8631	SEQ ID NO:16643
			AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT	RASQGISKWLA	AASSLQS
			SEQ ID NO:643	SEQ ID NO:8655	SEQ ID NO:16667	SEQ ID NO:8632	SEQ ID NO:16644
		AA	RASQDIRSDLG	VASSLQS	LQHTTYPPT	CGGGCAAGTCAGAACATTAG	GGTGCATCCACTTTGCAA
			SEQ ID NO:644	SEQ ID NO:8656	SEQ ID NO:16668	GAACTTTTTAAAT	AGT
iPS:393106	21-225_34A6	NA	CGGACAAGTCAGGACATCA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	SEQ ID NO:8633	SEQ ID NO:16645
			GAAAATGATTTAGGC	AGT	TCCTACT	RASQNIRNFLN	GASTLQS
			SEQ ID NO:645	SEQ ID NO:8657	SEQ ID NO:16669	SEQ ID NO:8634	SEQ ID NO:16646
		AA	RTSQDIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAG
			SEQ ID NO:646	SEQ ID NO:8658	SEQ ID NO:16670	CAAATGGTTAGCC	AGT
iPS:393108	21-225_34G11	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAA	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGACTTACATTACCCC	SEQ ID NO:8635	SEQ ID NO:16647
			CAGGTATTTAAAT	AAGT	GCTCACT	RASQGISKWLA	AASSLQS
			SEQ ID NO:647	SEQ ID NO:8659	SEQ ID NO:16671	SEQ ID NO:8636	SEQ ID NO:16648
		AA	RASQNINRYLN	GASSLQS	QQTYITPLT	GCTGCATCCCGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			SEQ ID NO:648	SEQ ID NO:8660	SEQ ID NO:16672	AGT	TTTCACT
iPS:393086	21-225_33B1	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	SEQ ID NO:8625	SEQ ID NO:16637
			CAGGTATTTAGCC	AAGT	CTTCACT	TASSLQS	LQHNSYPFT
		AA	RTSQGINDLG	AASSLQS	QQANSPPFT	SEQ ID NO:8626	SEQ ID NO:16638
iPS:393076	21-225_33A4	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC	SEQ ID NO:8627	SEQ ID NO:16639
			AAATGATGTCAGGC	CGT	TCCTACT		
		AA	RASQQIHRNDVG	AASSLQR	LQHTYSYPPT	SEQ ID NO:8628	SEQ ID NO:16640
iPS:393078	21-225_33H11	NA	TGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTTTAATAGTTACCC	SEQ ID NO:8629	SEQ ID NO:16641
			CAGTTATTTAGCC	GGT	TCTGACG		
		AA	WASQGINSYLA	AASSLQG	QQFNSYPLT	SEQ ID NO:8630	SEQ ID NO:16642
iPS:393080	21-225_34F3	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	SEQ ID NO:8631	SEQ ID NO:16643
			TAAGTGGTTAGCC	AGT	TTTCACT		
		AA	RASQGISKWLA	AASSLQS	QQANSPPFT	SEQ ID NO:8632	SEQ ID NO:16644
iPS:393082	21-225_34C11	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG	GGTGCATCCACTTTGCAA	CAACAGACTTGCAGTACCCC	SEQ ID NO:8633	SEQ ID NO:16645
			GAACTTTTTAAAT	AGT	GCTCACT		
		AA	RASQNIRNFLN	GASTLQS	QQTCSTPLT	SEQ ID NO:8634	SEQ ID NO:16646
iPS:393084	21-225_35C6	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAG	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	SEQ ID NO:8635	SEQ ID NO:16647
			CAAATGGTTAGCC	AGT	ATTCACT		
		AA	RASQGISKWLA	AASSLQS	QQANSPPFT	SEQ ID NO:8636	SEQ ID NO:16648
iPS:393086		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCCGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC		
			CAGATGGTTAGCC	AGT	TTTCACT		

【図４９－４８】

FIGURE 49

	21-225_36H5		SEQ ID NO:8625	SEQ ID NO:8637	SEQ ID NO:16649		
		AA	RASQGISRWLA	AASRLQS	QQANSPPFT		
iPS:393088	21-225_33D1	NA	AAGTCCATCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTTCTCC		
			ATACAGATCCACAACAATAAGA	ATCC	GTGCAGT		
			ACTACTTAACT				
		AA	KSIQSVLYRSNNKNYLT	WASTRES	QQYYSSPCS		
iPS:393090	21-225_33A5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC		
			CAATTACTTAGCC	AGT	ATTCACT		
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPPT	SEQ ID NO:8641	SEQ ID NO:16653
iPS:393092	21-225_33C12	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	SEQ ID NO:8642	SEQ ID NO:16654
			CAGCTATTTAAAT	GGT	GTACACT		
		AA	RASQSIISYLN	VASSLQG	QQSYSTPYT	SEQ ID NO:8643	SEQ ID NO:16655
			SEQ ID NO:8631	SEQ ID NO:8644	SEQ ID NO:16656	SEQ ID NO:8632	SEQ ID NO:16652
iPS:393094	21-225_34C4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAATTTGCAA	CTACAACATAGTTCTTACCC	SEQ ID NO:8645	SEQ ID NO:16657
			AAATGATTTAGGC	AGT	CATCACC		
		AA	RASQGIRNDLG	TASNLQS	LQHSSYPIT	SEQ ID NO:8646	SEQ ID NO:16658
iPS:393096	21-225_34D11	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC	SEQ ID NO:8647	SEQ ID NO:16659
			AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT		
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTTYPPT	SEQ ID NO:8648	SEQ ID NO:16660

【図４９－４９】

FIGURE 49

iPS:393110	21-225_35B7	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC		
			AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT		
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTTYPPT		
iPS:393112	21-225_33G1	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATACAGTCTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC		
			CAGGTGGTTAGCC	AAGT	ATTCACT		
		AA	RASQGISRWLA	GAYSLQS	QQANSPPFT		
iPS:393114	21-225_33G12	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC		
			CAACTATTTAAAT	AGT	ATTCACT		
		AA	RASQSISNYLN	AASSLQS	QQSYSTPFT		
			SEQ ID NO:653	SEQ ID NO:8665	SEQ ID NO:16677		
iPS:393116	21-225_34H11	NA	CGGGCGAGTCAGCTTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC		
			CAAGTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT		
		AA	RASQLISKWLA	AASSLQS	QQANSPPFT		
			SEQ ID NO:656	SEQ ID NO:8668	SEQ ID NO:16680		
iPS:393118	21-225_34H11	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTACATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC		
			AAATGGATTTAGGC	AGT	TCCTACT		
			SEQ ID NO:657	SEQ ID NO:8669	SEQ ID NO:16681		
		AA	RASQDIRNDLG	AYSSLQS	LQHNSYPPT		
			SEQ ID NO:658	SEQ ID NO:8670	SEQ ID NO:16682		
iPS:393120	21-225_35H8	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTAG	GGTGCGTTCCGGTTTGCA	CAACAGTATAATAGTTACCC		
			TAATTATTTAGCC	AAGT	ATTCACT		
			SEQ ID NO:659	SEQ ID NO:8671	SEQ ID NO:16683		
		AA	RASQAISSYLA	GASGLQS	QQYNSYPFT		
			SEQ ID NO:660	SEQ ID NO:8672	SEQ ID NO:16684		

【図４９－５０】

FIGURE 49

iPS:393110	21-225_35B7	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC		
			AAGTGATTTAGGC	AGT	TCCTACT		
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTTYPPT		
iPS:393112	21-225_33G1	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATACAGTCTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC		
			CAGGTGGTTAGCC	AAGT	ATTCACT		
		AA	RASQGISRWLA	GAYSLQS	QQANSPPFT		
iPS:393114	21-225_33G12	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC		
			CAACTATTTAAAT	AGT	ATTCACT		
		AA	RASQSISNYLN	AASSLQS	QQSYSTPFT		
			SEQ ID NO:653	SEQ ID NO:8665	SEQ ID NO:16677		
iPS:393116	21-225_34G7	NA	CGGGCGAGTCAGCTTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC		
			CAAGTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT		
		AA	RASQLISKWLA	AASSLQS	QQANSPPFT		
			SEQ ID NO:656	SEQ ID NO:8668	SEQ ID NO:16680		
iPS:393118	21-225_34H11	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTACATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC		
			AAATGGATTTAGGC	AGT	TCCTACT		
			SEQ ID NO:657	SEQ ID NO:8669	SEQ ID NO:16681		
		AA	RASQDIRNDLG	AYSSLQS	LQHNSYPPT		
			SEQ ID NO:658	SEQ ID NO:8670	SEQ ID NO:16682		
iPS:393120	21-225_35H8	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTAG	GGTGCGTTCCGGTTTGCA	CAACAGTATAATAGTTACCC		
			TAATTATTTAGCC	AAGT	ATTCACT		
			SEQ ID NO:659	SEQ ID NO:8671	SEQ ID NO:16683		
		AA	RASQAISSYLA	GASGLQS	QQYNSYPFT		
			SEQ ID NO:660	SEQ ID NO:8672	SEQ ID NO:16684		

【図４９－５１】

FIGURE 49

iPS:393122	21-225_33B2	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTATCAGCTATTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTACCCCGTACAT
		AA	RASQSIISYLN	VASSLQS	QQSYSTPYT
iPS:393124	21-225_33G7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATATATAGTTACCCTCCTACT
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHTSYPPT
iPS:393126	21-225_35D1	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAGAAGTTATTAGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCTCCCACT
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTTYPPT
iPS:393128	21-225_35F11	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAGAAGTTTATAGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTGTTTACCCTCCTACT
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTVYPPT
iPS:393130	21-225_33C2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATTATTTAGGC	GCTGCACCCAGTTTGCA	CTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACG
		AA	RASQGIRNDLG	AAPSLQS	LQHNSYPWT
iPS:393132	21-225_33H7	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAGCCCGGTTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGGTTGCA	CAACAGGCTAACATTTCCCGTTCACT
		AA	RASQGISRWLA	AASRLQS	QQANIFPPT
iPS:393134	21-225_34C2	NA	CGGGCAAGTCAGAGAATTATCAGCTATTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTACCCCGTACAT
		AA	RASQRIISYLN	VASSLQS	QQSYSTPYT
iPS:393136	21-225_34D8	NA	CGGGCAAGTCAGATCATTATCAGCTATTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTACCCCGTACAT
		AA	RASQIIISYLN	VASSLQS	QQSYSTPYT
iPS:393138	21-225_35E3	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTTTAGCCAACTATTTAAAT	GATGCCTCCAATTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCCCGATCACC
		AA	QASQDIFNYLN	DASNLET	QQYDNLPT
iPS:393140	21-225_35H12	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAGCCAGATGGTTAGCC	GCTGCATCCCGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCCATTCACT
		AA	RASQGISRWLA	AASRLQS	QQANSFPPT
iPS:393142	21-225_33A3	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAAACAATTTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTTTAATAGTTACCCTCCGACG
		AA	RASQGINNYLA	AASSLQS	QQFNSYPPT
iPS:393144	21-225_34D2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTTATTTAGC	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTAAACAGCTTCCTCCT
		AA	KSSQSLLHSDGKTYLY	EVSNRFS	MQSKQLPP

【図４９－５２】

FIGURE 49

【図４９－５３】

FIGURE 49

iPS:393146	21-225_34G8	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAGAAGTTAAAGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCCAACT
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTTYPPT
iPS:393148	21-225_35E5	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAGGGTCAATCTCCCCAGTCACT	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCCTCCTACT
		AA	RASQSIISYLN	GASSFQS	HQSYNLPIT
iPS:393150	21-225_36A5	NA	CGGACAAGTCAGGACATTAGAAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACACCACAATAGTTACCCTCCTAAG
		AA	RTSQDIRNDLG	AASSLQS	LHIINSYPPK
iPS:393152	21-225_25B3	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAGCCAAGTTTCCCAGTCATGTTAGCC	GGTGCATCTCAGATTTGCA	CAACAGTCTGACAGTTTCCCTCGGACG
		AA	RASQGISSWLA	GASSLQS	QQSDSPPRT
iPS:393166	21-225_27G6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACTTAATATGCTTGC	CAAGATAGGAAGCGGCCCTTATGTGGTA	CAGGCGTGGGACAGCAGCTCCTCA
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWDSSSYVV
iPS:393168	21-225_32B11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACTAAATATGCTTAC	CAAGATAGTAAGCGGTCCTCA	CAGGCGTGGGACAACAGCAGTGTAGTA
		AA	SGDKLGDKYAY	QDSKRSS	QAWDNSTVV

【図４９－５４】

FIGURE 49

iPS:393172	21-225_3B12	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGAAAAATATGCTTGC	CAAGATAGGAAGCGGCCCTATGATA	CAGGCGTGGGTCAACAACAGTACCTCCTA
		AA	SGDKLGEKYAY	QDRKRPS	QAWDSSTVV
iPS:393174	21-225_15D8	NA	ACCCTAAGCAGTGAGCACAGCACCTACACCATCGAA	GTTAAGATGATGGCAGCCACAGCAGGGGGAC	GGAGAGAGCCACACGATCGATGGTAGTA
		AA	TLSSEHSTYTIE	VKSDGSHSKGD	GESHTTDGQVGVV
iPS:393176	21-225_27E7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACTTAATATGCTTGC	CAAGATAGCAAGCGGCCCCTTA	CAGGCGTGGGACAGTAGTACTGTGGTA
		AA	SGDKLGNKYAC	QDSKRPL	QAWDSSTVV
iPS:393178	21-225_34D7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACGAAATATGCTTAC	CAAGATAGCAAGCGGCCCCTCA	CAGGCGTGGGACAACACCACTGTGGTA
		AA	SGDKLGEKYAY	QDSKRPS	QAWDNTTVV
iPS:393180	21-225_4G12	NA	TCTGGAACCAACTCCAACATCGGAAGTTATACTGTAAAC	ATTAATAATCAGCGGCCCCTCA	GCAGCAGTGGGATGACAGCCTGAATGGTCATGTGGTA
		AA	SGTNSNGSYTVN	RNORPS	AAWDDSLNGHVV
iPS:393182		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGATTAATATGCTTGC	CAAGATGCGAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAACAACAGTGTAGTA

【図４９－５１】

iPS:393146	21-225_34G8	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCC
		AA	AAGTGATTTAGGC	AGTTCCT	QQSYSTPYT
iPS:393148	21-225_35E5	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GGTGCATCTCAGATTTGCAA	CACCAGAGTTACAATCTCCCCAGTCACT
		AA	SGDKLGEKYAY	QDRKRPS	QAWDSSTVV
iPS:393150	21-225_36A5	NA	CGGACAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACACCACAATAGTTACCCAAATGATTTAGGC
		AA	RTSQDIRNDLG	AASSLQS	LHIINSYPPK
iPS:393152	21-225_25B3	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCTCAGATTTGCA	CAACAGTCTGACAGTTTCCCCAGTCATGTTAGCC
		AA	RASQGISSWLA	GASSLQS	QQSDSPPRT
iPS:393166	21-225_27G6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACTTAATATGCTTGC	CAAGATAGGAAGCGGCCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCAGCTCCTCA
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWDSSSYVV
iPS:393168	21-225_32B11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACTAAATATGCTTAC	CAAGATAGTAAGCGGTCCTCA	CAGGCGTGGGACAACAGCAGTGTAGTA
		AA	SGDKLGDKYAY	QDSKRSS	QAWDNSTVV

【図４９－５２】

iPS:393122	21-225_33B2	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTACCCCGTACAT
		AA	RASQSIISYLN	VASSLQS	QQSYSTPYT
iPS:393124	21-225_33G7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATATATAGTTACCCTCCTACT
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHTSYPPT
iPS:393126	21-225_35D1	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAGAAGTTATTAGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATTTACCCTCCCACT
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTTYPPT
iPS:393128	21-225_35F11	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAGAAGTTTATAGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTGTTTACCCTCCTACT
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHTVYPPT
iPS:393130	21-225_33C2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATTATTTAGGC	GCTGCACCCAGTTTGCA	CTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACG
		AA	RASQGIRNDLG	AAPSLQS	LQHNSYPWT
iPS:393132	21-225_33H7	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAGCCCGGTTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGGTTGCA	CAACAGGCTAACATTTCCCGTTCACT
		AA	RASQGISRWLA	AASRLQS	QQANIFPPT
iPS:393134	21-225_34C2	NA	CGGGCAAGTCAGAGAATTATCAGCTATTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTACCCCGTACAT
		AA	RASQRIISYLN	VASSLQS	QQSYSTPYT
iPS:393136	21-225_34D8	NA	CGGGCAAGTCAGATCATTATCAGCTATTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTACCCCGTACAT
		AA	RASQIIISYLN	VASSLQS	QQSYSTPYT
iPS:393138	21-225_35E3	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTTTAGCCAACTATTTAAAT	GATGCCTCCAATTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCCCGATCACC
		AA	QASQDIFNYLN	DASNLET	QQYDNLPT
iPS:393140	21-225_35H12	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAGCCAGATGGTTAGCC	GCTGCATCCCGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCCATTCACT
		AA	RASQGISRWLA	AASRLQS	QQANSFPPT
iPS:393142	21-225_33A3	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAAACAATTTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTTTAATAGTTACCCTCCGACG
		AA	RASQGINNYLA	AASSLQS	QQFNSYPPT
iPS:393144	21-225_34D2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTTATTTAGC	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTAAACAGCTTCCTCCT
		AA	KSSQSLLHSDGKTYLY	EVSNRFS	MQSKQLPP

【図４９－５３】

iPS:393172	21-225_3B12	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGAAAAATATGCTTGC	CAAGATAGGAAGCGGCCCTATGATA	CAGGCGTGGGTCAACAACAGTACCTCCTA
		AA	SGDKLGEKYAY	QDRKRPS	QAWDSSTVV
iPS:393174	21-225_15D8	NA	ACCCTAAGCAGTGAGCACAGCACCTACACCATCGAA	GTTAAGATGATGGCAGCCACAGCAGGGGGAC	GGAGAGAGCCACACGATCGATGGTAGTA
		AA	TLSSEHSTYTIE	VKSDGSHSKGD	GESHTTDGQVGVV
iPS:393176	21-225_27E7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACTTAATATGCTTGC	CAAGATAGCAAGCGGCCCCTTA	CAGGCGTGGGACAGTAGTACTGTGGTA
		AA	SGDKLGNKYAC	QDSKRPL	QAWDSSTVV
iPS:393178	21-225_34D7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACGAAATATGCTTAC	CAAGATAGCAAGCGGCCCCTCA	CAGGCGTGGGACAACACCACTGTGGTA
		AA	SGDKLGEKYAY	QDSKRPS	QAWDNTTVV
iPS:393180	21-225_4G12	NA	TCTGGAACCAACTCCAACATCGGAAGTTATACTGTAAAC	ATTAATAATCAGCGGCCCCTCA	GCAGCAGTGGGATGACAGCCTGAATGGTCATGTGGTA
		AA	SGTNSNGSYTVN	RNORPS	AAWDDSLNGHVV
iPS:393182		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGATTAATATGCTTGC	CAAGATGCGAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAACAACAGTGTAGTA

【図４９－５５】

FIGURE 49

	21-225_16F3		SEQ ID NO:731	SEQ ID NO:8743	SEQ ID NO:16755
		AA	GQNNGSKSVH	DQTDRPS	QAWDSSSDDHVV
			SEQ ID NO:732	SEQ ID NO:8744	SEQ ID NO:16756
iPS:393210	21-225_17D3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCATCAC
			TAAATATGTTTAC	CTCA	TGCAGTA
			SEQ ID NO:733	SEQ ID NO:8745	SEQ ID NO:16757
		AA	SGDKLGDKYYY	QDRKRPS	QAWDSITAVV
			SEQ ID NO:734	SEQ ID NO:8746	SEQ ID NO:16758
iPS:393212	21-225_30B6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGTAA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTT
			SEQ ID NO:735	SEQ ID NO:8747	SEQ ID NO:16759
		AA	SGDKLGNKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTV
			SEQ ID NO:736	SEQ ID NO:8748	SEQ ID NO:16760
iPS:393214	21-225_33A1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCACCAC
			TAAATTTGTTTTAT	CTCA	CGTGGTA
			SEQ ID NO:737	SEQ ID NO:8749	SEQ ID NO:16761
		AA	SGDKLGDKFVY	QDSKRPS	QAWDSTTVV
			SEQ ID NO:738	SEQ ID NO:8750	SEQ ID NO:16762
iPS:393218	21-225_14G3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGGCAACAGCAC
			TAAATATGTTTGC	CTCA	TGCTGTGTGTA
			SEQ ID NO:739	SEQ ID NO:8751	SEQ ID NO:16763
		AA	SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	QAWGNSTAVV
			SEQ ID NO:740	SEQ ID NO:8752	SEQ ID NO:16764
iPS:393222	21-225_17F5	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGAAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			AAAATATGCTTGC	CTCA	GGTA
			SEQ ID NO:741	SEQ ID NO:8753	SEQ ID NO:16765
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTV
			SEQ ID NO:742	SEQ ID NO:8754	SEQ ID NO:16766
iPS:393224		NA	TCTGGAGATAAATTGGGAAA	CAAGATTCCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTA

【図４９－５６】

FIGURE 49

	21-225_4B3		SEQ ID NO:707	SEQ ID NO:8719	SEQ ID NO:16731
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWDNNTVV
			SEQ ID NO:708	SEQ ID NO:8720	SEQ ID NO:16732
iPS:393184	21-225_15H11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			GAAATATGCTTGC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:709	SEQ ID NO:8721	SEQ ID NO:16733
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:710	SEQ ID NO:8722	SEQ ID NO:16734
iPS:393186	21-225_27D9	NA	TCTGGATATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAACAACAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTA
			SEQ ID NO:711	SEQ ID NO:8723	SEQ ID NO:16735
		AA	SGYKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWVNNTV
			SEQ ID NO:712	SEQ ID NO:8724	SEQ ID NO:16736
iPS:393188	21-225_34B9	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGTAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			GAAATATGTTTCC	CTCA	TGTA
			SEQ ID NO:713	SEQ ID NO:8725	SEQ ID NO:16737
		AA	SGDKLGEKYVS	QDSKRPS	QAWDSSTV
			SEQ ID NO:714	SEQ ID NO:8726	SEQ ID NO:16738
iPS:393192	21-225_12B1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAACAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGATA
			SEQ ID NO:715	SEQ ID NO:8727	SEQ ID NO:16739
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWDNNTVI
			SEQ ID NO:716	SEQ ID NO:8728	SEQ ID NO:16740
iPS:393194	21-225_16D2	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TTATGTGGTA
			SEQ ID NO:717	SEQ ID NO:8729	SEQ ID NO:16741
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTYVV
			SEQ ID NO:718	SEQ ID NO:8730	SEQ ID NO:16742
iPS:393196		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAATAACAC
			AAAATATGCTTGC	CTCA	TATGATA

【図４９－５７】

FIGURE 49

	21-225_16G8		SEQ ID NO:719	SEQ ID NO:8731	SEQ ID NO:16743
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWVNNTMI
			SEQ ID NO:720	SEQ ID NO:8732	SEQ ID NO:16744
iPS:393198	21-225_28A11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGTAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TTATGTGGTA
			SEQ ID NO:721	SEQ ID NO:8733	SEQ ID NO:16745
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTYVV
			SEQ ID NO:722	SEQ ID NO:8734	SEQ ID NO:16746
iPS:393200	21-225_35E1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			AAAATATGCTTAC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:723	SEQ ID NO:8735	SEQ ID NO:16747
		AA	SGDKLGEKYAY	QDRKRPS	QAWDNSTAV
			SEQ ID NO:724	SEQ ID NO:8736	SEQ ID NO:16748
iPS:393202	21-225_6B4	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAACAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGATA
			SEQ ID NO:725	SEQ ID NO:8737	SEQ ID NO:16749
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWDNNTVI
			SEQ ID NO:726	SEQ ID NO:8738	SEQ ID NO:16750
iPS:393204	21-225_8C12	NA	GGGGGAAACAACATTGGAA	AGCGATAGCAACCGGCC	CAGGTGTGGGACAGTAGTAG
			GTAAAGCTGTGCAC	CTCA	TGATCATGTGGTA
			SEQ ID NO:727	SEQ ID NO:8739	SEQ ID NO:16751
		AA	GGNNGSKAVH	SDSNRPS	QVWDSSSDHVV
			SEQ ID NO:728	SEQ ID NO:8740	SEQ ID NO:16752
iPS:393206	21-225_13F6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGGCAACAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCTGTGGTA
			SEQ ID NO:729	SEQ ID NO:8741	SEQ ID NO:16753
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWGNSTAVV
			SEQ ID NO:730	SEQ ID NO:8742	SEQ ID NO:16754
iPS:393208		NA	GAGGGGAAACAACATTGGAA	GATGATACCGACCGGCC	CAGGTGTGGGATAGTAGCAG
			GTAAAACTGTGTGCAC	CTCA	TGATCATGTGGTA

【図４９－５８】

FIGURE 49

	21-225_31C2		SEQ ID NO:743	SEQ ID NO:8755	SEQ ID NO:16767
		AA	SGDKLGNKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTV
			SEQ ID NO:744	SEQ ID NO:8756	SEQ ID NO:16768
iPS:393226	21-225_9G9	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGCTTAC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:745	SEQ ID NO:8757	SEQ ID NO:16769
		AA	SGDKLGDKYAY	QDRKRPS	QAWDNSTAV
			SEQ ID NO:746	SEQ ID NO:8758	SEQ ID NO:16770
iPS:393230	21-225_17F12	NA	TCTGGAACCAACTCCAACAT	ATTAATAATCAGCGGCC	GCAGCAATGGGATGACAGCCT
			CGGAAGTTATACTGTAAAC	CTCA	GAATGGTCATGTGGTA
			SEQ ID NO:747	SEQ ID NO:8759	SEQ ID NO:16771
		AA	SGTNSNIGSYTVN	INNQRPS	AAWDDSLNGHVV
			SEQ ID NO:748	SEQ ID NO:8760	SEQ ID NO:16772
iPS:393232	21-225_26C10	NA	ACTGGAGCCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATACGGCC	AGCTCATATACAAGCAGCAT
			TGGTGATTATAACTCTGTCT	CTCA	CACTGTGGTA
			CC		
			SEQ ID NO:749	SEQ ID NO:8761	SEQ ID NO:16773
		AA	TGASSDVGDYNSVS	EVSNRPS	SSYTSSITVV
			SEQ ID NO:750	SEQ ID NO:8762	SEQ ID NO:16774
iPS:393234	21-225_5G7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAACAACAC
			TAAATATGTTTGC	CTCA	TGTA
			SEQ ID NO:751	SEQ ID NO:8763	SEQ ID NO:16775
		AA	SGDKLGDKYVC	QDSKRPS	QAWVNNTV
			SEQ ID NO:752	SEQ ID NO:8764	SEQ ID NO:16776
iPS:393345	21-225_5G7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGCTTGG	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:753	SEQ ID NO:8765	SEQ ID NO:16777
		AA	SGDKLGNKYAW	QDRKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:754	SEQ ID NO:8766	SEQ ID NO:16778

【図４９－５９】

FIGURE 49

iPS:393822	21-225_15B11	NA	SEQ ID NO:778	SEQ ID NO:8790	SEQ ID NO:16802	
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT	
			SEQ ID NO:779	SEQ ID NO:8791	SEQ ID NO:16803	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT	
			SEQ ID NO:780	SEQ ID NO:8792	SEQ ID NO:16804	
iPS:393824	21-225_10F12	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG TAGTTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAATACCCC CTTCTTCACT	
			SEQ ID NO:781	SEQ ID NO:8793	SEQ ID NO:16805	
		AA	RASQNISSYLN	AASSLQS	QQSYNTPPFT	
			SEQ ID NO:782	SEQ ID NO:8794	SEQ ID NO:16806	
iPS:393826	21-225_10G5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA GCTCACT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:783	SEQ ID NO:8795	SEQ ID NO:16807	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:784	SEQ ID NO:8796	SEQ ID NO:16808	
iPS:393828	21-225_10H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:785	SEQ ID NO:8797	SEQ ID NO:16809	
		AA	RASQGIRNDLG	GASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:786	SEQ ID NO:8798	SEQ ID NO:16810	
iPS:393830	21-225_12A1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA GCTCACT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:787	SEQ ID NO:8799	SEQ ID NO:16811	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:788	SEQ ID NO:8800	SEQ ID NO:16812	
iPS:393832	21-225_14B2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GTTACATCCAGTTTGCAA GGT	CTACAACATAATAGTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:789	SEQ ID NO:8801	SEQ ID NO:16813	
		AA	RASQGIRNDLG	VTSSLQG	LQHNSYPLT	

【図４９－６０】

FIGURE 49

iPS:393568	21-225_29H8	NA	AGGTCCAGCCAGACTATTTT ACACAGCTCCACAATTACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATTGTACTCC TCCGACG	
			ACTTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:755	SEQ ID NO:8767	SEQ ID NO:16779	
		AA	RSSQTLLHSSNNTNYLA	WASTRES	QQYYCTPPT	
			SEQ ID NO:756	SEQ ID NO:8768	SEQ ID NO:16780	
iPS:393565	21-225_34B11	NA	TCTGGAGATAAAATTGGGGGA TAAATTATGCTTGC	CAAGATATGAAGCGGCC CTCA	CAGGCGTGGGACAACAGCAC TGCGGTA	
			SEQ ID NO:757	SEQ ID NO:8769	SEQ ID NO:16781	
		AA	SGDKLGDKYAC	QDMKRPS	QAWDNSTAV	
			SEQ ID NO:758	SEQ ID NO:8770	SEQ ID NO:16782	
iPS:393802	21-225_3D12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTATCTTAGCC	GGTACATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACG CAGT	
			SEQ ID NO:759	SEQ ID NO:8771	SEQ ID NO:16783	
		AA	RASQSVSSSYLA	GTSSRAT	QQYGSSRS	
			SEQ ID NO:760	SEQ ID NO:8772	SEQ ID NO:16784	
iPS:393804	21-225_5H7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GTTACATCCAGTTTGCAA GGT	CTACAACATAATAGTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:761	SEQ ID NO:8773	SEQ ID NO:16785	
		AA	RASQGIRNDLG	VTSSLQG	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:762	SEQ ID NO:8774	SEQ ID NO:16786	
iPS:393806	21-225_6A6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTAGTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:763	SEQ ID NO:8775	SEQ ID NO:16787	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT	
			SEQ ID NO:764	SEQ ID NO:8776	SEQ ID NO:16788	
iPS:393808	21-225_1A2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTACACCC TCTCACT	
			SEQ ID NO:765	SEQ ID NO:8777	SEQ ID NO:16789	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSHPLT	

【図４９－６１】

FIGURE 49

iPS:393836	21-225_15A2	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATTATAGTTACCC ATTCACT	
			SEQ ID NO:791	SEQ ID NO:8803	SEQ ID NO:16815	
		AA	RASQGISSYLA	AASSLQS	QQYYSTPPT	
			SEQ ID NO:792	SEQ ID NO:8804	SEQ ID NO:16816	
iPS:393838	21-225_6G2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTCTGCA AAGT	ATACAGCATAATAGTTACCT GTGGACG	
			SEQ ID NO:793	SEQ ID NO:8805	SEQ ID NO:16817	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	IQHNSYLWT	
			SEQ ID NO:794	SEQ ID NO:8806	SEQ ID NO:16818	
iPS:393840	21-225_3F8	NA	CGGGCAAGTCAGAGTATTCT CAGCTATTTAAAT	ACTACATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTACCCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:795	SEQ ID NO:8807	SEQ ID NO:16819	
		AA	RASQSILSYLN	TTSSLQS	QQYYSTPLT	
			SEQ ID NO:796	SEQ ID NO:8808	SEQ ID NO:16820	
iPS:393844	21-225_3G7	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTA CAGGTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTCGCA AAGT	CAACAGAGTTACAGTCCCCC TTTCACT	
			SEQ ID NO:797	SEQ ID NO:8809	SEQ ID NO:16821	
		AA	RASQNIYRYLN	AASSSQS	QQSYSPPFT	
			SEQ ID NO:798	SEQ ID NO:8810	SEQ ID NO:16822	
iPS:393848	21-225_4H2	NA	CGGGCAATTCAGAACATTAG CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGCTTGCA AAGT	CAACAGAGTTACAGAACCCC CTTATTCACT	
			SEQ ID NO:799	SEQ ID NO:8811	SEQ ID NO:16823	
		AA	RAIQNISSYLN	AASSLQS	QQSYRTPLFT	
			SEQ ID NO:800	SEQ ID NO:8812	SEQ ID NO:16824	
iPS:393852	21-225_12A10	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTA CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAGCAGAGTTACAGTCCCCC TCTCACT	
			SEQ ID NO:801	SEQ ID NO:8813	SEQ ID NO:16825	
		AA	RASQNIYSYLN	TASSLQS	QQSYSPPLT	

【図４９－６２】

FIGURE 49

iPS:393810	21-225_5A4	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CACCTGCGTTAGCC	GATGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC GTGGACG	
			SEQ ID NO:767	SEQ ID NO:8779	SEQ ID NO:16791	
		AA	RASQGISTWLA	DASSLQS	QQANSFPWT	
			SEQ ID NO:768	SEQ ID NO:8780	SEQ ID NO:16792	
iPS:393812	21-225_6A11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GTGGACG	
			SEQ ID NO:769	SEQ ID NO:8781	SEQ ID NO:16793	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:770	SEQ ID NO:8782	SEQ ID NO:16794	
iPS:393814	21-225_7F4	NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAATTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTGCTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:771	SEQ ID NO:8783	SEQ ID NO:16795	
		AA	R?SQGIRNDLG	AASNLQS	LQHSAYPLT	
			SEQ ID NO:772	SEQ ID NO:8784	SEQ ID NO:16796	
iPS:393816	21-225_6D4	NA	CGGGCAAGTCAGGCCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTAGTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:773	SEQ ID NO:8785	SEQ ID NO:16797	
		AA	RASQAIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT	
			SEQ ID NO:774	SEQ ID NO:8786	SEQ ID NO:16798	
iPS:393818	21-225_6G12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCACTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT	
			SEQ ID NO:775	SEQ ID NO:8787	SEQ ID NO:16799	
		AA	RASQGIRNDLG	AASTLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:776	SEQ ID NO:8788	SEQ ID NO:16800	
iPS:393820	21-225_8H7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA ACT	CTACAGCATAATAGTTACCC GTTCACT	
			SEQ ID NO:777	SEQ ID NO:8789	SEQ ID NO:16801	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT	

【図４９－６３】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:8826	SEQ ID NO:16850
iPS:393882	21-225_15E3	NA	GCTGCATCCAGTTCGCA	CTACAGCATCATAGTTACCC	
		AA	AAGT	SEQ ID NO:8827	GCTCACT
			RASQGIRNDLG	SEQ ID NO:8839	LQHNSYPLT
			AASSSQS	SEQ ID NO:8840	LQHHSYPLT
				SEQ ID NO:8828	SEQ ID NO:16852
iPS:393884	21-225_16F4	NA	GTTGCATCCAGTTTGCAA	ATACAGCATAATAGTTATCC	
			AGT	GTTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8841	SEQ ID NO:16853	
			VASSLQS	IQHNSYPFT	
			SEQ ID NO:8842	SEQ ID NO:16854	
iPS:393886	21-225_2G9	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	TTACAGCATGAAAGTTACCC	
			AGT	TCTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8843	SEQ ID NO:16855	
			AASSLQS	LQHESYPLT	
			SEQ ID NO:8844	SEQ ID NO:16856	
iPS:393888	21-225_3E3	NA	GGTACATCCAGTTTGCA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	
			AAGT	CTTGTTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8845	SEQ ID NO:16857	
			GTSSLQS	QQSYSTPLFT	
			SEQ ID NO:8846	SEQ ID NO:16858	
iPS:393890	21-225_4B1	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAATCTC	
			AGT	ATTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8847	SEQ ID NO:16859	
			AASSLQS	QQSYNISPT	
			SEQ ID NO:8848	SEQ ID NO:16860	
iPS:393892	21-225_6G7	NA	GATGCATCCACTTTGGA	CAACAGTATGATAATGTCCC	
			AACA	GATCACC	
		AA	SEQ ID NO:8849	SEQ ID NO:16861	
			DASTLET	QQYDNVPIT	

【図４９－６４】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:8814	SEQ ID NO:16836
iPS:393854	21-225_7H11	NA	GTTGCATGTAGTTTTCCAAA	CTACAACATAATCTTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
				SEQ ID NO:8815	SEQ ID NO:16827
		AA	LASQGIRNDLG	VACSFQS	LQHNLYPLT
				SEQ ID NO:8816	SEQ ID NO:16828
iPS:393856	21-225_14C2	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	GTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGAC	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:8805	SEQ ID NO:8817	SEQ ID NO:16829
			RASQGIRNDLD	AASSLQS	VQHNSYPLT
			SEQ ID NO:8806	SEQ ID NO:8818	SEQ ID NO:16830
iPS:393862	21-225_5G2	NA	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGAGTTACAGTACTCC	
			TAGTTATTTAAAT	AAGT	CTTATTCACT
		AA	SEQ ID NO:8807	SEQ ID NO:8819	SEQ ID NO:16831
			RASQNIISYLN	GASSLQS	QQSYSTPLFT
			SEQ ID NO:8808	SEQ ID NO:8820	SEQ ID NO:16832
iPS:393864	21-225_4C5	NA	GCTGCATCCAATTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC	
			GAGGTGATTTAGGT	AGT	TCGGACG
		AA	SEQ ID NO:8809	SEQ ID NO:8821	SEQ ID NO:16833
			RASRGIRGDLG	AASNLQS	LQITYSYPRT
			SEQ ID NO:8810	SEQ ID NO:8822	SEQ ID NO:16834
iPS:393866	21-225_14E3	NA	TCTGCATCCAGTTTGCAA	GTACAGCATTATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTTCACT
		AA	SEQ ID NO:8811	SEQ ID NO:8823	SEQ ID NO:16835
			RASQGIRNDLG	SASSLQS	VQHYSYPFT
			SEQ ID NO:8812	SEQ ID NO:8824	SEQ ID NO:16836
iPS:393868	21-225_9C11	NA	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CATCAGAGTAACAGTACTCC	
			AAATTATTTAAAT	AGT	TCTCACG
		AA	SEQ ID NO:8813	SEQ ID NO:8825	SEQ ID NO:16837
			RASQNIRNYLN	VASSLQS	HQSNSTPLT

【図４９－６５】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:8838	SEQ ID NO:16862
iPS:393894	21-225_5E11	NA	GCTGCATCCAGTTTGCA	CACCAGTATCACAGTTACCC	
			GAGT	ATTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8851	SEQ ID NO:16863	
			AASSVQS	HQYHSYPFT	
			SEQ ID NO:8852	SEQ ID NO:16864	
iPS:393896	21-225_2A4	NA	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC	
			AGT	ATTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8853	SEQ ID NO:16865	
			TASSLQS	QQYNSYPFT	
			SEQ ID NO:8854	SEQ ID NO:16866	
iPS:393898	21-225_5F7	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAATACCCC	
			AGT	CTTATTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8855	SEQ ID NO:16867	
			AASSLQS	QQSYNTPLFT	
			SEQ ID NO:8856	SEQ ID NO:16868	
iPS:393900	21-225_10E12	NA	GCTCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAATTACAGTCCCCC	
			AGT	TCTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8857	SEQ ID NO:16869	
			ATSSLQS	QQNYSPPLT	
			SEQ ID NO:8858	SEQ ID NO:16870	
iPS:393902	21-225_14E10	NA	GCTGCATCCAGTTTGCA	CTGCAGCATTATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
		AA	SEQ ID NO:8859	SEQ ID NO:16871	
			RTSQGIRNDLG	LQHYSYPRT	
			SEQ ID NO:8860	SEQ ID NO:16872	
iPS:393904	21-225_8H11	NA	GTTACATCCAGTTTGCAC	CAACAGAGTTACAGTACCCC	
			AGT	TTTCACT	
		AA	SEQ ID NO:8861	SEQ ID NO:16873	
			VTSSLHS	QQSYSTPFT	

【図４９－６６】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:8826	SEQ ID NO:16838
iPS:393870	21-225_7B1	NA	GCTGCATCCAGTTTACAA	CACCAGTATAATAGTTACCC	
			CAATCATTTAGTC	AGT	CTTCACT
		AA	SEQ ID NO:8827	SEQ ID NO:16839	
			RASQDISNHLV	AASSLQS	HQYNSYPFT
			SEQ ID NO:8828	SEQ ID NO:16840	
iPS:393872	21-225_2A11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:8829	SEQ ID NO:16841	
			RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:8830	SEQ ID NO:16842	
iPS:393874	21-225_4C8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:8831	SEQ ID NO:16843	
			RASQGIRNDLG	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:8832	SEQ ID NO:16844	
iPS:393876	21-225_9A1	NA	ACTGCATCCAGTTTGCAA	ATACAGCATAATAGTTACCT	
			AAATGATTTAGGG	GTGGACG	
		AA	SEQ ID NO:8833	SEQ ID NO:16845	
			TASSLQS	IQHNSYLWT	
			SEQ ID NO:8834	SEQ ID NO:16846	
iPS:393878	21-225_7G12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ATACAGCATAATAGTTACCT	
			ACTGCATCCAGTTTGCAA	AGT	CACGTGGACG
		AA	SEQ ID NO:8835	SEQ ID NO:16847	
			TASSLQS	QQSYSTPFWT	
			SEQ ID NO:8836	SEQ ID NO:16848	
iPS:393880	21-225_15A1	NA	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACACAACAGTAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	TCGTTAG	
		AA	SEQ ID NO:8837	SEQ ID NO:16849	
			RASQGIRNDLG	AASSLQS	LHNSSTPVK

【図４９－６７】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:874	SEQ ID NO:8886	SEQ ID NO:16898
iPS:393934	21-225_13E6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
		AA	RASQQIRNDLG	AASSLQS	VQHNSYPLT
iPS:393936	21-225_14A11	NA	SEQ ID NO:876	SEQ ID NO:8888	SEQ ID NO:16900
			CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGATTACAGTAGCCC
			CAGTTATTTAAAT	AAT	TCCATTCACT
		AA	SEQ ID NO:877	SEQ ID NO:8889	SEQ ID NO:16901
			RASQSISSYLN	AASSLQN	QQYSSPPFT
iPS:393940	21-225_16B2	NA	SEQ ID NO:878	SEQ ID NO:8890	SEQ ID NO:16902
			CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGATTACAATACCCC
			CGGCTATTTAAAT	AGT	TCCGGAGCGCAGT
		AA	SEQ ID NO:879	SEQ ID NO:8891	SEQ ID NO:16903
			RASQSISGYLN	AASSLQS	QQYYNTPPERS
iPS:393942	21-225_11E5	NA	SEQ ID NO:880	SEQ ID NO:8892	SEQ ID NO:16904
			AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
			ATACAGCTCCAACAATAACA	ATCC	TCCGACG
			ACTACTTAACT		
		AA	SEQ ID NO:881	SEQ ID NO:8893	SEQ ID NO:16905
			KSSQSVLYSSNNNNYLT	WASTRES	QQYYSTPPT
iPS:393944	21-225_14D6	NA	SEQ ID NO:882	SEQ ID NO:8894	SEQ ID NO:16906
			CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			AAATCATTTAGGC	AGT	ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:883	SEQ ID NO:8895	SEQ ID NO:16907
			RASQDIRNHLG	AASSLQS	LQYNSYPPT
iPS:393946	21-225_16A4	NA	SEQ ID NO:884	SEQ ID NO:8896	SEQ ID NO:16908
			CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATCATAGTTACCC
			TAATTATTTAGCC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:885	SEQ ID NO:8897	SEQ ID NO:16909
		AA	RASQDISNYLA	AASSLQS	QQYHSTPWT
iPS:393948	21-225_16A5	NA	SEQ ID NO:886	SEQ ID NO:8898	SEQ ID NO:16910
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:887	SEQ ID NO:8899	SEQ ID NO:16911
			RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT
iPS:393950	21-225_3H10	NA	SEQ ID NO:888	SEQ ID NO:8900	SEQ ID NO:16912
			TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAACAACAC
			AAAATATGCTTGC	CTCA	TATGATA
		AA	SEQ ID NO:889	SEQ ID NO:8901	SEQ ID NO:16913
			SGDIKLGEKYAC	QDIRQPS	QAWYNNTMI
iPS:393952	21-225_1F1	NA	SEQ ID NO:890	SEQ ID NO:8902	SEQ ID NO:16914
			CGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	ACT	TCTCACT
		AA	SEQ ID NO:891	SEQ ID NO:8903	SEQ ID NO:16915
			RASQGINNYLA	VASSLQT	QQYNSYPLT
iPS:393954	21-225_4H6	NA	SEQ ID NO:892	SEQ ID NO:8904	SEQ ID NO:16916
			CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGGTCGTTAGCC	AAGT	ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:893	SEQ ID NO:8905	SEQ ID NO:16917
			RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSFPPT
iPS:393956	21-225_4J7	NA	SEQ ID NO:894	SEQ ID NO:8906	SEQ ID NO:16918
			CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GATACAACCAGTTTGCA	CAACAGATTACAATACCCC
			CGACTATTTAAAT	AAGT	TCCGGAGCGCAGT
		AA	SEQ ID NO:895	SEQ ID NO:8907	SEQ ID NO:16919
			RASQSISDYLN	DTTSLQS	QQYYNTPPERS
iPS:393958	21-225_5H2	NA	SEQ ID NO:896	SEQ ID NO:8908	SEQ ID NO:16920
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:897	SEQ ID NO:8909	SEQ ID NO:16921

【図４９－６８】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:850	SEQ ID NO:8862	SEQ ID NO:16874
iPS:393906	21-225_13D3	NA	AGGGCCAGTCAGACTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATCATGACTCGCC
			CAGCAACTTAGCC	CACT	TCCGACG
		AA	SEQ ID NO:851	SEQ ID NO:8863	SEQ ID NO:16875
			RASQTVSSNLA	GASTRAT	QQYHDWPPT
iPS:393908	21-225_10E9	NA	SEQ ID NO:852	SEQ ID NO:8864	SEQ ID NO:16876
			CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
			AAGTGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
		AA	SEQ ID NO:853	SEQ ID NO:8865	SEQ ID NO:16877
			RASQDIRSDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
iPS:393910	21-225_15F10	NA	SEQ ID NO:854	SEQ ID NO:8866	SEQ ID NO:16878
			CAGGCGAATCAGGACATTAC	GATGCATCCAATTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCCC
			CAACTTTTTAAAT	AACA	GATCACC
		AA	SEQ ID NO:855	SEQ ID NO:8867	SEQ ID NO:16879
			QANQDITNFLN	DASNLET	QQYDNLPIT
iPS:393912	21-225_16F6	NA	SEQ ID NO:856	SEQ ID NO:8868	SEQ ID NO:16880
			CAGGCGAATCAGGACATTAC	GATGCATCCAATTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCCC
			CAACTTTTTAAAT	AACA	GATCACC
		AA	SEQ ID NO:857	SEQ ID NO:8869	SEQ ID NO:16881
			QANQDITNFLN	DASNLET	QQYDNLPIT
iPS:393914	21-225_16B8	NA	SEQ ID NO:858	SEQ ID NO:8870	SEQ ID NO:16882
			CGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTGTGCA	CACCAGTATCACAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	GAGT	ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:859	SEQ ID NO:8871	SEQ ID NO:16883
			RASQGINNYLA	AASSVQS	HQYHSYPPT
iPS:393916	21-225_2G4	NA	SEQ ID NO:860	SEQ ID NO:8872	SEQ ID NO:16884
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAC	CTACAACATTATAGTTTCCCT
			AAATGATTTAGGC	AGT	CGGACG
		AA	SEQ ID NO:861	SEQ ID NO:8873	SEQ ID NO:16885
			RASQGIRNDLG	AASSLHS	LQHYSPPRT

【図４９－６９】

FIGURE 49

			RASQDISNYLA	AASSLQS	QQYHSTPWT
iPS:393948	21-225_16A5	NA	SEQ ID NO:886	SEQ ID NO:8898	SEQ ID NO:16910
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:887	SEQ ID NO:8899	SEQ ID NO:16911
			RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT
iPS:393950	21-225_3H10	NA	SEQ ID NO:888	SEQ ID NO:8900	SEQ ID NO:16912
			TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAACAACAC
			AAAATATGCTTGC	CTCA	TATGATA
		AA	SEQ ID NO:889	SEQ ID NO:8901	SEQ ID NO:16913
			SGDIKLGEKYAC	QDIRQPS	QAWYNNTMI
iPS:393952	21-225_1F1	NA	SEQ ID NO:890	SEQ ID NO:8902	SEQ ID NO:16914
			CGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	ACT	TCTCACT
		AA	SEQ ID NO:891	SEQ ID NO:8903	SEQ ID NO:16915
			RASQGINNYLA	VASSLQT	QQYNSYPLT
iPS:393954	21-225_4H6	NA	SEQ ID NO:892	SEQ ID NO:8904	SEQ ID NO:16916
			CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGGTCGTTAGCC	AAGT	ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:893	SEQ ID NO:8905	SEQ ID NO:16917
			RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSFPPT
iPS:393956	21-225_4J7	NA	SEQ ID NO:894	SEQ ID NO:8906	SEQ ID NO:16918
			CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GATACAACCAGTTTGCA	CAACAGATTACAATACCCC
			CGACTATTTAAAT	AAGT	TCCGGAGCGCAGT
		AA	SEQ ID NO:895	SEQ ID NO:8907	SEQ ID NO:16919
			RASQSISDYLN	DTTSLQS	QQYYNTPPERS
iPS:393958	21-225_5H2	NA	SEQ ID NO:896	SEQ ID NO:8908	SEQ ID NO:16920
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:897	SEQ ID NO:8909	SEQ ID NO:16921

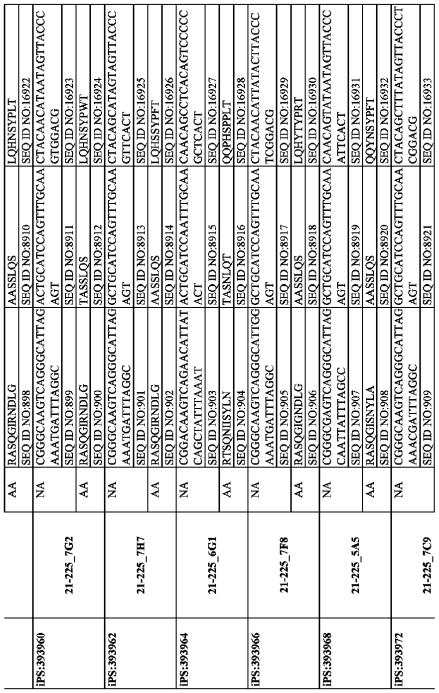
【図４９－７０】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:862	SEQ ID NO:8874	SEQ ID NO:16886
iPS:393920	21-225_1H12	NA	CGGGCAAGTCAGACATTTA	ACTGCATCCAGTTTACAA	CAACAGAGTTACAGTCCCCC
			CAGGTATTTAAAT	AGT	TCTCACT
		AA	SEQ ID NO:863	SEQ ID NO:8875	SEQ ID NO:16887
			RASQNIYRYLN	TASSLQS	QQSYSTPLT
iPS:393922	21-225_2B2	NA	SEQ ID NO:864	SEQ ID NO:8876	SEQ ID NO:16888
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:865	SEQ ID NO:8877	SEQ ID NO:16889
			RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
iPS:393924	21-225_4E10	NA	SEQ ID NO:866	SEQ ID NO:8878	SEQ ID NO:16890
			CGGGCAAGTCAGACCATTAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTTACAGTACTCC
			CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:867	SEQ ID NO:8879	SEQ ID NO:16891
			RASQTIISYLN	TASSLQS	QQYYSTPLT
iPS:393926	21-225_4G4	NA	SEQ ID NO:868	SEQ ID NO:8880	SEQ ID NO:16892
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	TTACAGCATGATAATTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT
		AA	SEQ ID NO:869	SEQ ID NO:8881	SEQ ID NO:16893
			RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHDNYPLT
iPS:393928	21-225_7E11	NA	SEQ ID NO:870	SEQ ID NO:8882	SEQ ID NO:16894
			CGGGCAAGTCAAAACATTAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTTACAGTACCCC
			CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:871	SEQ ID NO:8883	SEQ ID NO:16895
			RASQNIISYLN	TASSLQS	QQYYSTPLT
iPS:393930	21-225_10F5	NA	SEQ ID NO:872	SEQ ID NO:8884	SEQ ID NO:16896
			CGGGCAAGTCAGAACATTTA	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTCCCCC
			CAGGTATTTAAAT	AGT	TCTCACT
		AA	SEQ ID NO:873	SEQ ID NO:8885	SEQ ID NO:16897
			RASQNIYRYLN	TASSLQS	QQSYSPPLT

【図４９－７１】

FIGURE 49



		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:8898	SEQ ID NO:8910	SEQ ID NO:16922	
iPS:393960	21-225_7G2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:8899	SEQ ID NO:8911	SEQ ID NO:16923	
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:8900	SEQ ID NO:8912	SEQ ID NO:16924	
iPS:393962	21-225_7H7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTTCACT	
			SEQ ID NO:8901	SEQ ID NO:8913	SEQ ID NO:16925	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPFT	
			SEQ ID NO:8902	SEQ ID NO:8914	SEQ ID NO:16926	
iPS:393964	21-225_6G1	NA	CGGACAAGTCAGAACATTAT	ACTGCATCCAATTTGCAA	CAACAGCCTCACAGTCCCCC	
			CAGCTATTTAAAT	ACT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:8903	SEQ ID NO:8915	SEQ ID NO:16927	
		AA	RTSQNIISYLN	TASNLQT	QQPHSPPLT	
			SEQ ID NO:8904	SEQ ID NO:8916	SEQ ID NO:16928	
iPS:393966	21-225_7F8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATTATACTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
			SEQ ID NO:8905	SEQ ID NO:8917	SEQ ID NO:16929	
		AA	RASQGIGNDLG	AASSLQS	LQHTYTPRT	
			SEQ ID NO:8906	SEQ ID NO:8918	SEQ ID NO:16930	
iPS:393968	21-225_5A5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC	
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:8907	SEQ ID NO:8919	SEQ ID NO:16931	
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPFT	
			SEQ ID NO:8908	SEQ ID NO:8920	SEQ ID NO:16932	
iPS:393972	21-225_7C9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCTTTATAGTTACCCT	
			AAACGATTTAGGC	AGT	CGGACG	
			SEQ ID NO:8909	SEQ ID NO:8921	SEQ ID NO:16933	

【図４９－７２】

FIGURE 49

		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQLYSYPRT	
			SEQ ID NO:8910	SEQ ID NO:8922	SEQ ID NO:16934	
iPS:393974	21-225_7C4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:8911	SEQ ID NO:8923	SEQ ID NO:16935	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:8912	SEQ ID NO:8924	SEQ ID NO:16936	
iPS:393976	21-225_7E9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:8913	SEQ ID NO:8925	SEQ ID NO:16937	
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:8914	SEQ ID NO:8926	SEQ ID NO:16938	
iPS:393978	21-225_4C12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAC	CTACAACATTATAGTTTCCCT	
			AAATGATTTAGGC	AGT	CGGACG	
			SEQ ID NO:8915	SEQ ID NO:8927	SEQ ID NO:16939	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLHS	LQHYSPPRT	
			SEQ ID NO:8916	SEQ ID NO:8928	SEQ ID NO:16940	
iPS:393980	21-225_6D3	NA	CGGACAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGAACCCC	
			TACTTATTTAAAT	AGT	CTTTTTCACT	
			SEQ ID NO:8917	SEQ ID NO:8929	SEQ ID NO:16941	
		AA	RTSQISTSYLN	AASSLQS	QQSYRTPFFT	
			SEQ ID NO:8918	SEQ ID NO:8930	SEQ ID NO:16942	
iPS:393982	21-225_6C12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGGA	CTACAGGATAATAGTTATCC	
			AAGTAATTTAGGC	AGT	GTTCACT	
			SEQ ID NO:8931	SEQ ID NO:8931	SEQ ID NO:16943	
		AA	RASQGIRSNLG	AASSLES	LQDNSYPFT	
			SEQ ID NO:8920	SEQ ID NO:8932	SEQ ID NO:16944	
iPS:393984	21-225_4F12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACGC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:8921	SEQ ID NO:8933	SEQ ID NO:16945	

【図４９－７３】

FIGURE 49

		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYALT	
			SEQ ID NO:8922	SEQ ID NO:8934	SEQ ID NO:16946	
iPS:393986	21-225_7G4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACATCAATATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
			SEQ ID NO:8923	SEQ ID NO:8935	SEQ ID NO:16947	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LHQYSYPRT	
			SEQ ID NO:8924	SEQ ID NO:8936	SEQ ID NO:16948	
iPS:393988	21-225_7F10	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC	
			GAATTATTTAGCC	AGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:8925	SEQ ID NO:8937	SEQ ID NO:16949	
		AA	RASQDIRNYLA	VASSLQS	QQYNSYPLT	
			SEQ ID NO:8926	SEQ ID NO:8938	SEQ ID NO:16950	
iPS:393990	21-225_11G7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTAATTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:8927	SEQ ID NO:8939	SEQ ID NO:16951	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSNYPLT	
			SEQ ID NO:8928	SEQ ID NO:8940	SEQ ID NO:16952	
iPS:393992	21-225_14H8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC	
			CTATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:8929	SEQ ID NO:8941	SEQ ID NO:16953	
		AA	RASQGISYYLA	VASSLQS	QQYNSYPFT	
			SEQ ID NO:8930	SEQ ID NO:8942	SEQ ID NO:16954	
iPS:393994	21-225_8C9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTATCC	
			AAATGATTTAGAC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:8931	SEQ ID NO:8943	SEQ ID NO:16955	
		AA	RASQAIRNDLD	AASSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:8932	SEQ ID NO:8944	SEQ ID NO:16956	
iPS:393996	21-225_15C11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACTGCATTATAGTTACCCT	
			AAATGATTTAGGC	AGT	CGGACG	
			SEQ ID NO:8933	SEQ ID NO:8945	SEQ ID NO:16957	

【図４９－７４】

FIGURE 49

		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LLHYSYPRT	
			SEQ ID NO:8934	SEQ ID NO:8946	SEQ ID NO:16958	
iPS:393998	21-225_12B12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:8935	SEQ ID NO:8947	SEQ ID NO:16959	
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:8936	SEQ ID NO:8948	SEQ ID NO:16960	
iPS:394000	21-225_11A2	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAG	GATGCATCCAAATTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCCC	
			CAACTATTTAAAT	AACA	GATCACC	
			SEQ ID NO:8937	SEQ ID NO:8949	SEQ ID NO:16961	
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDNLPIT	
			SEQ ID NO:8938	SEQ ID NO:8950	SEQ ID NO:16962	
iPS:394002	21-225_15G7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTAATTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:8939	SEQ ID NO:8951	SEQ ID NO:16963	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSNYPLT	
			SEQ ID NO:8940	SEQ ID NO:8952	SEQ ID NO:16964	
iPS:394004	21-225_13A1	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAA	GATGGATCCAATTTGGA	CAACAGTATGAAAATCTCCC	
			CAACTATTTAAAT	AACA	GATCACT	
			SEQ ID NO:8941	SEQ ID NO:8953	SEQ ID NO:16965	
		AA	QASQDINNYLN	DGSNLET	QQYENLPIT	
			SEQ ID NO:8942	SEQ ID NO:8954	SEQ ID NO:16966	
iPS:394006	21-225_15C2	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAC	GATGCATCCAATTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCCC	
			CAACTATTTAAAT	AACA	GATCACC	
			SEQ ID NO:8943	SEQ ID NO:8955	SEQ ID NO:16967	
		AA	QASQDITNYLN	DASNLET	QQYDNLPIT	
			SEQ ID NO:8944	SEQ ID NO:8956	SEQ ID NO:16968	
iPS:394008	21-225_15H8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAATTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:8945	SEQ ID NO:8957	SEQ ID NO:16969	

【図４９－７５】

FIGURE 49

		AA	QASQGISNSLN	DASNLET	QQYDNLPLT
			SEQ ID NO:8970	SEQ ID NO:8982	SEQ ID NO:16994
iPS:394037	21-225_4F4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCGTCCAGTGTGCA AACT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:971	SEQ ID NO:8983	SEQ ID NO:16995
		AA	RASQGIRNDLG	AASSVQT	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:972	SEQ ID NO:8984	SEQ ID NO:16996
iPS:394041	21-225_5E5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
			SEQ ID NO:973	SEQ ID NO:8985	SEQ ID NO:16997
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:974	SEQ ID NO:8986	SEQ ID NO:16998
iPS:394043	21-225_3B1	NA	CGGGCAAGTCAGAGTATTAA TAATTATTTAAAT	GCTACATCCAGTTTGCAA AAT	CAACAGAGTTACAGTACCCC CTTATTCACT
			SEQ ID NO:975	SEQ ID NO:8987	SEQ ID NO:16999
		AA	RASQSINNYLN	ATSSLQN	QQSYSTPLFT
			SEQ ID NO:976	SEQ ID NO:8988	SEQ ID NO:17000
iPS:394045	21-225_4H4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTGTGCA AAGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:977	SEQ ID NO:8989	SEQ ID NO:17001
		AA	RASQGIRNDLG	AASSVQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:978	SEQ ID NO:8990	SEQ ID NO:17002
iPS:394047	21-225_5E6	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAA CAACTATTTAAAT	GATGCATCCAAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATAATCTCCC GATCACC
			SEQ ID NO:979	SEQ ID NO:8991	SEQ ID NO:17003
		AA	QASQDINNYLN	DASNLET	QQYDNLPLT
			SEQ ID NO:980	SEQ ID NO:8992	SEQ ID NO:17004
iPS:394049	21-225_13H5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA ACT	CTACAGCATAATAGTTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:981	SEQ ID NO:8993	SEQ ID NO:17005

【図４９－７６】

FIGURE 49

		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:8958	SEQ ID NO:8970	SEQ ID NO:16982
iPS:394010	21-225_12G5	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA TCA	CAAAAGTATGACAGTGCCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:947	SEQ ID NO:8959	SEQ ID NO:16971
		AA	RASQDINNYLA	AAYLQS	QKYDSAPPT
			SEQ ID NO:948	SEQ ID NO:8960	SEQ ID NO:16972
iPS:394012	21-225_15A3	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTCTCC GCTCACT
			SEQ ID NO:949	SEQ ID NO:8961	SEQ ID NO:16973
		AA	RASQSIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:950	SEQ ID NO:8962	SEQ ID NO:16974
iPS:394014	21-225_8G6	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG TAGTTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGAACCCC CTTTTTCACT
			SEQ ID NO:951	SEQ ID NO:8963	SEQ ID NO:16975
		AA	RASQSIISSYLN	AASSLQS	QQSYRTPPFT
			SEQ ID NO:952	SEQ ID NO:8964	SEQ ID NO:16976
iPS:394016	21-225_13D4	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTTT AAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AAT	CAACAGACTTACAGTCTCC GCTCACT
			SEQ ID NO:953	SEQ ID NO:8965	SEQ ID NO:16977
		AA	RASQSIFSYLN	TASSLQN	QQTYSLPLT
			SEQ ID NO:954	SEQ ID NO:8966	SEQ ID NO:16978
iPS:394018	21-225_15B1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATCATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:955	SEQ ID NO:8967	SEQ ID NO:16979
		AA	RASQGISSYLA	AASSLQS	QQYHSYPFT
			SEQ ID NO:956	SEQ ID NO:8968	SEQ ID NO:16980
iPS:394020	21-225_15H10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:957	SEQ ID NO:8969	SEQ ID NO:16981

【図４９－７７】

FIGURE 49

		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQT	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:962	SEQ ID NO:8994	SEQ ID NO:17006
iPS:394051	21-225_9E5	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTGC CAGTTATTTAAAT	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGAGTTACAGTACCCC CTTATTCAGT
			SEQ ID NO:963	SEQ ID NO:8995	SEQ ID NO:17007
		AA	RASQSIASYLN	GASSLQS	QQSYSTPLFS
			SEQ ID NO:964	SEQ ID NO:8996	SEQ ID NO:17008
iPS:394053	21-225_11F10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTAGTTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:965	SEQ ID NO:8997	SEQ ID NO:17009
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT
			SEQ ID NO:966	SEQ ID NO:8998	SEQ ID NO:17010
iPS:394055	21-225_9C8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CTATTATTTAGCC	GTTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATGATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:967	SEQ ID NO:8999	SEQ ID NO:17011
		AA	RASQGISYYLA	VASSLQS	QQYDSYPPT
			SEQ ID NO:968	SEQ ID NO:9000	SEQ ID NO:17012
iPS:394057	21-225_15H1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:969	SEQ ID NO:9001	SEQ ID NO:17013
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHSSYPLT
			SEQ ID NO:990	SEQ ID NO:9002	SEQ ID NO:17014
iPS:394059	21-225_9E8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:991	SEQ ID NO:9003	SEQ ID NO:17015
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:992	SEQ ID NO:9004	SEQ ID NO:17016
iPS:394061	21-225_12D2	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT CCATAGTAATGGATACAACT ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCC TCC	ATGCAAGCTCTACAAACTCC TATCACC

【図４９－７８】

FIGURE 49

		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:8958	SEQ ID NO:8970	SEQ ID NO:16970
iPS:394022	21-225_16H6	NA	CGGGCGAGTCAGAACATTAG CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGAACCCC CTTATTCACT
			SEQ ID NO:959	SEQ ID NO:8971	SEQ ID NO:16983
		AA	RASQNISSYLN	AASSLQS	QQSYRTPLFT
			SEQ ID NO:960	SEQ ID NO:8972	SEQ ID NO:16984
iPS:394024	21-225_16B7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:961	SEQ ID NO:8973	SEQ ID NO:16985
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:962	SEQ ID NO:8974	SEQ ID NO:16986
iPS:394026	21-225_16C7	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:963	SEQ ID NO:8975	SEQ ID NO:16987
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPPT
			SEQ ID NO:964	SEQ ID NO:8976	SEQ ID NO:16988
iPS:394029	21-225_1B12	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAA CAACTATTTAAAT	GATGCATCCAAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATAAATCTCCC GATCACC
			SEQ ID NO:965	SEQ ID NO:8977	SEQ ID NO:16989
		AA	QASQDINNYLN	DASNLET	QQYENLPIT
			SEQ ID NO:966	SEQ ID NO:8978	SEQ ID NO:16990
iPS:394033	21-225_5F4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTCG AAATCATTTAGGC	GCTGCCTCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGTATAATGGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:967	SEQ ID NO:8979	SEQ ID NO:16991
		AA	RASQGIRNHLG	AASSLQS	LQYNGYPFT
			SEQ ID NO:968	SEQ ID NO:8980	SEQ ID NO:16992
iPS:394035	21-225_5G9	NA	CAGGCGAGTCAGGGCATTAG CAACTCTTTAAAT	GATGCATCCAAATTTGGA AACA	CAACAATATGATAATCTCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:969	SEQ ID NO:8981	SEQ ID NO:16993

【図４９－７９】

FIGURE 49

	21-225_12D2			SEQ ID NO:9005	SEQ ID NO:9005	SEQ ID NO:17017
			AA	RSSQSLLHSNGYNYLD	LGSNRAS	MQALQTPIT
				SEQ ID NO:9004	SEQ ID NO:9006	SEQ ID NO:17018
iPS:394063			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCGTCCAGTTTGCAA	CTACACCATAGTAATTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT
	21-225_16A1			SEQ ID NO:9007	SEQ ID NO:9007	SEQ ID NO:17019
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:9008	SEQ ID NO:9008	SEQ ID NO:17020
iPS:394065			NA	AAGTCCAACCAGAGAGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTTAGTACTCC
				ATCCAGCTCCAACAATCACA	ATCC	ATTCACT
				ACTACTTAGCT		
	21-225_11E2			SEQ ID NO:9009	SEQ ID NO:9009	SEQ ID NO:17021
			AA	KSNQRVLSSSNNHINYLA	WASTRES	QQYFSTPPT
				SEQ ID NO:9010	SEQ ID NO:9010	SEQ ID NO:17022
iPS:394067			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTATCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
	21-225_12F2			SEQ ID NO:9011	SEQ ID NO:9011	SEQ ID NO:17023
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT
				SEQ ID NO:9012	SEQ ID NO:9012	SEQ ID NO:17024
iPS:394069			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGTATCATAGTTACCC
				AGATATTTTAGGC	AAT	ATTCACT
	21-225_16H1			SEQ ID NO:9013	SEQ ID NO:9013	SEQ ID NO:17025
			AA	RASQGIRDDLG	AASSLQN	LQYHSYPFT
				SEQ ID NO:9014	SEQ ID NO:9014	SEQ ID NO:17026
iPS:394071			NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	TTGGGTTCTAATCGGGCC	ATGCAAGCTCTACAAACTCC
				GCATAGTAAGGGATACAACT	TCC	TCTCACC
				ATTTGGAT		
	21-225_10C7			SEQ ID NO:1003	SEQ ID NO:9015	SEQ ID NO:17027
			AA	RSSQSLLHSKGYNYLD	LGSNRAS	MQALQTPLT
				SEQ ID NO:1004	SEQ ID NO:9016	SEQ ID NO:17028

【図４９－８０】

FIGURE 49

iPS:394073			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATACTAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
	21-225_15C9			SEQ ID NO:1005	SEQ ID NO:9017	SEQ ID NO:17029
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHTSYPLT
				SEQ ID NO:1006	SEQ ID NO:9018	SEQ ID NO:17030
iPS:394075			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
	21-225_8D12			SEQ ID NO:1007	SEQ ID NO:9019	SEQ ID NO:17031
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT
				SEQ ID NO:1008	SEQ ID NO:9020	SEQ ID NO:17032
iPS:394077			NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAAA	CAACAGAGTTACAGAACCCC
				TAATTATTTAAAT	AGT	CTTTTTCACT
	21-225_8E12			SEQ ID NO:9021	SEQ ID NO:9021	SEQ ID NO:17033
			AA	RASQSISNYLN	AASSLQS	QQSYRTPFFT
				SEQ ID NO:1010	SEQ ID NO:9022	SEQ ID NO:17034
iPS:394079			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTGTGCA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AAGT	GCTCACT
	21-225_11F5			SEQ ID NO:1011	SEQ ID NO:9023	SEQ ID NO:17035
			AA	RASQGIRNDLG	AASSVQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:1012	SEQ ID NO:9024	SEQ ID NO:17036
iPS:394081			NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAA	GATGCATCCAATTTGGA	CAACAGTTTGATAATCTCCC
				CAACTATTTAAAT	AACA	GATCACC
	21-225_16B3			SEQ ID NO:9025	SEQ ID NO:9025	SEQ ID NO:17037
			AA	QASQDINNYLN	DASNLET	QQFDNLPIT
				SEQ ID NO:9026	SEQ ID NO:9026	SEQ ID NO:17038
iPS:394083			NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	ACTACATCCAGTTTGCAA	CAGCAGACTTACAGTACCCC
				CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
	21-225_16E6			SEQ ID NO:9027	SEQ ID NO:9027	SEQ ID NO:17039
			AA	QASQSISNYLN	TTSSLQS	QQTYSTPWT
				SEQ ID NO:9028	SEQ ID NO:9028	SEQ ID NO:17040

【図４９－８１】

FIGURE 49

iPS:394085			NA	AAGTCCAGCCAGAATTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATACTACTCC
				ATACAACTCCAACAATAACA	ATCC	GTGCAGT
	21-225_8B11			ACTACTTAGCT		
				SEQ ID NO:9029	SEQ ID NO:9029	SEQ ID NO:17041
			AA	KSSQNVLYNSNNNNYLA	WASTRKS	QQYYTTPCS
				SEQ ID NO:9030	SEQ ID NO:9030	SEQ ID NO:17042
iPS:394087			NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAATACCCC
				TAGTTATTTAAAT	AGT	CTTATTCACT
	21-225_11A5			SEQ ID NO:1019	SEQ ID NO:9031	SEQ ID NO:17043
			AA	RASQNIYSYLN	AASSLQS	QQSYNTPLFT
				SEQ ID NO:1020	SEQ ID NO:9032	SEQ ID NO:17044
iPS:394089			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAGTGATTTAGGC	GTGGACG	
	21-225_12E6			SEQ ID NO:1021	SEQ ID NO:9033	SEQ ID NO:17045
			AA	RASQGIRSDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT
				SEQ ID NO:1022	SEQ ID NO:9034	SEQ ID NO:17046
iPS:394091			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
	21-225_13H3			SEQ ID NO:1023	SEQ ID NO:9035	SEQ ID NO:17047
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:1024	SEQ ID NO:9036	SEQ ID NO:17048
iPS:394093			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	GTGGACG	
	21-225_9D12			SEQ ID NO:1025	SEQ ID NO:9037	SEQ ID NO:17049
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT
				SEQ ID NO:1026	SEQ ID NO:9038	SEQ ID NO:17050
iPS:394095			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
	21-225_16D4			SEQ ID NO:1027	SEQ ID NO:9039	SEQ ID NO:17051
			AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPWT

【図４９－８２】

FIGURE 49

iPS:394097			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
	21-225_16G7			SEQ ID NO:1029	SEQ ID NO:9041	SEQ ID NO:17053
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT
				SEQ ID NO:1030	SEQ ID NO:9042	SEQ ID NO:17054
iPS:398470			NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGAAAGCGCC	CAGCCGTGGAACAACAGCAC
				TAAATATGCTTAC	CTCA	TGTGGTA
	21-225_14B7			SEQ ID NO:1031	SEQ ID NO:9043	SEQ ID NO:17055
			AA	SGDKLGNKYAY	QDRKRPS	QAWNNSTVV
				SEQ ID NO:1032	SEQ ID NO:9044	SEQ ID NO:17056
iPS:398472			NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
				TAAATATGTTTAC	CTCA	TGTGGTT
	21-225_16F4			SEQ ID NO:1033	SEQ ID NO:9045	SEQ ID NO:17057
			AA	SGDKLGDKYVY	QDSKRPS	QAWDSSTVV
				SEQ ID NO:1034	SEQ ID NO:9046	SEQ ID NO:17058
iPS:398474			NA	CGGTCAAGTCAGAGCATTAA	GGTGCATCCAGTTTGCAC	CAACAGGGTTACAATACCCC
				CAGCTATTTAAAT	AGT	CACGTGGACG
	21-225_17B10			SEQ ID NO:1035	SEQ ID NO:9047	SEQ ID NO:17059
			AA	RSSQSINSYLN	AASSLHS	QQGYNTPTWT
				SEQ ID NO:1036	SEQ ID NO:9048	SEQ ID NO:17060
iPS:398476			NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAA	GCTGCATCCAATTTGCAA	CAACAGATTTGATAATCTCCC
				CGACTATTTAAAT	AGT	TCCGGAAGCGCAGT
	21-225_17C1			SEQ ID NO:1037	SEQ ID NO:9049	SEQ ID NO:17061
			AA	RASQNINSYLN	AASNLQS	QQTYNTPPERS
				SEQ ID NO:1038	SEQ ID NO:9050	SEQ ID NO:17062
iPS:398478			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCACTTTGCAA	CAAAAGTATACAGTGCCCC
				CAATTATTTAGCC	TCCGCTCACC	CAATTTTAAAT
	21-225_17C10			SEQ ID NO:1039	SEQ ID NO:9051	SEQ ID NO:17063
			AA	RASQGISNYLA	AASTLQS	QKYNSAPPLT

【図４９－８３】

FIGURE 49

iPS:398480			NA	CGGACAAGTCAGAATATTAG	SEQ ID NO:7064
		21-225_17G4		GTTGGTTCCAGTTTCCCA	CAACAGAGTAACTTTTTCCC
				CAACTATTTAAATT	AGTT
				SEQ ID NO:1041	SEQ ID NO:9053
			AA	RTSQNISNYLN	VASSFPS
				SEQ ID NO:1042	SEQ ID NO:9054
iPS:398482			NA	CGGCGAGTCCGGCACATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAAA
		21-225_17H6		CAATTATTTAGCC	AGT
			AA	TASSLQS	QDSKRPS
				SEQ ID NO:1044	SEQ ID NO:9056
iPS:398484			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGGA
		21-225_18D4		AAATGATTTTAGGC	AAGT
				SEQ ID NO:1045	SEQ ID NO:9057
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLES
				SEQ ID NO:1046	SEQ ID NO:9058
iPS:398486			NA	CGGGCAAGTCATACCATTAC	GCTACATCCAATCTCCAAA
		21-225_19A1		CAGCTATTTAAAT	AGT
			AA	RASHITISYLN	ATSNLQS
				SEQ ID NO:1047	SEQ ID NO:9059
iPS:398488			NA	TCTGGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC
		21-225_19F6		CTCA	TGTGGTA
				SEQ ID NO:1049	SEQ ID NO:9061
			AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS
				SEQ ID NO:1050	SEQ ID NO:9062
iPS:398490			NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAAA	CAAGATAGAAAGAGGCC
		21-225_21D12		TAAATATGCTTAC	CTCA
				SEQ ID NO:1051	SEQ ID NO:9063
			AA	SGDKLGNKYAY	QDRSKPS

			SEQ ID NO:1040	SEQ ID NO:9052	SEQ ID NO:17064
			CGGACAAGTCAGAATATTAG	GTTGGTTCCAGTTTCCCA	CAACAGAGTAACTTTTTCCC
		21-225_17G4	CAACTATTTAAATT	AGTT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1041	SEQ ID NO:9053	SEQ ID NO:17065
	AA		RTSQNISNYLN	VASSFPS	QQSNFFPLT
			SEQ ID NO:1042	SEQ ID NO:9054	SEQ ID NO:17066
	NA		CGGCGAGTCCGGCACATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGTATCATAGTTACCC
		21-225_17H6	CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1043	SEQ ID NO:9055	SEQ ID NO:17067
	AA		TASSLQS	QDSKRPS	QQYTHSYPFT
			SEQ ID NO:1044	SEQ ID NO:9056	SEQ ID NO:17068
	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGGA	CTACATCATAATAATTACCT
		21-225_18D4	AAATGATTTTAGGC	AAGT	CCCCATCACC
			SEQ ID NO:1045	SEQ ID NO:9057	SEQ ID NO:17069
	AA		RASQGIRNDLG	AASSLES	LHHNNYLPIT
			SEQ ID NO:1046	SEQ ID NO:9058	SEQ ID NO:17070
	NA		CGGGCAAGTCATACCATTAC	GCTACATCCAATCTCCAAA	CAACAGAGTTACAACTTCCC
		21-225_19A1	CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
	AA		RASHITISYLN	ATSNLQS	QQSYNPPLT
			SEQ ID NO:1047	SEQ ID NO:9059	SEQ ID NO:17071
	NA		TCTGGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAACAC
		21-225_19F6	CTCA	TGTGGTA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:1049	SEQ ID NO:9061	SEQ ID NO:17073
	AA		SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDNNTVV
			SEQ ID NO:1050	SEQ ID NO:9062	SEQ ID NO:17074
	NA		TCTGGAGATAAATTGGGGAAA	CAAGATAGAAAGAGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
		21-225_21D12	TAAATATGCTTAC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:1051	SEQ ID NO:9063	SEQ ID NO:17075
	AA		SGDKLGNKYAY	QDRSKPS	QAWDNSTVV

【図４９－８４】

FIGURE 49

iPS:398492			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA
		21-225_21F12		GAATTTTTTAGCC	ACT
				SEQ ID NO:1053	SEQ ID NO:9065
			AA	RASQGIRNFLA	AASSLQT
				SEQ ID NO:1054	SEQ ID NO:9066
iPS:398494			NA	ACTGGAACCAGCAGTGAGGT	GAGGTCAGTAATCGGCC
		21-225_21H4		TGGTGGTTATAACTCCTGTCT	CTCA
				SEQ ID NO:1055	SEQ ID NO:9067
			AA	TGTSSDVGGYNSVS	EVSNRPS
				SEQ ID NO:1056	SEQ ID NO:9068
iPS:398496			NA	AAGTCCACGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA
		21-225_22D2		ACACAGCTCCAACAATAACA	ATCC
				ACTACTTAGCT	
				SEQ ID NO:1057	SEQ ID NO:9069
			AA	KSSQSVLHSSNNNYLA	WASTRKS
				SEQ ID NO:1058	SEQ ID NO:9070
iPS:398498			NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGAAAGCGGCC
		21-225_22E6		GAAATATGCTTGC	CTCA
				SEQ ID NO:1059	SEQ ID NO:9071
			AA	SGDKLGEKYAC	QDRSKPS
				SEQ ID NO:1060	SEQ ID NO:9072
iPS:398500			NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCACTTTGCAAA
		21-225_23A11		CAATTATTTAGCC	AGT
				SEQ ID NO:1061	SEQ ID NO:9073
			AA	RASQDISNYLA	AASTLQS
				SEQ ID NO:1062	SEQ ID NO:9074
iPS:398502			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA
				CAAGTGGTTAGCC	AGT

			SEQ ID NO:1052	SEQ ID NO:9064	SEQ ID NO:17076
			CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGTATAATAGTTTCCC
		21-225_21F12	GAATTTTTTAGCC	ACT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1053	SEQ ID NO:9065	SEQ ID NO:17077
	AA		RASQGIRNFLA	AASSLQT	QQYNSFPFT
			SEQ ID NO:1054	SEQ ID NO:9066	SEQ ID NO:17078
	NA		ACTGGAACCAGCAGTGAGGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	AGCTCATATACAAGGAGCAG
		21-225_21H4	TGGTGGTTATAACTCCTGTCT	CTCA	CACTGTGGTA
			CC		
			SEQ ID NO:1055	SEQ ID NO:9067	SEQ ID NO:17079
			TGTSSDVGGYNSVS	EVSNRPS	SSYTRSSTVV
			SEQ ID NO:1056	SEQ ID NO:9068	SEQ ID NO:17080
	NA		AAGTCCACGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTACTCC
		21-225_22D2	ACACAGCTCCAACAATAACA	ATCC	GTGCAGT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1057	SEQ ID NO:9069	SEQ ID NO:17081
	AA		KSSQSVLHSSNNNYLA	WASTRKS	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:1058	SEQ ID NO:9070	SEQ ID NO:17082
	NA		TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGAAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
		21-225_22E6	GAAATATGCTTGC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:1059	SEQ ID NO:9071	SEQ ID NO:17083
	AA		SGDKLGEKYAC	QDRSKPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:1060	SEQ ID NO:9072	SEQ ID NO:17084
	NA		CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCACTTTGCAAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
		21-225_23A11	CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1061	SEQ ID NO:9073	SEQ ID NO:17085
	AA		RASQDISNYLA	AASTLQS	QQYNSYPFT
			SEQ ID NO:1062	SEQ ID NO:9074	SEQ ID NO:17086
	NA		CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAAGTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT

【図４９－８５】

FIGURE 49

	21-225_23B11		SEQ ID NO:1063	SEQ ID NO:9075	SEQ ID NO:17087
		AA	RASQGITKWLA	AASSLQS	QQANSFPFT
			SEQ ID NO:1064	SEQ ID NO:9076	SEQ ID NO:17088
iPS:398504		NA	TCTGGAGAAAAATTGGGGG	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGAACAGCAGCAA
	21-225_23D7		ATAAATATGTTGT	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:1065	SEQ ID NO:9077	SEQ ID NO:17089
		AA	SGRKLGDKYVC	QDSKRPS	QAWNSSNVV
			SEQ ID NO:1066	SEQ ID NO:9078	SEQ ID NO:17090
iPS:398506		NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTCTAGTACTCC
	21-225_23G12		ATTCAGCTCCAACAATAACA	ATCC	GTGGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1067	SEQ ID NO:9079	SEQ ID NO:17091
		AA	KSSQSILFSSNNNNYLA	WASTRES	QQYSSTPWT
			SEQ ID NO:1068	SEQ ID NO:9080	SEQ ID NO:17092
iPS:398508		NA	AGGTCTAGTCAAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTGCACACTGGCC
	21-225_24B1		ATACAGTGATGGAAAACACCT	CTCT	TCCGATCACC
			ACTTGAAT		
			SEQ ID NO:1069	SEQ ID NO:9081	SEQ ID NO:17093
		AA	RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS	MQGAHWPPIT
			SEQ ID NO:1070	SEQ ID NO:9082	SEQ ID NO:17094
iPS:398510		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
	21-225_25A3		ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC	GTGCAGT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1071	SEQ ID NO:9083	SEQ ID NO:17095
		AA	KSSQSVLYSSNNKCNYLA	WASTRES	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:1072	SEQ ID NO:9084	SEQ ID NO:17096
iPS:398512		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTACAGTACTCC
	21-225_25E12		ATACCACTCCAACAATTACA	GTCC	GTGCAGT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1073	SEQ ID NO:9085	SEQ ID NO:17097

【図４９－８６】

FIGURE 49

			AA	KSSQSVLYHSNNYNYLA	WASTRES
				SEQ ID NO:1074	SEQ ID NO:9086
iPS:398516			NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA
		21-225_26A9		ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC
				ACTACTTAGCT	
				SEQ ID NO:1075	SEQ ID NO:9087
			AA	KSSQSVLYSSNNKCNYLA	WASTRES
				SEQ ID NO:1076	SEQ ID NO:9088
iPS:398520			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAG
		21-225_31C4		CAAATGGTTAGCC	AGT
				SEQ ID NO:1077	SEQ ID NO:9089
			AA	RASQGISKWLA	AASSLQS
				SEQ ID NO:1078	SEQ ID NO:9090
iPS:398522			NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA
		21-225_32A1		ATACAGCTCCAACAATTACA	ATCC
				ACTACTTAGCT	
				SEQ ID NO:1079	SEQ ID NO:9091
			AA	KSSQSVLYSSNNYNYLA	WASTRKS
				SEQ ID NO:1080	SEQ ID NO:9092
iPS:398524			NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA
		21-225_32A5		ACACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC
				ACTACTTAGCT	
				SEQ ID NO:1081	SEQ ID NO:9093
			AA	KSSQSVLHSSNNKCNYLA	WASTRES
				SEQ ID NO:1082	SEQ ID NO:9094
iPS:398526			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA
		21-225_32B3		CAATTATTTAGCC	AGT
				SEQ ID NO:1083	SEQ ID NO:9095
			AA	RASQGISNYLA	AASSLQS
				SEQ ID NO:1084	SEQ ID NO:9096

			AA	KSSQSVLYHSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPCS
				SEQ ID NO:1074	SEQ ID NO:9086	SEQ ID NO:17098
iPS:398516			NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTAGTCC
		21-225_26A9		ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC	GTGCAGT
				ACTACTTAGCT		
				SEQ ID NO:1075	SEQ ID NO:9087	SEQ ID NO:17099
			AA	KSSQSVLYSSNNKCNYLA	WASTRES	QQYYSSPCS
				SEQ ID NO:1076	SEQ ID NO:9088	SEQ ID NO:17100
iPS:398520			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAG	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
		21-225_31C4		CAAATGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:1077	SEQ ID NO:9089	SEQ ID NO:17101
			AA	RASQGISKWLA	AASSLQS	QQANSFPFT
				SEQ ID NO:1078	SEQ ID NO:9090	SEQ ID NO:17102
iPS:398522			NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAACAATATTATACTCTCC
		21-225_32A1		ATACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	GTGCAGT
				ACTACTTAGCT		
				SEQ ID NO:1079	SEQ ID NO:9091	SEQ ID NO:17103
			AA	KSSQSVLYSSNNYNYLA	WASTRKS	QQYYSPSPCS
				SEQ ID NO:1080	SEQ ID NO:9092	SEQ ID NO:17104
iPS:398524			NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTTCTCC
		21-225_32A5		ACACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC	GTGCAGT
				ACTACTTAGCT		
				SEQ ID NO:1081	SEQ ID NO:9093	SEQ ID NO:17105
			AA	KSSQSVLHSSNNKCNYLA	WASTRES	QQYYSSPCS
				SEQ ID NO:1082	SEQ ID NO:9094	SEQ ID NO:17106
iPS:398526			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CAACAGTATAATAGTTATCC
		21-225_32B3		CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:1083	SEQ ID NO:9095	SEQ ID NO:17107
			AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPFT
				SEQ ID NO:1084	SEQ ID NO:9096	SEQ ID NO:17108

【図４９－８７】

FIGURE 49

iPS:398528	21-225_32G1	NA	CGGGCAAGTCAGGACATGA	GCTGCATCCAGTTTGCAAA
			GAAGTGGATTTAGGC	AGT
		AA	RASQDMRSDLG	AASSLQS
iPS:398530	21-225_32G4	NA	AGGTTCAAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA
			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTCT
			ACTTGAAT	
		AA	RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS
iPS:398532	21-225_33B7	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCTAGTTTGCAA
			CAATTATTTGGCC	AGT
		AA	RASQDISNYLA	AASSLQS
iPS:398534	21-225_33B8	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATTCAGTTTGCAA
			AAGTGATTTAGGC	AGT
		AA	RASQDIRSDLG	AASSLQS
iPS:398536	21-225_33D12	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	AGTGCATCCAGTTTGCA
			AAGCTATTTAAAT	AAGT
		AA	RASQSIRSYLN	SASSLQS
iPS:398538	21-225_34H7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA
			ATACAGCTCCCAACAATTACA	ATCC
			ACTACTTAGCT	
			SEQ ID NO:1095	SEQ ID NO:9107

		AA	KSSQSLVSSNNYNYLA	WASTRKS
			SEQ ID NO:1096	SEQ ID NO:9108
iPS:398540	21-225_35A6	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTACATCCAGTTTGCAA
			AAGTGATTTAGGC	AGT
		AA	RASQDIRSDLG	ATSSLQS
			SEQ ID NO:1097	SEQ ID NO:9109
iPS:398544	21-225_7C8	NA	ACCCTAAGCAGTGAGCACAG	GTTAAGAGTGATGGCAG
			CACCTACACCATCGAA	CCACAGCAAGGGGGAC
			SEQ ID NO:1099	SEQ ID NO:9111
		AA	TLSSHSTYTIE	VKSDGSHSKGD
			SEQ ID NO:1100	SEQ ID NO:9112
iPS:398546	21-225_9H10	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC
			TAAATATGCTTGC	CTCA
			SEQ ID NO:1101	SEQ ID NO:9113
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKSRPS
			SEQ ID NO:1102	SEQ ID NO:9114
iPS:402219	21-225_1C12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	AGT
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS
iPS:402221	21-225_2C12	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCAACCAGTTTGCA
			CAATTATTTAGCC	AAGT
		AA	RASQGISNYLA	AATSLQS
iPS:402223		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCCGTTTGCAA
			CAGATGGTTAGCC	AGT

		AA	QQYYTSPCS	
			SEQ ID NO:1120	
iPS:398540	21-225_35A6	NA	CTACAGCATACTATTTACCC	
			TCCTACT	
		AA	LQHTTYPPT	
			SEQ ID NO:1121	
iPS:398544	21-225_7C8	NA	GGAGAGAGCCACCCGATTGA	
			TCGCCCAAGTCCGTGTGGTA	
			SEQ ID NO:1123	
		AA	GHSHPIDGQVGVV	
			SEQ ID NO:1124	
iPS:398546	21-225_9H10	NA	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
			TTATGTGGTA	
			SEQ ID NO:1125	
		AA	QAWDSSTVVV	
			SEQ ID NO:1126	
iPS:402219	21-225_1C12	NA	CTACAACATAATAGTTACCC	
			GCTCCACT	
		AA	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:1127	
iPS:402221	21-225_2C12	NA	TTATGTGGTA	
			SEQ ID NO:1128	
		AA	QQYYVYPPT	
			SEQ ID NO:1130	
iPS:402223		NA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	
			ATTCACT	

【図４９－８８】

FIGURE 49

iPS:398528	21-225_32G1	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATACTATTTCCCCT
			AGT	CCTACT
		AA	AASSLQS	LQHTTSPPT
iPS:398530	21-225_32G4	NA	AAGGTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTATACACTGGCT
			CTCT	CACT
		AA	KVSNWDS	MQGIHWLT
iPS:398532	21-225_33B7	NA	GCTGCATCTAGTTTGCAA	CAACAGTATCATAGTTACCC
			AGT	GCTCACC
		AA	AASSLQS	QQYHSYPLT
iPS:398534	21-225_33B8	NA	CTACAGCATACTATTTACCC	
			TCCTACT	
		AA	LQHTTYPPT	
iPS:398536	21-225_33D12	NA	CAACAGAGTTACAGTATCCC	
			GATCACC	
		AA	QQSYSIPPT	
iPS:398538	21-225_34H7	NA	CAGCAATATTATACTTCTCC	
			GTGCAGT	
			SEQ ID NO:1119	

【図４９－８９】

FIGURE 49

iPS:402225	21-225_2B1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATTGCAAGCGGCC
			TAAATATGCTTGC	CTCA
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS
iPS:402229	21-225_16D9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA
			AAATTATTTAGGC	AAGT
		AA	RASQGIRNYLG	GASSLQS
iPS:402231	21-225_6D9	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAAGAAGCGGCC
			AAAATATGCTTGC	CTCA
		AA	SGDKLGEKYAC	QDKKRPS
iPS:402233	21-225_16D10	NA	CGGGCGAGTCAGGACATAA	GCTACACCCAGTTTGCA
			GTAATTATTTAGCC	GAGT
		AA	RASQDISNYLA	AITSLQS
iPS:402235	21-225_20F10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			CAATTATTTAGCC	AGT
		AA	RASQGINNYLA	AASSLQS
iPS:402237		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			CAATTATTTAGCC	AGT

		AA	QQYNSPPWT	
			SEQ ID NO:1132	
iPS:402225	21-225_2B1	NA	CAGGCGTGGGACAACAACAC	
			TGTGGTA	
		AA	QAWDNNTVV	
			SEQ ID NO:1134	
iPS:402229	21-225_16D9	NA	CTACAGTATCATAGTTACCC	
			ATTCACT	
		AA	LQYHSTLFT	
			SEQ ID NO:1136	
iPS:402231	21-225_6D9	NA	CAGCGTGGGACAGCAGCAC	
			TGTTA	
		AA	QAWDSSTV	
			SEQ ID NO:1137	
iPS:402233	21-225_16D10	NA	CAACAGTATAATAGTTACCC	
			GCTCACT	
		AA	QQYNSYPLT	
			SEQ ID NO:1139	
iPS:402235	21-225_20F10	NA	CAGCAATATTATACTTCTCC	
			ATTCACT	
		AA	QQYNSYPPT	
			SEQ ID NO:1141	
iPS:402237		NA	CAACAGTATCATAGTTACCC	
			GCTCACT	

【図４９－９０】

FIGURE 49

iPS:403868	21-225_19D11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTACATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	AGT
		AA	RASQGIRNDLG	ATSSLQS
iPS:403870	21-225_23G4	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTA	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			CAGCTATTTAAAT	AGT
		AA	RASQNIYSYLN	AASSLQS
iPS:403872	21-225_8F11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GATGCATCCAGGTGTGCA
			GAGTGATTTAGGC	AAGT
		AA	RASQGIRSDLG	DASSVQS
iPS:404090	21-225_8D8	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC
			GAAATATGCTTGC	CTCA
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS
iPS:412232	21-225_4A2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT	TGAGCATCTCACCCGGGA
			ACACAGCTCCAACAATAACA	ATCC
			ACTACTTAGCT	
			SEQ ID NO:1129	
		AA	KSSQSLLHSSNNNNYLA	WASTRES
			SEQ ID NO:1130	

		AA	QQYHSTPLT	
			SEQ ID NO:1143	
iPS:403868	21-225_19D11	NA	CTACAGTATTATAGTTACCC	
			GCTCACT	
		AA	QQYNSYPPECN	
			SEQ ID NO:1145	
iPS:403870	21-225_23G4	NA	CAACAGAGTTACAATACCCC	
			TCCGGAGTGCAAT	
		AA	QQSYNTPPECN	
			SEQ ID NO:1147	
iPS:403872	21-225_8F11	NA	CTACAACATTATACTTACCC	
			GCTCACT	
		AA	LQHYSTPLT	
			SEQ ID NO:1149	
iPS:404090	21-225_8D8	NA	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
			TGCGGTA	
		AA	QAWDSSTAV	
			SEQ ID NO:1151	
iPS:412232	21-225_4A2	NA	CAGCAATATTATAATACTCC	
			AGTCCACT	
		AA	KSSQSLLHSSNNNNYLA	WASTRES
			SEQ ID NO:1154	

【図４９－９１】

FIGURE 49

iPS:422894	21-225_4A2.001	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATACTCC AGTCACT
			ACTTCATTAGCT		
			SEQ ID NO:1151	SEQ ID NO:9143	SEQ ID NO:17155
		AA	KSSQSILHSSNNNYLA	WASTRES	QQYYNTPWT
			SEQ ID NO:1152	SEQ ID NO:9144	SEQ ID NO:17156
iPS:423018	21-225_31D12_LC2	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA TAAATATGCTTAC	CAAGATAGGAAGCGGCC CTCA	CAGGCGTGGGACAACAGCAC TGCGGTA
			SEQ ID NO:1153	SEQ ID NO:9145	SEQ ID NO:17157
		AA	SGDKLGDKYAY	QDRKRPS	QAWDNSTAV
			SEQ ID NO:1154	SEQ ID NO:9146	SEQ ID NO:17158
iPS:423019	21-225_31D12_LC1	NA	AGGTTCTATCAAAGCCTCAT ATACAGTGATGGAAACACCT TCTTGAAT	AAGGTTTCTAATTGGGA CTCT	ATGCAAGGTACACACTGGCC TCTCACC
			SEQ ID NO:1155	SEQ ID NO:9147	SEQ ID NO:17159
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	MQGTHWPLT
			SEQ ID NO:1156	SEQ ID NO:9148	SEQ ID NO:17160
iPS:423314	21-225_12F11	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATGATACTCC ATTCACT
			SEQ ID NO:1157	SEQ ID NO:9149	SEQ ID NO:17161
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYDTPFT
			SEQ ID NO:1158	SEQ ID NO:9150	SEQ ID NO:17162
iPS:423419	21-225_25A4.001	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:1159	SEQ ID NO:9151	SEQ ID NO:17163
		AA	KSSQSVLYSSHNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:1160	SEQ ID NO:9152	SEQ ID NO:17164

【図４９－９２】

FIGURE 49

iPS:424460	21-225_7E11.001	NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:1161	SEQ ID NO:9153	SEQ ID NO:17165
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:1162	SEQ ID NO:9154	SEQ ID NO:17166
iPS:426108	21-225_10G6	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAAATGGTTAGCC	GCTGCATATAGTTTACAAA AGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:1163	SEQ ID NO:9155	SEQ ID NO:17167
		AA	RASQGISKWLA	AAYSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:1164	SEQ ID NO:9156	SEQ ID NO:17168
iPS:426110	21-225_12E9	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGCTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGGTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:1165	SEQ ID NO:9157	SEQ ID NO:17169
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:1166	SEQ ID NO:9158	SEQ ID NO:17170
iPS:426112	21-225_12F12	NA	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT ATTCAGCTCCCAACAATAACC ACTACTTAGCA	TGGGCATCTACCCGGGC ATCC	CAGCAATATTATAGTAGTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:1167	SEQ ID NO:9159	SEQ ID NO:17171
		AA	KSSQTVLYSSNNNHYLA	WASTRAS	QQYYSSPWT
			SEQ ID NO:1168	SEQ ID NO:9160	SEQ ID NO:17172
iPS:426114	21-225_28H2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CTACAACATTATAGTTACCC TCGCACGT
			SEQ ID NO:1169	SEQ ID NO:9161	SEQ ID NO:17173
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPRS
			SEQ ID NO:1170	SEQ ID NO:9162	SEQ ID NO:17174
iPS:426116	21-225_29E2	NA	CGGGCAAGTCAGGCCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	TTACAGCATTATAATTACCC TCGCACGT
			SEQ ID NO:1171	SEQ ID NO:9163	SEQ ID NO:17175
		AA	RASQAIRNDLG	AASSLQS	LQHTNYPRS

【図４９－９３】

FIGURE 49

iPS:426118	21-225_7A10	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTA CAGCTATTTAAAT	TCTACATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTCCCCC TCTCACT
			SEQ ID NO:1153	SEQ ID NO:9165	SEQ ID NO:17177
		AA	RASQNIYSYLN	STSSLQS	QQSYSPPLT
			SEQ ID NO:1154	SEQ ID NO:9166	SEQ ID NO:17178
iPS:426124	21-225_32D6	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAT CAGCTATTTAAAT	GTTGCATCCCGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTACCCC GTACACT
			SEQ ID NO:1155	SEQ ID NO:9167	SEQ ID NO:17179
		AA	RASQNIISYLN	VASRLQS	QQSYSTPYT
			SEQ ID NO:1156	SEQ ID NO:9168	SEQ ID NO:17180
iPS:426126	21-225_6G6	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAACTCCAACAATTATA ACTATTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATGATACTCC ATTCACT
			SEQ ID NO:1157	SEQ ID NO:9169	SEQ ID NO:17181
		AA	KSSQSVLHNSNNYNYLA	WASTRES	QQYYDTPFT
			SEQ ID NO:1158	SEQ ID NO:9170	SEQ ID NO:17182
iPS:433895	21-225_43E1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAATGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:1159	SEQ ID NO:9171	SEQ ID NO:17183
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:1160	SEQ ID NO:9172	SEQ ID NO:17184
iPS:433897	21-225_43C2	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CGACTCTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTAACAGTTTCCC GTGGACG
			SEQ ID NO:1161	SEQ ID NO:9173	SEQ ID NO:17185
		AA	RASQGISDWLA	AASSLQS	QQTNSPPWT
			SEQ ID NO:1162	SEQ ID NO:9174	SEQ ID NO:17186
iPS:433899	21-225_43C3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAATGTTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:1163	SEQ ID NO:9175	SEQ ID NO:17187

【図４９－９４】

FIGURE 49

iPS:433901	21-225_43A4	AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:1164	SEQ ID NO:9176	SEQ ID NO:17188
		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATTATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:1165	SEQ ID NO:9177	SEQ ID NO:17189
		AA	RASQGINNYLA	AASSLQS	QQYYSYPPT
			SEQ ID NO:1166	SEQ ID NO:9178	SEQ ID NO:17190
iPS:433903	21-225_43H4	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAT CAACTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTAACAGTTTCCC GTGGACG
			SEQ ID NO:1167	SEQ ID NO:9179	SEQ ID NO:17191
		AA	RASQGIINWLA	AASSLQS	QQTNSPPWT
			SEQ ID NO:1168	SEQ ID NO:9180	SEQ ID NO:17192
iPS:433905	21-225_43E5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GGTGCATCCAAATTTGCA AAGT	CTACAGCATACTAGTTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:1169	SEQ ID NO:9181	SEQ ID NO:17193
		AA	RASQGIRNDLG	GASNLQS	LQHTSPPIT
			SEQ ID NO:1170	SEQ ID NO:9182	SEQ ID NO:17194
iPS:433909	21-225_43D8	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT AATGACCTCCAACGATAAGA ACTACTTAACT	TGGGCTTCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:1171	SEQ ID NO:9183	SEQ ID NO:17195
		AA	KSSQSVLMTSNDKNYLT	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:1172	SEQ ID NO:9184	SEQ ID NO:17196
iPS:433911	21-225_43E8	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAACTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTAACAGTTTCCC GTGGACG
			SEQ ID NO:1173	SEQ ID NO:9185	SEQ ID NO:17197
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQTNSPPWT
			SEQ ID NO:1174	SEQ ID NO:9186	SEQ ID NO:17198
iPS:433913		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAATGTTTCCC ATTCACT

【図４９－９５】

FIGURE 49

				21-225_43H8		SEQ ID NO:9187	SEQ ID NO:17199
					AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS
						SEQ ID NO:1176	SEQ ID NO:9188	SEQ ID NO:17200
iPS:433915					NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG	GATGCATCCAGTTTGCA	CAACAGGCTAACAGTCTCCC
				21-225_43I9		CAGCTGGTTAGCC	AAGT	ATTCACT
						SEQ ID NO:1177	SEQ ID NO:9189	SEQ ID NO:17201
					AA	RASQDISSWLA	DASSLQS	QQANSLPPT
						SEQ ID NO:1178	SEQ ID NO:9190	SEQ ID NO:17202
iPS:433917					NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
				21-225_43I11		GCACAGTGATGGAAGGACCTTCT		GTGGACG
						ATTTGTAT		
						SEQ ID NO:1179	SEQ ID NO:9191	SEQ ID NO:17203
					AA	KSSQSLLHSDGRTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT
						SEQ ID NO:1180	SEQ ID NO:9192	SEQ ID NO:17204
iPS:433919					NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACTGCATTATAATTACCCT
				21-225_44B3		AAATGATTTAGGC	AGT	CGGACG
						SEQ ID NO:1181	SEQ ID NO:9193	SEQ ID NO:17205
					AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LLHYNYPRT
						SEQ ID NO:1182	SEQ ID NO:9194	SEQ ID NO:17206
iPS:433921					NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTAGTTACCC
				21-225_44C3		AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT
						SEQ ID NO:1183	SEQ ID NO:9195	SEQ ID NO:17207
					AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT
						SEQ ID NO:1184	SEQ ID NO:9196	SEQ ID NO:17208
iPS:433923					NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
				21-225_44D3		AGATGATTTAGGC	AGT	TCCGGACG
						SEQ ID NO:1185	SEQ ID NO:9197	SEQ ID NO:17209
					AA	RASQGIRDDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
						SEQ ID NO:1186	SEQ ID NO:9198	SEQ ID NO:17210

【図４９－９６】

FIGURE 49

				21-225_44F3	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
						CGACTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
						SEQ ID NO:1187	SEQ ID NO:9199	SEQ ID NO:17211
					AA	RASQGISDWLA	AASSLQS	QQANSPPFT
						SEQ ID NO:1188	SEQ ID NO:9200	SEQ ID NO:17212
iPS:433929					NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCACTTTGGAA	CTACAGCATTATAGTTTCCC
				21-225_44D5		AAAAGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
						SEQ ID NO:1189	SEQ ID NO:9201	SEQ ID NO:17213
					AA	RASQDIRKDLG	AASTLES	LQHYSYPWT
						SEQ ID NO:1190	SEQ ID NO:9202	SEQ ID NO:17214
iPS:433931					NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGTTCACC
				21-225_44F6		TGGAAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
						SEQ ID NO:1191	SEQ ID NO:9203	SEQ ID NO:17215
					AA	RASQSVSGSYLA	GASSRAT	QQYGSSPWT
						SEQ ID NO:1192	SEQ ID NO:9204	SEQ ID NO:17216
iPS:433933					NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAAATTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				21-225_44C8		AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
						SEQ ID NO:1193	SEQ ID NO:9205	SEQ ID NO:17217
					AA	RASQGIRNDLG	AASNLQS	LQHNSYPFT
						SEQ ID NO:1194	SEQ ID NO:9206	SEQ ID NO:17218
iPS:433935					NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTCCACCATTATAATTACCCT
				21-225_44F9		AAATGATTTAGGC	AGT	CGGACG
						SEQ ID NO:1195	SEQ ID NO:9207	SEQ ID NO:17219
					AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LHHYNYPRT
						SEQ ID NO:1196	SEQ ID NO:9208	SEQ ID NO:17220
iPS:433937					NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAATTTCCCACCGGTTC	ATGCAAAGTATCCACCTTCC
				21-225_44H10		GCATAGTCAGGGGAAGGACC	TCT	GTTCACT
						TATTTGTAT		
						SEQ ID NO:1197	SEQ ID NO:9209	SEQ ID NO:17221
					AA	KSSQSLLHSDGRTYLY	EISNRFS	MQSHHLPFT

【図４９－９７】

FIGURE 49

				21-225_44C10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTACATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
						AGATGATTTAGGC	AGT	TCCGGACG
						SEQ ID NO:1199	SEQ ID NO:9211	SEQ ID NO:17223
					AA	RASQGIRDDLG	ATSSLQS	LQHYSYPRT
						SEQ ID NO:1200	SEQ ID NO:9212	SEQ ID NO:17224
iPS:433941					NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
				21-225_44D10		CGACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
						SEQ ID NO:1201	SEQ ID NO:9213	SEQ ID NO:17225
					AA	RASQGISDWLA	AASSLQS	QQTNSPPWT
						SEQ ID NO:1202	SEQ ID NO:9214	SEQ ID NO:17226
iPS:433943					NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	TTGGGTTCTAATCGGGCC	ATGCAAACTCTACAAACTCC
				21-225_44E10		GCATAGTAATGGATACAGCT	TCC	ATTCACT
						ATTTGTGAG		
						SEQ ID NO:1203	SEQ ID NO:9215	SEQ ID NO:17227
					AA	RSSQSLLHSNGYSYLE	LGSNRAS	MQTLQTPFT
						SEQ ID NO:1204	SEQ ID NO:9216	SEQ ID NO:17228
iPS:433945					NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATTCAGTTTGCAA	CAACAGTCTAACAGTTTCCC
				21-225_44C12		CAACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
						SEQ ID NO:1205	SEQ ID NO:9217	SEQ ID NO:17229
					AA	RASQGISNWLA	AAFSLQS	QQSNSPPWT
						SEQ ID NO:1206	SEQ ID NO:9218	SEQ ID NO:17230
iPS:433947					NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTACCC
				21-225_44E12		AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
						SEQ ID NO:1207	SEQ ID NO:9219	SEQ ID NO:17231
					AA	RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
						SEQ ID NO:1208	SEQ ID NO:9220	SEQ ID NO:17232
iPS:433949					NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAATTTGCA	CTACAGCATACTAGTTTCCC
				21-225_45D2		AAATGATTTAGGC	AAGT	ATTCACT
						SEQ ID NO:1209	SEQ ID NO:9221	SEQ ID NO:17233

【図４９－９８】

FIGURE 49

				21-225_45H4	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GATGCATCCAACAGTCTCCC	CAACAGGCTAACAGTCTCCC
						CAGCTGGTTAGCC	AAGT	TTTCACT
						SEQ ID NO:1213	SEQ ID NO:9225	SEQ ID NO:17237
					AA	RASQDISSWLA	DASSLQS	QQANSLPPT
						SEQ ID NO:1214	SEQ ID NO:9226	SEQ ID NO:17238
iPS:433955					NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAATTACCC
				21-225_45B8		AGATGATTTAGGC	AGT	TCCGGACG
						SEQ ID NO:1215	SEQ ID NO:9227	SEQ ID NO:17239
					AA	RASQDIRDDLG	AASSLQS	LQHYNYPRT
						SEQ ID NO:1216	SEQ ID NO:9228	SEQ ID NO:17240
iPS:433957					NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
				21-225_45F8		CGACTGGTTAGCC	AAGT	GTGGACG
						SEQ ID NO:1217	SEQ ID NO:9229	SEQ ID NO:17241
					AA	RASQGISDWLA	GASSLQS	QQTNSPPWT
						SEQ ID NO:1218	SEQ ID NO:9230	SEQ ID NO:17242
iPS:433959					NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG	GCTGCATCCAGTTTGGA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
				21-225_45C9		CGACTGGTTAGCT	AAGT	ATTCACT
						SEQ ID NO:1219	SEQ ID NO:9231	SEQ ID NO:17243
					AA	RASQDISDWLA	AASSLES	QQANSPPFT
						SEQ ID NO:1220	SEQ ID NO:9232	SEQ ID NO:17244
iPS:433961					NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACACTATTATAGTTACCC
				21-225_45D9		CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
						SEQ ID NO:1221	SEQ ID NO:9233	SEQ ID NO:17245

【図４９－９９】

FIGURE 49

			AA	RASQGINNYLA	AASSLQS	QHYYSYPFT	
				SEQ ID NO:1222	SEQ ID NO:9234	SEQ ID NO:17246	
IPS:433963			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
				AAATGATTTAGGC	GGT	GCTCACT	
		21-225_46B1		SEQ ID NO:1223	SEQ ID NO:9235	SEQ ID NO:17247	
			AA	IQASQGIRNDLG	AASSLQG	LQHNSYPLT	
			NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAATCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC	
				GCATTGGTGATGGAAAGACAT	TCT	GTGGACG	
				ATTTGTAT			
		21-225_46F2		SEQ ID NO:1225	SEQ ID NO:9237	SEQ ID NO:17249	
			AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT	
				SEQ ID NO:1226	SEQ ID NO:9238	SEQ ID NO:17250	
IPS:433967			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATTATAGTTACCC	
				AGATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
		21-225_46C3		SEQ ID NO:1227	SEQ ID NO:9239	SEQ ID NO:17251	
			AA	RASQGIRDDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	
				SEQ ID NO:1228	SEQ ID NO:9240	SEQ ID NO:17252	
IPS:433969			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
				AAAAGATTTAGGC	AGT	TCTCACT	
		21-225_46F3		SEQ ID NO:1229	SEQ ID NO:9241	SEQ ID NO:17253	
			AA	IRSSQGIRKDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
				SEQ ID NO:1230	SEQ ID NO:9242	SEQ ID NO:17254	
IPS:433971			NA	CGGACAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGGA	CTACAGCATTATAGTTCCC	
				AAAAGATTTAGGC	AAGT	GTGGACG	
		21-225_46D4		SEQ ID NO:1231	SEQ ID NO:9243	SEQ ID NO:17255	
			AA	RTSQDIRKDLG	AASSLES	LQHYSFPWT	
				SEQ ID NO:1232	SEQ ID NO:9244	SEQ ID NO:17256	
IPS:433973			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC	
				CAACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG	

【図４９－１００】

FIGURE 49

			AA	RASQGINSWLA	AASSLQS	QQYNSFPWT	
				SEQ ID NO:1233	SEQ ID NO:9245	SEQ ID NO:17257	
IPS:433975			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
				AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT	
		21-225_46C6		SEQ ID NO:1235	SEQ ID NO:9247	SEQ ID NO:17259	
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
				SEQ ID NO:1236	SEQ ID NO:9248	SEQ ID NO:17260	
IPS:433977			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
				AAAAGATTTAGGC	AGT	TCTCACT	
		21-225_46D8		SEQ ID NO:1237	SEQ ID NO:9249	SEQ ID NO:17261	
			AA	RASQGIRKDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
				SEQ ID NO:1238	SEQ ID NO:9250	SEQ ID NO:17262	
IPS:433979			NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCTTACCGGTTC	ATGCACAGTATACAGTATCCC	
				GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT	GCTCACG	
				TATTTGTAT			
		21-225_46B9		SEQ ID NO:1239	SEQ ID NO:9251	SEQ ID NO:17263	
			AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSYRFS	MHSIQYPLT	
				SEQ ID NO:1240	SEQ ID NO:9252	SEQ ID NO:17264	
IPS:433981			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTTCAGCATACTAGTTTCCC	
				AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
		21-225_46E9		SEQ ID NO:1241	SEQ ID NO:9253	SEQ ID NO:17265	
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHTSFPPT	
				SEQ ID NO:1242	SEQ ID NO:9254	SEQ ID NO:17266	
IPS:433983			NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATTCAGTTTGCAAA	CTGCAACATAATAGTTACCC	
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
		21-225_47A1		SEQ ID NO:1243	SEQ ID NO:9255	SEQ ID NO:17267	
			AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
				SEQ ID NO:1244	SEQ ID NO:9256	SEQ ID NO:17268	

【図４９－１０１】

FIGURE 49

			AA	RSSQSLLIHSNGYNYLE	LGFNRAS	MQVLQTPFT	
				SEQ ID NO:1249	SEQ ID NO:9261	SEQ ID NO:17273	
IPS:433985			NA	ACGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC	
				GCATAGTGAAGGAAAGACC	TCT	GTGGACG	
		21-225_47C1		TATTTGTAT			
			AA	TSSQSLLIHSEGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT	
				SEQ ID NO:1245	SEQ ID NO:9257	SEQ ID NO:17269	
			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
				AAATGATTTAGGC	AAGT	GCTCACT	
IPS:433987		21-225_47A5		SEQ ID NO:1246	SEQ ID NO:9258	SEQ ID NO:17270	
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
				SEQ ID NO:1247	SEQ ID NO:9259	SEQ ID NO:17271	
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
				SEQ ID NO:1248	SEQ ID NO:9260	SEQ ID NO:17272	
IPS:433989			NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	TTGGGTTTTAATCGGGCC	ATGCAAGTTCTACAAACTCC	
				GCATAGTAATGGATACAACT	TCC	ATTCACT	
		21-225_47C7		ATTTGTGAA			
			AA	RSSQSLLIHSNGYNYLE	LGFNRAS	MQVLQTPFT	
				SEQ ID NO:1249	SEQ ID NO:9261	SEQ ID NO:17273	
IPS:433991			NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAGCCGGTTC	ATGCAAAGTACACAACTTCC	
				GCATAGTGATGGAAGGACCT	TCT	GTGGACG	
		21-225_47E7		ATTTGTAT			
			AA	KSSQSLLHSDGRTYLY	EVSSRFS	MQSTQLPWT	
				SEQ ID NO:1251	SEQ ID NO:9263	SEQ ID NO:17275	
			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTCCC	
				CAACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG	
IPS:433993		21-225_47G7		SEQ ID NO:1252	SEQ ID NO:9264	SEQ ID NO:17276	
			AA	RSSQSLLIHSNGYNYLE	LGFNRAS	MQVLQTPFT	
				SEQ ID NO:1253	SEQ ID NO:9265	SEQ ID NO:17277	
			AA	RASQGISNWLA	AASNLQS	QQYNSFPWT	
				SEQ ID NO:1254	SEQ ID NO:9266	SEQ ID NO:17278	
IPS:433995			NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATACTAGTTTCCC	
				AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	

【図４９－１０２】

FIGURE 49

			AA	RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHTSFPPT	
				SEQ ID NO:1255	SEQ ID NO:9267	SEQ ID NO:17279	
			NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG	AGAGCATCCAGTTTGCA	CTACAGCATAATTTTTACCC	
				AAATGATTTAGGC	AAGT	GTGGACG	
IPS:433997		21-225_48C1		SEQ ID NO:1256	SEQ ID NO:9268	SEQ ID NO:17280	
			AA	RTSQGIRNDLG	RASSLQS	LQHNSYPLT	
				SEQ ID NO:1257	SEQ ID NO:9269	SEQ ID NO:17281	
IPS:433999			NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTAACAGTATTCC	
				CAGCTATTTAATT	AGT	ATTCACT	
		21-225_48D1		SEQ ID NO:1259	SEQ ID NO:9271	SEQ ID NO:17283	
			AA	RASQSISSYLI	AASSLQS	QQSNSIPFT	
				SEQ ID NO:1260	SEQ ID NO:9272	SEQ ID NO:17284	
IPS:434001			NA	CGGGCAAGTCGGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCAAATATAGTTATCC	
				AGATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
		21-225_48F2		SEQ ID NO:1261	SEQ ID NO:9273	SEQ ID NO:17285	
			AA	RASRGIRDDLG	AASSLQS	LQQYSYPRT	
				SEQ ID NO:1262	SEQ ID NO:9274	SEQ ID NO:17286	
IPS:434003			NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTATTCC	
				CAGCTATTTAATT	AGT	ATTCACT	
		21-225_48C3		SEQ ID NO:1263	SEQ ID NO:9275	SEQ ID NO:17287	
			AA	RASQSISSYLI	AASSLQS	QQTNSIPFT	
				SEQ ID NO:1264	SEQ ID NO:9276	SEQ ID NO:17288	
IPS:434007			NA	CGGGCGAGTCAAAATATTAC	AGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	
				CAGCTGGTTAGCC	AAAT	GTGGACG	
		21-225_48D7		SEQ ID NO:1265	SEQ ID NO:9277	SEQ ID NO:17289	
			AA	RASQNISWLA	SASSLQN	QQANSFPWT	
				SEQ ID NO:1266	SEQ ID NO:9278	SEQ ID NO:17290	
			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ATTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATCGTTACCC	
IPS:434009				AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	

【図４９－１０３】

FIGURE 49

	21-225_48A9		
		SEQ ID NO:1267	SEQ ID NO:9279	SEQ ID NO:17291
		AA	RASQGIRNDLG	IASSLQS	LQHNRYPWT
iPS:434011	21-225_48B10		SEQ ID NO:1268	SEQ ID NO:9280	SEQ ID NO:17292
		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCTTCCAGTTTGCAA	CAACAGACTTACAGTAACCC
			GAAGTATTTAAAT	AGT	ACTCACT
			SEQ ID NO:1269	SEQ ID NO:9281	SEQ ID NO:17293
		AA	RASQSIRKYLN	AASSLQS	QQTYSNPLT
iPS:434013			SEQ ID NO:1270	SEQ ID NO:9282	SEQ ID NO:17294
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCACTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
	21-225_48D12		SEQ ID NO:1271	SEQ ID NO:9283	SEQ ID NO:17295
		AA	RASQGIRNDLG	AASTLQS	LQHNSYPLT
iPS:434015			SEQ ID NO:1272	SEQ ID NO:9284	SEQ ID NO:17296
		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCTTCCAGTTTGCAA	CAACAGACTTACAGTAACCC
			GAAGTATTTTAAAT	AGT	GCTCACT
	21-225_48F12		SEQ ID NO:1273	SEQ ID NO:9285	SEQ ID NO:17297
		AA	RASQSIRKYLN	AASSLQS	QQTYSNPLT
iPS:434017			SEQ ID NO:1274	SEQ ID NO:9286	SEQ ID NO:17298
		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCTTCCAGTTTGCAA	CAACAGACTTACAGTAACCC
			GAAGTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
	21-225_48G12		SEQ ID NO:1275	SEQ ID NO:9287	SEQ ID NO:17299
		AA	RASQSIRKYLN	AASSLQS	QQTYSNPLT
iPS:434019			SEQ ID NO:1276	SEQ ID NO:9288	SEQ ID NO:17300
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGAC	AGT	GCTCACT
	21-225_49A1		SEQ ID NO:1277	SEQ ID NO:9289	SEQ ID NO:17301
		AA	RASQGIRNDLD	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:1278	SEQ ID NO:9290	SEQ ID NO:17302

【図４９－１０４】

FIGURE 49

iPS:434021	21-225_49C1	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGATTCC
			GCATAGGGAAGGAAAGACC	TCT	GATCACC
			TATTTGTAC		
			SEQ ID NO:1279	SEQ ID NO:9291	SEQ ID NO:17303
		AA	KSSQSLLHREGKTYLY	EVSHRFS	MQSIQIPT
			SEQ ID NO:1280	SEQ ID NO:9292	SEQ ID NO:17304
iPS:434023	21-225_49F1	NA	CGGGCGAGTCGGGATATTAA	ACTGTCTCCAGTTTGCAA	CAACAGTCTAACAGTTTCCC
			CGGCTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1281	SEQ ID NO:9293	SEQ ID NO:17305
		AA	RASRDINGWLA	TVSSLQS	QQSNSPPFT
			SEQ ID NO:1282	SEQ ID NO:9294	SEQ ID NO:17306
iPS:434025	21-225_49G3	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGCT	ATGCAAAGTATGCAGCTTCC
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	CTCT	GATCACC
			TATTTGTAT		
			SEQ ID NO:1283	SEQ ID NO:9295	SEQ ID NO:17307
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRLS	MQSMQLPIT
			SEQ ID NO:1284	SEQ ID NO:9296	SEQ ID NO:17308
iPS:434027	21-225_49H5	NA	CGGGCGAGTCAGGGTTTTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
			CACCTGGTTAGCC	GAT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1285	SEQ ID NO:9297	SEQ ID NO:17309
		AA	RASQGISTWLA	AASSLQD	QQTNSPPFT
			SEQ ID NO:1286	SEQ ID NO:9298	SEQ ID NO:17310
iPS:434029	21-225_49C6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTTAGGC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1287	SEQ ID NO:9299	SEQ ID NO:17311
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:1288	SEQ ID NO:9300	SEQ ID NO:17312
iPS:434031	21-225_49E7	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCTT	GAAGTTTCCAAGCGGCT	ATGCAAAGTATGCAGCTTCC
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	CTCT	GATTATC
			TATTTGTAT		

【図４９－１０５】

FIGURE 49

	21-225_49J7		SEQ ID NO:1289	SEQ ID NO:9301	SEQ ID NO:17313
		AA	KSSQMLISEGKTYLY	EVSKRLS	MQSMQLPIL
iPS:434033	21-225_49P9		SEQ ID NO:1290	SEQ ID NO:9302	SEQ ID NO:17314
		NA	AAGTCTAATCAGAGCCTCGT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGTATCC
			GCATAATGAAGGAAAGACC	TCT	GATCACC
			TATTTGTAT		
			SEQ ID NO:1291	SEQ ID NO:9303	SEQ ID NO:17315
		AA	KSNQSLVHNEGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQYPIT
iPS:434035			SEQ ID NO:1292	SEQ ID NO:9304	SEQ ID NO:17316
		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCACTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGGTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
	21-225_49F10		SEQ ID NO:1293	SEQ ID NO:9305	SEQ ID NO:17317
		AA	RASQGISRWLA	AASTLQS	QQANSPPFT
iPS:434037			SEQ ID NO:1294	SEQ ID NO:9306	SEQ ID NO:17318
		NA	CGGTCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTATCCC
			TACCTATTTAATG	ATT	ATTCACT
	21-225_49G12		SEQ ID NO:1295	SEQ ID NO:9307	SEQ ID NO:17319
		AA	RSSQSISTYLM	AASSLQI	QQSYSIPPT
iPS:434039			SEQ ID NO:1296	SEQ ID NO:9308	SEQ ID NO:17320
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTATAGTTTCCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
	21-225_43B1		SEQ ID NO:1297	SEQ ID NO:9309	SEQ ID NO:17321
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHTSPPFT
iPS:434041			SEQ ID NO:1298	SEQ ID NO:9310	SEQ ID NO:17322
		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTCTGCA	CAACAGAGTAACAGTCTTCC
			CAGCTATTTAATT	AAGT	ATTCACT
	21-225_50H8		SEQ ID NO:1299	SEQ ID NO:9311	SEQ ID NO:17323
		AA	RASQSISSYLI	AASSLQS	QQSNSLPPT
			SEQ ID NO:1300	SEQ ID NO:9312	SEQ ID NO:17324

【図４９－１０６】

FIGURE 49

iPS:434043	21-225_50G10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			AAATAATTTAGGC	AGT	GTTCACT
		AA	RASQGIRNNLG	AASSLQS	LQYNSYPPT
iPS:434045	21-225_50H10		SEQ ID NO:1301	SEQ ID NO:9313	SEQ ID NO:17325
		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTTA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTAACAGTATTCC
			CAGCTATTTAATT	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1302	SEQ ID NO:9314	SEQ ID NO:17326
		AA	RASQSISSYLA	AASSLQS	QQSYSTPPT
iPS:434047	21-225_50A12		SEQ ID NO:1303	SEQ ID NO:9315	SEQ ID NO:17327
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAATTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGTACG
		AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSYTAPPT
iPS:434053	21-225_51E1		SEQ ID NO:1304	SEQ ID NO:9316	SEQ ID NO:17328
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAATTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTTAGGC	AGT	GTGGTACG
		AA	RASQGIRNDLG	TASNLQS	LQHNSYPWT
iPS:434049	21-225_50B12		SEQ ID NO:1305	SEQ ID NO:9317	SEQ ID NO:17329
		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTAACAGTCCCC
			TAGTTATTTAAAT	AGT	ATTCACT
		AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSYTAPPT
iPS:434053	21-225_51E1		SEQ ID NO:1306	SEQ ID NO:9318	SEQ ID NO:17330
		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
			GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT	ATTCACT
			TATTTGTAT		
			SEQ ID NO:1309	SEQ ID NO:9321	SEQ ID NO:17333
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPT
iPS:434055	21-225_51B4		SEQ ID NO:1310	SEQ ID NO:9322	SEQ ID NO:17334
		NA	CAGGCGAGTCGGGACATTAC	GATGCATCCAATTTGGA	CAACAGTATGATAATCTTCC
			CTTCTATTTAAAT	AACA	ATTCACT
			SEQ ID NO:1311	SEQ ID NO:9323	SEQ ID NO:17335
		AA	QASHDITYLN	DASNLET	QQYDNLPPT

【図４９－１０７】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:1336	SEQ ID NO:9348	SEQ ID NO:17360
iPS:434081	21-225_52B2	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCTTTTTGCAA CTCCACCT	CTGCAGCATAATAGGTACCC TCTCACT
				SEQ ID NO:1337	SEQ ID NO:9349	SEQ ID NO:17361
		AA		RASQQIRNDLG	AASFLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:1338	SEQ ID NO:9350	SEQ ID NO:17362
iPS:434083	21-225_52H2	NA		CGGGCGAGTCAGAATATTAC AGCTGTTAGCC	ACTACATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTAACAGTTTCCC AACTGGTAGCC
				SEQ ID NO:1339	SEQ ID NO:9351	SEQ ID NO:17363
		AA		RASQNTSWLA	TTSSLQS	QQTNSFPWT
				SEQ ID NO:1340	SEQ ID NO:9352	SEQ ID NO:17364
iPS:434085	21-225_52E3	NA		CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTACAA AGT	CAACATATAATAGTTTCCC TTTCACT
				SEQ ID NO:1341	SEQ ID NO:9353	SEQ ID NO:17365
		AA		RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSPPPT
				SEQ ID NO:1342	SEQ ID NO:9354	SEQ ID NO:17366
iPS:434087	21-225_52F6	NA		CAGGCGAGTCAGGACATTAG TAACTATTTACAT	GATGCATCCACTTTGGG AACA	CAACAGTGTGATAATCTCCC GCTCACT
				SEQ ID NO:1343	SEQ ID NO:9355	SEQ ID NO:17367
		AA		QASQDISNYLI	DASTLGT	QQCDNLPLT
				SEQ ID NO:1344	SEQ ID NO:9356	SEQ ID NO:17368
iPS:434091	21-225_52B9	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA ATTCACT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1345	SEQ ID NO:9357	SEQ ID NO:17369
		AA		RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
				SEQ ID NO:1346	SEQ ID NO:9358	SEQ ID NO:17370
iPS:434093	21-225_52D10	NA		AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAGTGAAGGAAAGACC TATTTGTAT	GAAGTTTCCAACCGGGT CTCT	ATGCAAAGTATACAGTAATCC GATCACC
				SEQ ID NO:1347	SEQ ID NO:9359	SEQ ID NO:17371

				SEQ ID NO:1312	SEQ ID NO:9324	SEQ ID NO:17336
iPS:434057	21-225_51E4	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1313	SEQ ID NO:9325	SEQ ID NO:17337
		AA		RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
				SEQ ID NO:1314	SEQ ID NO:9326	SEQ ID NO:17338
iPS:434059	21-225_51C5	NA		CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCGA AGT	CAACAGTATTATAGTTACCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1315	SEQ ID NO:9327	SEQ ID NO:17339
		AA		RASQGISSWLA	AASSLRS	QQYYSYPFT
				SEQ ID NO:1316	SEQ ID NO:9328	SEQ ID NO:17340
iPS:434061	21-225_51C7	NA		CGGGCGAGTCAGGATGTTAA AGCTGCATCCAGTTTGCAA AAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AAT	CAACAAACTAACAGTTTCCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1317	SEQ ID NO:9329	SEQ ID NO:17341
		AA		RASQDVNNYLA	AASSLQN	QQTNSPPPT
				SEQ ID NO:1318	SEQ ID NO:9330	SEQ ID NO:17342
iPS:434063	21-225_51G7	NA		CGGGCGAGTCAGGATATTAG CAGTTGTGTTAGCC AGT	GCTCCATCCAATTTGCAA AGT	CAACAGGCTCACAGTTTCCC GTGGACG
				SEQ ID NO:1319	SEQ ID NO:9331	SEQ ID NO:17343
		AA		RASQDISNWLA	APSNLQS	QQAHSFPWT
				SEQ ID NO:1320	SEQ ID NO:9332	SEQ ID NO:17344
iPS:434065	21-225_50D4	NA		CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC AGT	GCTGCATCCACTTTGCAA AGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1321	SEQ ID NO:9333	SEQ ID NO:17345
		AA		RASQGISRWLA	AASTLQS	QQANSPPPT
				SEQ ID NO:1322	SEQ ID NO:9334	SEQ ID NO:17346
iPS:434067	21-225_51H8	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTGGGC AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA APSNLQS	CTACAGCATAATAGTTACCC GTGGACG
				SEQ ID NO:1323	SEQ ID NO:9335	SEQ ID NO:17347
		AA		RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT

【図４９－１０８】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:1324	SEQ ID NO:9336	SEQ ID NO:17348
iPS:434069	21-225_51E9	NA		CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGTTGCGTTAGCC AGT	GTTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGGCTAAAAGTTTCCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1325	SEQ ID NO:9337	SEQ ID NO:17349
		AA		RASQGISSWLA	VASSLQS	QQAKSFPPT
				SEQ ID NO:1326	SEQ ID NO:9338	SEQ ID NO:17350
iPS:434071	21-225_51F9	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG GACTGATTTAGGC CGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA CGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1327	SEQ ID NO:9339	SEQ ID NO:17351
		AA		RASQGIRTDLG	AASSLQR	LQHNSYPFT
				SEQ ID NO:1328	SEQ ID NO:9340	SEQ ID NO:17352
iPS:434073	21-225_51H10	NA		CGGGCAAGTCAGAGCATTAG TACCTATTTAATG AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTATCCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1329	SEQ ID NO:9341	SEQ ID NO:17353
		AA		RASQSISTYLM	AASSLQS	QQSYSIPPT
				SEQ ID NO:1330	SEQ ID NO:9342	SEQ ID NO:17354
iPS:434075	21-225_51B11	NA		CGGACAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1331	SEQ ID NO:9343	SEQ ID NO:17355
		AA		RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT
				SEQ ID NO:1332	SEQ ID NO:9344	SEQ ID NO:17356
iPS:434077	21-225_51F11	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GTTCACT
				SEQ ID NO:1333	SEQ ID NO:9345	SEQ ID NO:17357
		AA		RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT
				SEQ ID NO:1334	SEQ ID NO:9346	SEQ ID NO:17358
iPS:434079	21-225_52B1	NA		CGGGCGAGTCAGGATATTCG CACCTGGTTAGCC AAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AAT	CAACAGGCTAAAAGTTTCCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1335	SEQ ID NO:9347	SEQ ID NO:17359
		AA		RASQDIRTWLA	AASSLQN	QQAKSFPPT

【図４９－１０９】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:1336	SEQ ID NO:9348	SEQ ID NO:17360
iPS:434081	21-225_52B2	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCTTTTTGCAA TCTCACT	CTGCAGCATAATAGGTACCC TCTCACT
				SEQ ID NO:1337	SEQ ID NO:9349	SEQ ID NO:17361
		AA		RASQQIRNDLG	AASFLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:1338	SEQ ID NO:9350	SEQ ID NO:17362
iPS:434083	21-225_52H2	NA		CGGGCGAGTCAGAATATTAC AGCTGTTAGCC AGT	ACTACATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTAACAGTTTCCC GTGGACG
				SEQ ID NO:1339	SEQ ID NO:9351	SEQ ID NO:17363
		AA		RASQNTSWLA	TTSSLQS	QQTNSFPWT
				SEQ ID NO:1340	SEQ ID NO:9352	SEQ ID NO:17364
iPS:434085	21-225_52E3	NA		CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC AGT	GCTGCATCCAGTTTACAA TTTCACT	CAACATATAATAGTTTCCC TTTCACT
				SEQ ID NO:1341	SEQ ID NO:9353	SEQ ID NO:17365
		AA		RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSPPPT
				SEQ ID NO:1342	SEQ ID NO:9354	SEQ ID NO:17366
iPS:434087	21-225_52F6	NA		CAGGCGAGTCAGGACATTAG TAACTATTTACAT AACA	GATGCATCCACTTTGGG GCTCACT	CAACAGTGTGATAATCTCCC GCTCACT
				SEQ ID NO:1343	SEQ ID NO:9355	SEQ ID NO:17367
		AA		QASQDISNYLI	DASTLGT	QQCDNLPLT
				SEQ ID NO:1344	SEQ ID NO:9356	SEQ ID NO:17368
iPS:434091	21-225_52B9	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA ATTCACT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1345	SEQ ID NO:9357	SEQ ID NO:17369
		AA		RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
				SEQ ID NO:1346	SEQ ID NO:9358	SEQ ID NO:17370
iPS:434093	21-225_52D10	NA		AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAGTGAAGGAAAGACC TATTTGTAT	GAAGTTTCCAACCGGGT CTCT	ATGCAAAGTATACAGTAATCC GATCACC
				SEQ ID NO:1347	SEQ ID NO:9359	SEQ ID NO:17371

【図４９－１１０】

FIGURE 49

				KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRVS	MQSIQYPT
		AA		SEQ ID NO:1348	SEQ ID NO:9360	SEQ ID NO:17372
iPS:434095	21-225_52F10	NA		CGGGCGAGTCAGGGTATTAG TAATTATTTAGGC	GCTGCATCTATAGTTGCAA AGT	CAACAGTATAATAGTTATCC TCCGACG
				SEQ ID NO:1349	SEQ ID NO:9361	SEQ ID NO:17373
		AA		RASQGISNYLG	AASSLQS	QQYNSYPPT
				SEQ ID NO:1350	SEQ ID NO:9362	SEQ ID NO:17374
iPS:434097	21-225_52H10	NA		CGGGCGAGTCAGGATATTAA CAGTTGGTTAGCC AGT	GTTGCATCCAGTTTGCAA ATTCACT	CAACAGGCTAAAAGTTTCCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1351	SEQ ID NO:9363	SEQ ID NO:17375
		AA		RASQDINSWLA	VASSLQS	QQAKSPPPT
				SEQ ID NO:1352	SEQ ID NO:9364	SEQ ID NO:17376
iPS:434101	21-225_52H12	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATAA GAAATAATTTAGGC AAGT	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGTATAATAGTTTATCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1353	SEQ ID NO:9365	SEQ ID NO:17377
		AA		RASQQIRNNLG	GASSLQS	LQYNSYPPT
				SEQ ID NO:1354	SEQ ID NO:9366	SEQ ID NO:17378
iPS:434103	21-225_53G1	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC AGT	CCTGCATCCAGTTTACAA ATTCACT	CTACAGGATAATAGTTACCC ATTCACT
				SEQ ID NO:1355	SEQ ID NO:9367	SEQ ID NO:17379
		AA		RASQQIRNDLG	PASSLQS	LQDNSYPPT
				SEQ ID NO:1356	SEQ ID NO:9368	SEQ ID NO:17380
iPS:434105	21-225_53D2	NA		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA GCTCACT AGT	CTACAACATAATAGATACCC GCTCACT
				SEQ ID NO:1357	SEQ ID NO:9369	SEQ ID NO:17381
		AA		RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNRYPLT
				SEQ ID NO:1358	SEQ ID NO:9370	SEQ ID NO:17382
iPS:434107	21-225_53H2	NA		CGGGCAAGTCAGAGTTTTAG CCACTATTTAAAT AGT	GCTGTATCCAGTTTGCAA ATTCACT	CAACAGAGTTTCAGTACCCC AGT
				SEQ ID NO:1359	SEQ ID NO:9371	SEQ ID NO:17383

【図４９－１１１】

FIGURE 49

		AA	RASQSFSHY1N	AVSSLQS	QSFSYTPFT	
			SEQ ID NO:1360	SEQ ID NO:9372	SEQ ID NO:17384	
iPS:434111	21-225_53H2	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAG	GATGCATCCAATTTGGA	CATCAGTATGATAATCTCCC	
			CAACTATTTACAT	AACA	GCTCACT	
			SEQ ID NO:1361	SEQ ID NO:9373	SEQ ID NO:17385	
		AA	QASQDISNYLH	DASNLET	HQYDNLPLT	
			SEQ ID NO:1362	SEQ ID NO:9374	SEQ ID NO:17386	
iPS:434115	21-225_53E4	NA	CGGGCGAGTCAGGTCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATCATAGTTACCC	
			CAATTATTTAGGC	AGT	ACTCACT	
			SEQ ID NO:1363	SEQ ID NO:9375	SEQ ID NO:17387	
		AA	RASQVISNYLA	AASSLQS	QQYHSYPLT	
			SEQ ID NO:1364	SEQ ID NO:9376	SEQ ID NO:17388	
iPS:434117	21-225_53C6	NA	CGGGCAAGTCAGTACAGTAG	GCTGCATCCAGTTTGAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	
			CGACTATTTAAAT	AAGT	GTTCACC	
			SEQ ID NO:1365	SEQ ID NO:9377	SEQ ID NO:17389	
		AA	RASQYSSDYLN	AASSLKS	QQSYSTPPT	
			SEQ ID NO:1366	SEQ ID NO:9378	SEQ ID NO:17390	
iPS:434119	21-225_53E6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAATTTGCAA	CTACAACATAATGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:1367	SEQ ID NO:9379	SEQ ID NO:17391	
		AA	RASQGIRNDLG	AASNLQS	LQHNRYPLT	
			SEQ ID NO:1368	SEQ ID NO:9380	SEQ ID NO:17392	
iPS:434121	21-225_53F6	NA	CAGGCGAGTCAAGACATTAC	GATGCATCCAATTTGGG	CAACAGTGTGATAATCTCCC	
			CAACTATTTAGAT	AACA	GCTCACT	
			SEQ ID NO:1369	SEQ ID NO:9381	SEQ ID NO:17393	
		AA	QASQDITNYLD	DASNLGT	QQCDNLPLT	
			SEQ ID NO:1370	SEQ ID NO:9382	SEQ ID NO:17394	
iPS:434123	21-225_53F7	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAGCAGGCTAACAGTTTCCC	
			CAGGTTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1371	SEQ ID NO:9383	SEQ ID NO:17395	

【図４９－１１２】

FIGURE 49

		AA	RASQGISRWLA	AASSLQS	QQANSFPFT	
			SEQ ID NO:1372	SEQ ID NO:9384	SEQ ID NO:17396	
iPS:434127	21-225_53H8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAC	GGTGCGTCCGGCAGGGC	CAGCAGTTTGAAAGCTCACC	
			AAGCAGCTACTTAGCC	CACT	CATGTGCAGT	
			SEQ ID NO:1373	SEQ ID NO:9385	SEQ ID NO:17397	
		AA	RASQSITSSYLA	GASGRAT	QQFESSPMCS	
			SEQ ID NO:1374	SEQ ID NO:9386	SEQ ID NO:17398	
iPS:434129	21-225_53B12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1375	SEQ ID NO:9387	SEQ ID NO:17399	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT	
			SEQ ID NO:1376	SEQ ID NO:9388	SEQ ID NO:17400	
iPS:434131	21-225_54D3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1377	SEQ ID NO:9389	SEQ ID NO:17401	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT	
			SEQ ID NO:1378	SEQ ID NO:9390	SEQ ID NO:17402	
iPS:434133	21-225_54G3	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GATGCATCCAGTTTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	
			CAGCTGGTTAGCC	AAGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:1379	SEQ ID NO:9391	SEQ ID NO:17403	
		AA	RASQGISSWLA	DASSLQS	QQANSFPWT	
			SEQ ID NO:1380	SEQ ID NO:9392	SEQ ID NO:17404	
iPS:434135	21-225_54H3	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAATTTGCAA	CTACAGTATAATAGTTACCC	
			AAATATTTTAGGC	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:1381	SEQ ID NO:9393	SEQ ID NO:17405	
		AA	RASQDIRNILG	AASNLQS	LQYNSYPWT	
			SEQ ID NO:1382	SEQ ID NO:9394	SEQ ID NO:17406	
iPS:434137	21-225_54D4	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGTTTCC	
			GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT	ATTCACT	
			TATTTGTAT			

【図４９－１１３】

FIGURE 49

	21-225_54D4	AA	SEQ ID NO:1383	SEQ ID NO:9395	SEQ ID NO:17407	
			KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQPPFT	
iPS:434141	21-225_54C6	NA	SEQ ID NO:1384	SEQ ID NO:9396	SEQ ID NO:17408	
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAATTTGCAA	CTACAGCATAATCGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:1385	SEQ ID NO:9397	SEQ ID NO:17409	
		AA	RASQGIRNDLG	AASNLQS	LQHNRYPLT	
			SEQ ID NO:1386	SEQ ID NO:9398	SEQ ID NO:17410	
iPS:434143	21-225_54G7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACATCATAATACTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1387	SEQ ID NO:9399	SEQ ID NO:17411	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LHENTYPFT	
			SEQ ID NO:1388	SEQ ID NO:9400	SEQ ID NO:17412	
iPS:434145	21-225_55B1	NA	CGGGCGAGTCAGGTTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	
			CCGCTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1389	SEQ ID NO:9401	SEQ ID NO:17413	
		AA	RASQVISRWLA	AASSLQS	QQANSFPFT	
			SEQ ID NO:1390	SEQ ID NO:9402	SEQ ID NO:17414	
iPS:434147	21-225_55E1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GATGCATCCGCCAGGGC	CAGCAGTATTATAACTGGCC	
			CAGCGACTTAGCC	CACT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:1391	SEQ ID NO:9403	SEQ ID NO:17415	
		AA	RASQSVSSDLA	DASARAT	QQYYNWPLT	
			SEQ ID NO:1392	SEQ ID NO:9404	SEQ ID NO:17416	
iPS:434149	21-225_55H1	NA	AAATCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC	
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	TCT	ATTCACT	
			TATTTGTAT			
			SEQ ID NO:1393	SEQ ID NO:9405	SEQ ID NO:17417	
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSHRFS	MQSIQLPFT	
			SEQ ID NO:1394	SEQ ID NO:9406	SEQ ID NO:17418	

【図４９－１１４】

FIGURE 49

	21-225_55C2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCGT	GAAGTTTCCAACCGGGT	ATGCAAAGTATACTGTATCC	
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	CTCT	GATCACC	
			TATTTGTAT			
			SEQ ID NO:1395	SEQ ID NO:9407	SEQ ID NO:17419	
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRVS	MQSILYPFT	
			SEQ ID NO:1396	SEQ ID NO:9408	SEQ ID NO:17420	
iPS:434155	21-225_55B3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1397	SEQ ID NO:9409	SEQ ID NO:17421	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT	
			SEQ ID NO:1398	SEQ ID NO:9410	SEQ ID NO:17422	
iPS:434157	21-225_55D4	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATCATAGTTTCCC	
			CAATTATTTAATC	AGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:1399	SEQ ID NO:9411	SEQ ID NO:17423	
		AA	RASQDISNYLI	TASSLQS	QQYHSPPLT	
			SEQ ID NO:1400	SEQ ID NO:9412	SEQ ID NO:17424	
iPS:434159	21-225_55B8	NA	CGGGCAAGTCAGGCCATTAG	GCTGCATTCAGGTTGCA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AAGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:1401	SEQ ID NO:9413	SEQ ID NO:17425	
		AA	RASQAIRNDLG	AAFRLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:1402	SEQ ID NO:9414	SEQ ID NO:17426	
iPS:434161	21-225_55F9	NA	AAGTCTAGTCAAAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATACAAAGTATACAACTTCC	
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	TCT	GATCACC	
			TATTTGTAT			
			SEQ ID NO:1403	SEQ ID NO:9415	SEQ ID NO:17427	
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRFS	IQSIQLPIT	
			SEQ ID NO:1404	SEQ ID NO:9416	SEQ ID NO:17428	
iPS:434163	21-225_50H1	NA	CAGGCGAGTCAAGACATTAG	GATGCATTCAATTTGGA	CAACAGTGTGATAATCTCCC	
			CAACTATTTAGAT	AACA	GCTCACT	
			SEQ ID NO:1405	SEQ ID NO:9417	SEQ ID NO:17429	

【図４９－１１５】

FIGURE 49

				AA	QASQDISNYLD	DASNLET	QQCDNLPLT
					SEQ ID NO:1406	SEQ ID NO:9418	SEQ ID NO:17430
iPS:434165				NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTCT	GTTGCATCCAGTTCCAA	CAACAGAGTTACAGTCCCCC
					CAGCTATTTGAAT	AGT	TCTCACT
		21-225_50F2			SEQ ID NO:1407	SEQ ID NO:9419	SEQ ID NO:17431
				AA	RASQSILSYLN	VASSFQS	QQSYSPPLT
					SEQ ID NO:1408	SEQ ID NO:9420	SEQ ID NO:17432
iPS:434167				NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
					CAGCTGGTTGGCC	AAT	ATTCACT
		21-225_50F3			SEQ ID NO:1409	SEQ ID NO:9421	SEQ ID NO:17433
				AA	RASQDISSWLA	AASSLQN	QQTNSFPPT
					SEQ ID NO:1410	SEQ ID NO:9422	SEQ ID NO:17434
iPS:434169				NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATCGTTACCC
					AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
		21-225_50C4			SEQ ID NO:1411	SEQ ID NO:9423	SEQ ID NO:17435
				AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNRYPFT
					SEQ ID NO:1412	SEQ ID NO:9424	SEQ ID NO:17436
iPS:434171				NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAC	GATGCCTCCAATTTGGA	CAACAGTATGATAATCTGAT
					CAACTTTTAAAT	AACA	CACC
		21-225_50G4			SEQ ID NO:1413	SEQ ID NO:9425	SEQ ID NO:17437
				AA	QASQDITNFLN	DASNLET	QQYDNLIT
					SEQ ID NO:1414	SEQ ID NO:9426	SEQ ID NO:17438
iPS:434175				NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTATCC
					CATTTATTTAGCC	AGT	TCTCACT
		21-225_55A11			SEQ ID NO:1415	SEQ ID NO:9427	SEQ ID NO:17439
				AA	RASQDINYLA	AASSLQS	QQYNSYPLT
					SEQ ID NO:1416	SEQ ID NO:9428	SEQ ID NO:17440
iPS:434177				NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
		21-225_56A1			ACATAGTTCCAACAATAAGA	ATCC	TCCGACG
					ACTACTTAGTT		

【図４９－１１６】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:1417	SEQ ID NO:9429	SEQ ID NO:17441
			AA	KSSQSVLHSSNNKNYLV	WASTRES	QQYYSTPPT
				SEQ ID NO:1418	SEQ ID NO:9430	SEQ ID NO:17442
			NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGGATAATAGTCACCC
				AAATAATTTAGGC	AGT	GTTCACT
		21-225_56F1		SEQ ID NO:1419	SEQ ID NO:9431	SEQ ID NO:17443
			AA	RASQDIRNNLG	AASSLQS	LQDNSHPFT
				SEQ ID NO:1420	SEQ ID NO:9432	SEQ ID NO:17444
iPS:434181			NA	CGGGCAAGTCAGAGTTTTAG	GCTGTATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC
				CCACTATTTAAAT	AGT	ATTCACT
		21-225_56B2	AA	RASQSFSHYLN	AVSSLQS	QQSYSTPPT
				SEQ ID NO:1421	SEQ ID NO:9433	SEQ ID NO:17445
iPS:434187			NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGTATAATAGTTACCC
				AAATCTTTTAGGC	AGT	ATTCACT
		21-225_56A5		SEQ ID NO:1423	SEQ ID NO:9435	SEQ ID NO:17447
			AA	RASQDIRNLLG	AASSLQS	LQYNSYPPT
				SEQ ID NO:1424	SEQ ID NO:9436	SEQ ID NO:17448
iPS:434189			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
				GAAGTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
		21-225_56I5		SEQ ID NO:1425	SEQ ID NO:9437	SEQ ID NO:17449
			AA	RASQGIRKWLA	AASSLQS	QQANSPPFT
				SEQ ID NO:1426	SEQ ID NO:9438	SEQ ID NO:17450
iPS:434191			NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTTT	GCTGCATCCAGTTTCCAA	CAACAGACTTACAGTCCCCC
				CAGATATTTAAAT	AGT	TCTCACT
		21-225_56I6		SEQ ID NO:1427	SEQ ID NO:9439	SEQ ID NO:17451
			AA	RASQSIRNYLN	AASSHQS	QQYYSPPLT
				SEQ ID NO:1428	SEQ ID NO:9440	SEQ ID NO:17452
iPS:434193			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGATTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
				CAGCTGGTTAGCC	AAGT	ATTCACT

【図４９－１１７】

FIGURE 49

	21-225_56C6		SEQ ID NO:1429	SEQ ID NO:9441	SEQ ID NO:17453	
		AA	RASQDISSWLA	AASSLQS	QQANSPPFT	
			SEQ ID NO:1430	SEQ ID NO:9442	SEQ ID NO:17454	
iPS:434195		NA	CGGGTGAGTCAGGATATTAG	GTTGCATCCGGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	
			CAAATGGTTAGCC	AGT	ATTCACT	
	21-225_56F6		SEQ ID NO:1431	SEQ ID NO:9443	SEQ ID NO:17455	
		AA	RVSQDISKWLA	VASGLQS	QQANSPPFT	
			SEQ ID NO:1432	SEQ ID NO:9444	SEQ ID NO:17456	
iPS:434197		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAATTTACAA	CTACAGCATAATAGTTATCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
	21-225_56C7		SEQ ID NO:1433	SEQ ID NO:9445	SEQ ID NO:17457	
		AA	RASQGIRNDLG	TASNLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:1434	SEQ ID NO:9446	SEQ ID NO:17458	
iPS:434199		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TTTCACT	
	21-225_59F11		SEQ ID NO:1435	SEQ ID NO:9447	SEQ ID NO:17459	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNRYPFT	
			SEQ ID NO:1436	SEQ ID NO:9448	SEQ ID NO:17460	
iPS:434201		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCA	GAAGTTTCCTATCGGTTT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC	
			GCATGGTGAAGGAAAGACC	TCT	GCTCACC	
	21-225_59A12		TATTTGTAT			
			SEQ ID NO:1437	SEQ ID NO:9449	SEQ ID NO:17461	
		AA	KSSQSLQHGEGKTYLY	EVSYRFS	MQSTQLPLT	
			SEQ ID NO:1438	SEQ ID NO:9450	SEQ ID NO:17462	
iPS:434203		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAAAGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
	21-225_60B2		SEQ ID NO:1439	SEQ ID NO:9451	SEQ ID NO:17463	
		AA	RASQGIRKDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:1440	SEQ ID NO:9452	SEQ ID NO:17464	

【図４９－１１８】

FIGURE 49

iPS:434205		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGAT	ATGCAAAGTATACAGCTTCC	
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	CTCT	GCTCACT	
	21-225_60G2		TATTTGTAT			
			SEQ ID NO:1441	SEQ ID NO:9453	SEQ ID NO:17465	
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRIS	MQSIQLPLT	
			SEQ ID NO:1442	SEQ ID NO:9454	SEQ ID NO:17466	
iPS:434207		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATTTAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TTTCACT	
	21-225_60A3		SEQ ID NO:1443	SEQ ID NO:9455	SEQ ID NO:17467	
		AA	RASQGIRNDLG	AAFSLQS	LQHNSYPFT	
			SEQ ID NO:1444	SEQ ID NO:9456	SEQ ID NO:17468	
iPS:434209		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	TCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
	21-225_60C3		SEQ ID NO:1445	SEQ ID NO:9457	SEQ ID NO:17469	
		AA	RASQGIRNDLG	SASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:1446	SEQ ID NO:9458	SEQ ID NO:17470	
iPS:434211		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC	
			ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC	GTGCAGT	
	21-225_60F3		ACTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:1447	SEQ ID NO:9459	SEQ ID NO:17471	
		AA	KSSQSVLYSSNNKNYLA	WASTRES	QQYYSTPCS	
			SEQ ID NO:1448	SEQ ID NO:9460	SEQ ID NO:17472	
iPS:434213		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAATATAAAAGTCACCC	
			CAATTACTTAGCC	AGT	ATTCACT	
	21-225_60A4		SEQ ID NO:1449	SEQ ID NO:9461	SEQ ID NO:17473	
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYKSHPFT	
			SEQ ID NO:1450	SEQ ID NO:9462	SEQ ID NO:17474	
iPS:434215		NA	CGGGCGAGTCAGGTCATTAA	GCTGCGTCCAGTTTGCAA	CTACAGTTTCATAGTTACCC	
			GAATTATTAGTC	AGT	ATTCACT	
	21-225_60F7		SEQ ID NO:1451	SEQ ID NO:9463	SEQ ID NO:17475	

【図４９－１１９】

FIGURE 49

		AA	RASQVIKNYLV	AASSLQS	LQFHSYPFT	
iPS:434217	21-225_60E8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	SEQ ID NO:9464	SEQ ID NO:17476	
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
		AA	RASQSITNFLN	SEQ ID NO:9465	SEQ ID NO:17477	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT	
iPS:434219	21-225_60E9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	SEQ ID NO:9466	SEQ ID NO:17478	
			AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAATAACTGGCC	
			CAGTTCCTTAGCC	CACT	ATTCACT	
		AA	RASQSVSSSLA	GASTRAT	QQYNNWPFT	
		AA	RASQSVSSSLA	SEQ ID NO:9467	SEQ ID NO:17479	
		AA	RASQSVSSSLA	SEQ ID NO:9468	SEQ ID NO:17480	
iPS:434221	21-225_60A11	NA	CGGGCGAGTCAGTTATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC	
			CAACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG	
		AA	RASQVISNWLA	SEQ ID NO:9469	SEQ ID NO:17481	
		AA	RASQVISNWLA	TASSLQS	QQANSFPWT	
			SEQ ID NO:1458	SEQ ID NO:9470	SEQ ID NO:17482	
iPS:434223	21-225_60C12	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATAAAGTATCC	
			GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT	GCTCACT	
			TATTTGTAT			
			SEQ ID NO:1459	SEQ ID NO:9471	SEQ ID NO:17483	
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRFS	MQSIKYPLT	
iPS:434225	21-225_60B12	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAATATTTC	
			CAGCTATTTAAAT	AGT	ATTCACT	
		AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSYNISFT	
		AA	RASQGIRKDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:1462	SEQ ID NO:9474	SEQ ID NO:17486	
iPS:434227		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAATATTTC	
			CAGCTATTTAAAT	AGT	ATTCACT	

【図４９－１２０】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:1463	SEQ ID NO:9475	SEQ ID NO:17487	
	21-225_61A1	AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSYNISFT	
iPS:434229	21-225_61H1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
			AAAAGATTTAGGC	AGT	GTGGACG	
		AA	RASQGIRKDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:1465	SEQ ID NO:9477	SEQ ID NO:17489	
		AA	RASQGIRKDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT	
			SEQ ID NO:1466	SEQ ID NO:9478	SEQ ID NO:17490	
iPS:434231	21-225_61F2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC	
			AGATGATTTAGGC	AGT	TCGCCAGT	
		AA	RASQGIRNDLG	SEQ ID NO:9479	SEQ ID NO:17491	
		AA	RASQGIRDDLG	AASSLQS	LQHYSYPRS	
iPS:434233	21-225_61B3	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGAT	ATGCAAAGTATACAGCTTCC	
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	CTCT	GCTCACT	
			TATTTGTAT			
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	SEQ ID NO:9481	SEQ ID NO:17493	
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRIS	MQSIQLPLT	
iPS:434235	21-225_61E3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTATCCGGGA	CAGCAATATTATAGTATTCC	
			ACACCATCTCCAACAATAACA	ATCC	GTGCAGT	
			ATTACTTAGCT			
		AA	KSSQSVLHSNNNNYLA	SEQ ID NO:9483	SEQ ID NO:17495	
		AA	KSSQSVLHSNNNNYLA	WASIRES	QQYYSIPCS	
			SEQ ID NO:1472	SEQ ID NO:9484	SEQ ID NO:17496	
iPS:434237	21-225_61B5	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC	
			ATACAGCTCCAACAATAACA	ATCC	TCCGACG	
			ACTCCTTAACT			
		AA	KSSQSVLYSSNNNNSLT	WASTRES	QQYYSTPPT	

【図４９－１２１】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:1474	SEQ ID NO:9486	SEQ ID NO:17498	
iPS:434239	21-225_58F1	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTATCCC	
			CAACTTTTTAAAT	AGT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:1475	SEQ ID NO:9487	SEQ ID NO:17499	
		AA	RASQSITNFLN	AASSLQS	QQSYSIPWT	
			SEQ ID NO:1476	SEQ ID NO:9488	SEQ ID NO:17500	
iPS:434241	21-225_61F6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATAATAGTTTCCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCCGTGGACG	
			SEQ ID NO:1477	SEQ ID NO:9489	SEQ ID NO:17501	
		AA	RASQGIGNDLG	AASSLQS	LQHNSFPPWT	
			SEQ ID NO:1478	SEQ ID NO:9490	SEQ ID NO:17502	
iPS:434243	21-225_62C1	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	TTGGTTTCTAATCGGGCC	CTGCAAGCTCTACAAACTCC	
			ACATAGGTAATGGATACAACT	TCC	TCTCACC	
			ATTTGGAT			
			SEQ ID NO:1479	SEQ ID NO:9491	SEQ ID NO:17503	
		AA	RSSQSLLHSNGYNYLD	LVSNRAS	LQALQTPLT	
		AA	RSSQSLLHSNGYNYLD	LVSNRAS	LQALQTPLT	
			SEQ ID NO:1480	SEQ ID NO:9492	SEQ ID NO:17504	
iPS:434245	21-225_62H1	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTT	GCTGTATTTAGTTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	
			CAGCTATTTAAAT	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1481	SEQ ID NO:9493	SEQ ID NO:17505	
		AA	RASQNIFSYLN	AVFSLQS	QQSYSTPPT	
			SEQ ID NO:1482	SEQ ID NO:9494	SEQ ID NO:17506	
iPS:434247	21-225_62D2	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	GCTACATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTTACAGTCCCCC	
			CAGTTATTTAAAT	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:1483	SEQ ID NO:9495	SEQ ID NO:17507	
		AA	RASQSIISYLN	ATSSLQS	QQYYSPPLT	
			SEQ ID NO:1484	SEQ ID NO:9496	SEQ ID NO:17508	
iPS:434249	21-225_62E2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTAATTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:1485	SEQ ID NO:9497	SEQ ID NO:17509	

【図４９－１２２】

FIGURE 49

		AA	RASQGIRNDLG	AASRLQS	LQHSNYPLT	
			SEQ ID NO:1486	SEQ ID NO:9498	SEQ ID NO:17510	
iPS:434251	21-225_62G3	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGTATATAATAGTTACCC	
			AAATAATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1487	SEQ ID NO:9499	SEQ ID NO:17511	
		AA	RASQDIRNNLG	TASSLQS	LQYNSYPPT	
			SEQ ID NO:1488	SEQ ID NO:9500	SEQ ID NO:17512	
iPS:434253	21-225_62F4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATTTCAGTTTGCAA	CTACAGCATATAATAGTTATCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:1489	SEQ ID NO:9501	SEQ ID NO:17513	
		AA	RASQGIRNDLG	AAFSLQS	LQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:1490	SEQ ID NO:9502	SEQ ID NO:17514	
iPS:434255	21-225_62E6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GTTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATATAATGACTGGCC	
			CAGCAACTTAGCC	CACT	GTGTAGT	
			SEQ ID NO:1491	SEQ ID NO:9503	SEQ ID NO:17515	
		AA	RASQSVNSNLA	VASTRAT	QQYNDWPCS	
			SEQ ID NO:1492	SEQ ID NO:9504	SEQ ID NO:17516	
iPS:434257	21-225_62F7	NA	CGGGCAAGTCAGGCCATTAG	CCTGCATCCCGTTTGCAA	CTACAGTATAATAGTTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCCGTGGACG	
			SEQ ID NO:1493	SEQ ID NO:9505	SEQ ID NO:17517	
		AA	RASQAIRNDLG	PASRLQS	LQYNSYPPWT	
			SEQ ID NO:1494	SEQ ID NO:9506	SEQ ID NO:17518	
iPS:434259	21-225_62G7	NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC	
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:1495	SEQ ID NO:9507	SEQ ID NO:17519	
		AA	RASQDISSWLA	AASSLQS	QQTNSPPLT	
			SEQ ID NO:1496	SEQ ID NO:9508	SEQ ID NO:17520	
iPS:434261	21-225_56F7	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CATCAGTAATAATAGTTTCCC	
			CACTTATTTAGCC	GGT	ATTTAAG	
			SEQ ID NO:1497	SEQ ID NO:9509	SEQ ID NO:17521	

【図４９－１２３】

FIGURE 49

		AA	RASQGISTYLA	AASSLQG		HQYNSFPFK
			SEQ ID NO:1498	SEQ ID NO:9510		SEQ ID NO:17522
iPS:434263		NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	CCTGCATCCAGTTTGCTA		CTACAGGATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT		ATTCACT
	21-225_56H7		SEQ ID NO:1499	SEQ ID NO:9511		SEQ ID NO:17523
		AA	IAASQDIRNDLG	PASSLLS		LQDNSYPFT
			SEQ ID NO:1500	SEQ ID NO:9512		SEQ ID NO:17524
iPS:434265		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA		CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGCTTTAGGC	AGT		ATTCACT
	21-225_57B2	AA	RASQGIRNALG	AASSLQS		LQHNSYPFT
			SEQ ID NO:1502	SEQ ID NO:9514		SEQ ID NO:17526
iPS:434267		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA		CAACAGAGTTACAATATTTC
			CAGCTATTTAAAT	AGT		ATTCACT
	21-225_57F2	AA	RASQSISSYLN	AASSLQS		QQSYNSIFT
			SEQ ID NO:1503	SEQ ID NO:9515		SEQ ID NO:17527
iPS:434269		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC		CAGCAGTATAATGACTGGCC
			CAGCAGCTTAGCC	CACT		GTGCAGT
	21-225_57H3	AA	RASQSVSSSLA	GASTRAT		QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:1506	SEQ ID NO:9518		SEQ ID NO:17530
iPS:434271		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCTA		CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT		ATTCACT
	21-225_57A4	AA	RASQGIRNDLG	AASSLLS		LQHNSYPFT
			SEQ ID NO:1508	SEQ ID NO:9520		SEQ ID NO:17532
iPS:434273		NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA		CAACAGGGTAACAGTTTCCC
			CAACTGGTTAGCC	AGT		ATTCACT
	21-225_57E4		SEQ ID NO:1509	SEQ ID NO:9521		SEQ ID NO:17533

【図４９－１２４】

FIGURE 49

		AA	RASQDISNWLA	AASSLQS		QQGNSFPFT
			SEQ ID NO:1510	SEQ ID NO:9522		SEQ ID NO:17534
iPS:434275		NA	CGGGCAAGTCAGGTCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA		CTACAGTATGGTAGTTTCCC
			AAATGATTTAGGC	AGT		ATTCACT
	21-225_57F4		SEQ ID NO:1511	SEQ ID NO:9523		SEQ ID NO:17535
		AA	RASQVIRNDLG	AASSLQS		LQYGSFPFT
			SEQ ID NO:1512	SEQ ID NO:9524		SEQ ID NO:17536
iPS:434277		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAATTTGCAA		CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGGTGGTTAGCC	AGT		ATTCACT
	21-225_57A7		SEQ ID NO:1513	SEQ ID NO:9525		SEQ ID NO:17537
		AA	RASQGISRWLA	AASNLQS		QQANSFPFT
			SEQ ID NO:1514	SEQ ID NO:9526		SEQ ID NO:17538
iPS:434279		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC		CAGCAGTATAGTAACTGGCC
			CAGCGACTTAGCC	CACT		ATTCACT
	21-225_57F7		SEQ ID NO:1515	SEQ ID NO:9527		SEQ ID NO:17539
		AA	RASQSVSSDLA	GASTRAT		QQYSNWPFT
			SEQ ID NO:1516	SEQ ID NO:9528		SEQ ID NO:17540
iPS:434281		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA		CTACAACATAATAGTTTCCC
			AAATGATTTTAGGC	AGT		TCCGTGGACG
	21-225_57B8		SEQ ID NO:1517	SEQ ID NO:9529		SEQ ID NO:17541
		AA	RASQGIGNDLG	AASSLQS		LQHNSFPPWT
			SEQ ID NO:1518	SEQ ID NO:9530		SEQ ID NO:17542
iPS:434283		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA		CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAACTGGTTAGCC	AGT		GTGGACG
	21-225_57F8		SEQ ID NO:1519	SEQ ID NO:9531		SEQ ID NO:17543
		AA	RASQGISNWLA	TASSLQS		QQANSFPWT
			SEQ ID NO:1520	SEQ ID NO:9532		SEQ ID NO:17544
iPS:434285		NA	AAGTCCAGCCAAAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGC		CAGCAATATTATAGTACTCC
			ACACAGCTCCAACAATTATA	ATCC		GTGGACG
	21-225_57A11		ACTACTTAGCT			

【図４９－１２５】

FIGURE 49

		AA	SEQ ID NO:1521	SEQ ID NO:9533		SEQ ID NO:17545
	21-225_57A11		KSSQSVLHSSNNYTVLA	WASTRAS		QQYYSTPWT
			SEQ ID NO:1522	SEQ ID NO:9534		SEQ ID NO:17546
iPS:434287		NA	AAGTCCAGCCAGATGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA		CAGCAATATTATAGTAATCC
			ATTCAGCTCCAACAATTACA	ATCC		GTGTAGT
	21-225_57F12		ATTACTTAGCT			
		AA	KSSQSVLFSSNNYTVLA	WASTRES		QQYYSNPCS
			SEQ ID NO:1523	SEQ ID NO:9535		SEQ ID NO:17547
iPS:434289		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GCTGCATCTACCAGGGC		CAGCAGTATGATAACTGGCC
			CAGCGACTTAGCC	CACT		ATTCACT
	21-225_57H12		SEQ ID NO:1525	SEQ ID NO:9537		SEQ ID NO:17549
		AA	RASQSVSSDLA	AASTRAT		QQYDNWPPT
			SEQ ID NO:1526	SEQ ID NO:9538		SEQ ID NO:17550
iPS:434291		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GCTGCATCTACCAGGGC		CAGCAGTTTAATAACTGGCC
			CAGCGACTTAGCC	CACT		ATTCACT
	21-225_58A4		SEQ ID NO:1527	SEQ ID NO:9539		SEQ ID NO:17551
		AA	RASQSVSSDLA	AASTRAT		QQFNNWPPT
			SEQ ID NO:1528	SEQ ID NO:9540		SEQ ID NO:17552
iPS:434293		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCTA		CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT		ATTCACT
	21-225_58F5		SEQ ID NO:1529	SEQ ID NO:9541		SEQ ID NO:17553
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLLS		LQHNSYPFT
			SEQ ID NO:1530	SEQ ID NO:9542		SEQ ID NO:17554
iPS:434295		NA	AAGTCCGGCCAGAGTATTTT	TGGGCATCTACCCGGGA		CAGCAATATTATAGTACTCC
			ATACAGCTCCAACAATAACA	TTCC		TCCGACG
	21-225_58B9		ACTACTTAGCT			
		AA	SEQ ID NO:1531	SEQ ID NO:9543		SEQ ID NO:17555
			KSQQSLLYSSNNNNYLA	WASTRDS		QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:1532	SEQ ID NO:9544		SEQ ID NO:17556

【図４９－１２６】

FIGURE 49

		AA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC		CAGCAGTATAATAACTGGCC
	21-225_58A10		CAGCTCCTTAGCC	CACT		ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:1533	SEQ ID NO:9545		SEQ ID NO:17557
iPS:434297			RASQSVSSSLA	GASTRAT		QQYNNWPPT
		NA	SEQ ID NO:1534	SEQ ID NO:9546		SEQ ID NO:17558
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA		CTCCAGCATAATAATTTCCC
	21-225_58D11		AAGTGATTTAGAC	AGT		ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:1535	SEQ ID NO:9547		SEQ ID NO:17559
			RASQGIRSDLD	AASSLQS		LQHNSPPPT
			SEQ ID NO:1536	SEQ ID NO:9548		SEQ ID NO:17560
iPS:434301		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGTATCCACCAGGGC		CAGCAGTATAATAACTGGCC
	21-225_58F11		CAGCGACTTAGTC	CACT		ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:1537	SEQ ID NO:9549		SEQ ID NO:17561
			RASQSVSSDLV	GVSTRAT		QQYNNWPPT
			SEQ ID NO:1538	SEQ ID NO:9550		SEQ ID NO:17562
iPS:434303		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCTATCCGGTTT		ATGCAAAGTATACAGCTTCC
			GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT		GCTCACT
	21-225_58H11		TATTTGTAT			
		AA	SEQ ID NO:1539	SEQ ID NO:9551		SEQ ID NO:17563
			KSSQSLLHSEGKTYLV	EVSYRFS		MQSIQLPLT
			SEQ ID NO:1540	SEQ ID NO:9552		SEQ ID NO:17564
iPS:434305		NA	AAGTCCAGCCAGATGTTTT	TGGTCATCTACCCGGGA		CAGCAATATTTTAGTATTCC
			ATACAGCTCCAACAATAACA	ATCC		GTGCAGT
	21-225_59E1		ACTACTTAGCT			
		AA	SEQ ID NO:1541	SEQ ID NO:9553		SEQ ID NO:17565
			KSSQSVLYSSNNNNYLA	WSSTRES		QQYPSIPCS
			SEQ ID NO:1542	SEQ ID NO:9554		SEQ ID NO:17566
iPS:434307		NA	TGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCAGGGC		CAGCAATATGGTACCTCACC
			CAGCAGCTCTTAGCC	CACT		GTGGACG
	21-225_59H2		SEQ ID NO:1543	SEQ ID NO:9555		SEQ ID NO:17567

【図４９－１２７】

FIGURE 49

		AA	WASQSVYSSFLA	GASSRAT	QQYGTSPWT
			SEQ ID NO:1544	SEQ ID NO:9556	SEQ ID NO:17568
iPS:434309	21-225_59B5	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGAGTTACAGTACCCC
			CAGCTATTTAAAT	GAGT	TATGTTCAGT
			SEQ ID NO:1545	SEQ ID NO:9557	SEQ ID NO:17569
		AA	RASQSISSYLN	GASSLQS	QQSYSTPMFS
			SEQ ID NO:1546	SEQ ID NO:9558	SEQ ID NO:17570
iPS:434311	21-225_59H5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CACCAGTATGGTAACTCACC
			CAGCATCTACTTAGCC	CACT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1547	SEQ ID NO:9559	SEQ ID NO:17571
		AA	RASQSVSSIYLA	GASSRAT	HQYGNSPFT
			SEQ ID NO:1548	SEQ ID NO:9560	SEQ ID NO:17572
iPS:434313	21-225_59E6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1549	SEQ ID NO:9561	SEQ ID NO:17573
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:1550	SEQ ID NO:9562	SEQ ID NO:17574
iPS:434315	21-225_59G7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	TCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1551	SEQ ID NO:9563	SEQ ID NO:17575
		AA	RASQGIRNDLG	SASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:1552	SEQ ID NO:9564	SEQ ID NO:17576
iPS:434317	21-225_59I8	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTTCAGTAATTC
			CAGCTATTTAAAT	AGT	GATCACC
			SEQ ID NO:1553	SEQ ID NO:9565	SEQ ID NO:17577
		AA	RASQSISSYLN	AASSLQS	QQSFSNSIT
			SEQ ID NO:1554	SEQ ID NO:9566	SEQ ID NO:17578
iPS:434319	21-225_59B9	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1555	SEQ ID NO:9567	SEQ ID NO:17579

【図４９－１２８】

FIGURE 49

		AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:1556	SEQ ID NO:9568	SEQ ID NO:17580
iPS:434321	21-225_59J10	NA	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTTTAGTACTCC
			ATACAGGTCCAACAATTACA	ATCC	TCCGACG
			ACTACTTAGCT		
		AA	RASQISISSYLN	WASTRES	QQYPSTPPT
			SEQ ID NO:1557	SEQ ID NO:9569	SEQ ID NO:17581
iPS:434323	21-225_62H8	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTTT	GCGTCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC
			CAGCTATTTAAAT	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1559	SEQ ID NO:9571	SEQ ID NO:17583
		AA	RASQSISSYLN	ASSSLQS	QQSYSTPFT
			SEQ ID NO:1560	SEQ ID NO:9572	SEQ ID NO:17584
iPS:434327	21-225_63G6	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTTT	GATACATCCACTTTGCAA	CAACAGAGTTACGGTATCCC
			CAGCTATTTAAAT	ACT	CATCACC
			SEQ ID NO:1561	SEQ ID NO:9573	SEQ ID NO:17585
		AA	RASQSISSYLN	DTSTLQT	QQSYGIPIT
			SEQ ID NO:1562	SEQ ID NO:9574	SEQ ID NO:17586
iPS:434331	21-225_63H8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAATATCATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1563	SEQ ID NO:9575	SEQ ID NO:17587
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYHSYPFT
			SEQ ID NO:1564	SEQ ID NO:9576	SEQ ID NO:17588
iPS:434333	21-225_63C9	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGATTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1565	SEQ ID NO:9577	SEQ ID NO:17589
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQNSNSPLT
			SEQ ID NO:1566	SEQ ID NO:9578	SEQ ID NO:17590
iPS:434335		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTTT	GCTGCATCCAGTTTACAA	CAACAGACTTACAGTCCCCC
			CAGCTATTTACAT	AGT	GCTCACT

【図４９－１２９】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:1567	SEQ ID NO:9579	SEQ ID NO:17591
21-225_63C10		AA	RASQSIFSYLH	AASSLQS	QQYTSPPLT
			SEQ ID NO:1568	SEQ ID NO:9580	SEQ ID NO:17592
iPS:434337	21-225_64E1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1569	SEQ ID NO:9581	SEQ ID NO:17593
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:1570	SEQ ID NO:9582	SEQ ID NO:17594
iPS:434339	21-225_64A4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:1571	SEQ ID NO:9583	SEQ ID NO:17595
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:1572	SEQ ID NO:9584	SEQ ID NO:17596
iPS:434341	21-225_64F7	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAA	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGAGTTACAATTATTC
			GAAATATTTAAAT	AAGT	GTTCACT
			SEQ ID NO:1573	SEQ ID NO:9585	SEQ ID NO:17597
		AA	RASQNIKKYLN	GASSLQS	QQSYNISPT
			SEQ ID NO:1574	SEQ ID NO:9586	SEQ ID NO:17598
iPS:434343	21-225_64C8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACACCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:1575	SEQ ID NO:9587	SEQ ID NO:17599
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LHHYSYPRT
			SEQ ID NO:1576	SEQ ID NO:9588	SEQ ID NO:17600
iPS:434345	21-225_64B9	NA	AAGTCTAGTCAGACGCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC
			TCATGGTGATGGAAAGACCT	GTGT	GTGGACG
			ATTTGTTT		
			SEQ ID NO:1577	SEQ ID NO:9589	SEQ ID NO:17601
		AA	KSSQSLLHODGKTYLF	EVSNRLC	MQSIQVPWT
			SEQ ID NO:1578	SEQ ID NO:9590	SEQ ID NO:17602

【図４９－１３０】

FIGURE 49

		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACGATTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT
iPS:434347	21-225_64H10		SEQ ID NO:1579	SEQ ID NO:9591	SEQ ID NO:17603
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQNSSPPLT
			SEQ ID NO:1580	SEQ ID NO:9592	SEQ ID NO:17604
iPS:434351	21-225_64A12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCACTTTGCAA	CTACAGCATAATGGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1581	SEQ ID NO:9593	SEQ ID NO:17605
		AA	RASQGIRNDLG	TASTLQS	LQHNGYPPT
			SEQ ID NO:1582	SEQ ID NO:9594	SEQ ID NO:17606
iPS:434353	21-225_64B12	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GATGCATCCATTTTGGAA	CAACAGAGTGATAATCTCCC
			CAATTATTTAAAT	ACA	GTGCAGT
			SEQ ID NO:1583	SEQ ID NO:9595	SEQ ID NO:17607
		AA	RASQDISNYLN	DASILET	QQSDNLPCS
			SEQ ID NO:1584	SEQ ID NO:9596	SEQ ID NO:17608
iPS:434355	21-225_64G12	NA	CGGGCGAGTCAGAATATTAC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTTCC
			CACCTCGTTAGCC	ATTCACT	
			SEQ ID NO:1585	SEQ ID NO:9597	SEQ ID NO:17609
		AA	RASQNITTWLA	AASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:1586	SEQ ID NO:9598	SEQ ID NO:17610
iPS:434357	21-225_65C1	NA	CGGGCGAGTCAGGTCATTAG	AGTGCATCCAATTTGCA	CAACGGCCTTACAATGCCCC
			CAGTTATTTACAT	ATGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1587	SEQ ID NO:9599	SEQ ID NO:17611
		AA	RASQVISSYLH	SASNLQC	QRPYNAPLT
			SEQ ID NO:1588	SEQ ID NO:9600	SEQ ID NO:17612
iPS:434359	21-225_65G3	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGTTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	TCTCACT	
			SEQ ID NO:1589	SEQ ID NO:9601	SEQ ID NO:17613
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQYNSPPLT
			SEQ ID NO:1590	SEQ ID NO:9602	SEQ ID NO:17614

【図４９－１３１】

FIGURE 49

iPS:434361	21-225_65D5	NA	CGGGCGAGTCACGGACATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAC	CCACTGTATAAAAGTTATCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ACTCACT
			SEQ ID NO:1591	SEQ ID NO:9603	SEQ ID NO:17615
		AA	RASQDINNYLA	AASSLHS	PLYKSYPLT
			SEQ ID NO:1592	SEQ ID NO:9604	SEQ ID NO:17616
iPS:434363	21-225_65A6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAATGACTGGCC
			CAGCAACTTAGCC	CACT	GTGCAGT
			SEQ ID NO:1593	SEQ ID NO:9605	SEQ ID NO:17617
		AA	RASQSVNSNLA	GASTRAT	QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:1594	SEQ ID NO:9606	SEQ ID NO:17618
iPS:434367	21-225_65H11	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTTCCC
			CACTTATTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1595	SEQ ID NO:9607	SEQ ID NO:17619
		AA	RASQDISTYLA	AASSLQS	QQYNSPPLT
			SEQ ID NO:1596	SEQ ID NO:9608	SEQ ID NO:17620
iPS:434369	21-225_66B1	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGCATAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1597	SEQ ID NO:9609	SEQ ID NO:17621
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQDNSPPLT
			SEQ ID NO:1598	SEQ ID NO:9610	SEQ ID NO:17622
iPS:434373	21-225_66A7	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGATTAATAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1599	SEQ ID NO:9611	SEQ ID NO:17623
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQINSPPLT
			SEQ ID NO:1600	SEQ ID NO:9612	SEQ ID NO:17624
iPS:434375	21-225_66C7	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	TGTGCATCCAATTTACAA	CAACAGCATAATAATTCCCC
			CAATTATTTACAT	TGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1601	SEQ ID NO:9613	SEQ ID NO:17625
		AA	RASQGISNYLH	CASNLQC	QQHNNSPLT
			SEQ ID NO:1602	SEQ ID NO:9614	SEQ ID NO:17626

【図４９－１３２】

FIGURE 49

iPS:434379	21-225_66A9	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTTT	GCTGCATCCAGTTTACAA	CAACAGACTTACAGTGTCCC
			CAGCTATTTAAAT	AGT	TTTCACT
			SEQ ID NO:1603	SEQ ID NO:9615	SEQ ID NO:17627
		AA	RASQNIFSYLN	AASSLQS	QQTYSYPFT
			SEQ ID NO:1604	SEQ ID NO:9616	SEQ ID NO:17628
iPS:434383	21-225_66F9	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	ACTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			AAATGTTTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1605	SEQ ID NO:9617	SEQ ID NO:17629
		AA	RASQDIRNYLG	TASSLQS	LQYNSYPPT
			SEQ ID NO:1606	SEQ ID NO:9618	SEQ ID NO:17630
iPS:434385	21-225_66C10	NA	CGGGCAAGTCAGGCCATTAG	CCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCCGTGGACG
			SEQ ID NO:1607	SEQ ID NO:9619	SEQ ID NO:17631
		AA	RASQAIRNDLG	PASSLQS	LQYNSYPPWT
			SEQ ID NO:1608	SEQ ID NO:9620	SEQ ID NO:17632
iPS:434387	21-225_66D11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTGTCAA	ATAGTGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAAGGT	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:1609	SEQ ID NO:9621	SEQ ID NO:17633
		AA	RASQGIRNDLG	AASSCQS	IVHNSYPRT
			SEQ ID NO:1610	SEQ ID NO:9622	SEQ ID NO:17634
iPS:434389	21-225_66F11	NA	CGGGAGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CATCTGGTTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1611	SEQ ID NO:9623	SEQ ID NO:17635
		AA	RESQGISNWLA	AASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:1612	SEQ ID NO:9624	SEQ ID NO:17636
iPS:434393	21-225_67C3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	ATTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAATGACTGGCC
			CAGCAACTTAGCC	CACT	GTGTAGT
			SEQ ID NO:1613	SEQ ID NO:9625	SEQ ID NO:17637
		AA	RASQSVNSNLA	IASTRAT	QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:1614	SEQ ID NO:9626	SEQ ID NO:17638

【図４９－１３３】

FIGURE 49

iPS:434397	21-225_67H4	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGATTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1615	SEQ ID NO:9627	SEQ ID NO:17639
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQINSPPLT
			SEQ ID NO:1616	SEQ ID NO:9628	SEQ ID NO:17640
iPS:434399	21-225_67B7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGTATAATAGTTATCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCAAA
			SEQ ID NO:1617	SEQ ID NO:9629	SEQ ID NO:17641
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LHHNSYPFK
			SEQ ID NO:1618	SEQ ID NO:9630	SEQ ID NO:17642
iPS:434405	21-225_68B6	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATGATAGTTACCC
			CTATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1619	SEQ ID NO:9631	SEQ ID NO:17643
		AA	RASQGISYYLA	VASSLQS	QQYDSYPPT
			SEQ ID NO:1620	SEQ ID NO:9632	SEQ ID NO:17644
iPS:434407	21-225_68G8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTGTGCA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			AAATAATTTAGGC	AAGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1621	SEQ ID NO:9633	SEQ ID NO:17645
		AA	RASQGIRNNLG	AASSVQS	LQYNSYPPT
			SEQ ID NO:1622	SEQ ID NO:9634	SEQ ID NO:17646
iPS:434411	21-225_68F11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTATCC
			AAATGGATTTAGGC	GTT	CACT
			SEQ ID NO:1623	SEQ ID NO:9635	SEQ ID NO:17647
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:1624	SEQ ID NO:9636	SEQ ID NO:17648
iPS:434413	21-225_68D12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTACTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1625	SEQ ID NO:9637	SEQ ID NO:17649
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSTYPLT
			SEQ ID NO:1626	SEQ ID NO:9638	SEQ ID NO:17650

【図４９－１３４】

FIGURE 49

iPS:434417	21-225_69C8	NA	CGGGCAGGTCAGACCATTTA	GTTGCGTCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC
			CAATTATTTAAAT	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1627	SEQ ID NO:9639	SEQ ID NO:17651
		AA	RAGQTIYNYLN	VASSLQS	QQSYSTPFT
			SEQ ID NO:1628	SEQ ID NO:9640	SEQ ID NO:17652
iPS:434423	21-225_70D1	NA	CGGGCGAGTCAGGGTGTTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGGTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1629	SEQ ID NO:9641	SEQ ID NO:17653
		AA	RASQGVSRWLA	AASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:1630	SEQ ID NO:9642	SEQ ID NO:17654
iPS:434425	21-225_70A5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	ATTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAATGACTGGCC
			CAGCAACTTAGCC	CACT	GTGTAGT
			SEQ ID NO:1631	SEQ ID NO:9643	SEQ ID NO:17655
		AA	RASQSVNSNLA	IASTRAT	QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:1632	SEQ ID NO:9644	SEQ ID NO:17656
iPS:434427	21-225_70D6	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
			CAAATGGTTAGCC	TCT	CACT
			SEQ ID NO:1633	SEQ ID NO:9645	SEQ ID NO:17657
		AA	RASQGISKWLA	AASSLQS	QQTNSPPLT
			SEQ ID NO:1634	SEQ ID NO:9646	SEQ ID NO:17658
iPS:434429	21-225_70H6	NA	CGGACAAGTCAGAGCATTTT	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGTTACAGTATCCC
			CAACTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1635	SEQ ID NO:9647	SEQ ID NO:17659
		AA	RTSQSIFNYLN	TASSLQS	QQSYSIPLT
			SEQ ID NO:1636	SEQ ID NO:9648	SEQ ID NO:17660
iPS:434431	21-225_70B7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCAATCTACCCCGGGA	CAGCAATATTATAATATTCC
			ATACAGCTCCAACAATAACA	ATCC	CAGCAACTTAGCC
			ACTACTTGGCT		TCCGACG
			SEQ ID NO:1637	SEQ ID NO:9649	SEQ ID NO:17661
		AA	KSSQSVLYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNIPPT

【図４９－１３５】

FIGURE 49

iPS:434433	21-225_70E8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATTCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATGGTTACCC
			AAAGGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1639	SEQ ID NO:9651	SEQ ID NO:17663
		AA	RASQGIRKDLG	AASSLQS	LQHNRYPLT
			SEQ ID NO:1640	SEQ ID NO:9652	SEQ ID NO:17664
iPS:434435	21-225_70C9	NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG	GCTGCATTCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1641	SEQ ID NO:9653	SEQ ID NO:17665
		AA	RASQDISSWLA	AASSLQS	QQTNSPPLT
			SEQ ID NO:1642	SEQ ID NO:9654	SEQ ID NO:17666
iPS:434437	21-225_70A12	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGATTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1643	SEQ ID NO:9655	SEQ ID NO:17667
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQINSPPLT
			SEQ ID NO:1644	SEQ ID NO:9656	SEQ ID NO:17668
iPS:434439	21-225_70B12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATTCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			CAATAATTTAAAC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1645	SEQ ID NO:9657	SEQ ID NO:17669
		AA	RASQGINNNLN	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:1646	SEQ ID NO:9658	SEQ ID NO:17670
iPS:434441	21-225_71A2	NA	CGTGCAAGTCAGGGCATTAG	ATTGCATTCAGATTGCAAA	ATACACCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGA	ATT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1647	SEQ ID NO:9659	SEQ ID NO:17671
		AA	RASQGIRNDLG	IAPRLQI	IHHNSYPWT
			SEQ ID NO:1648	SEQ ID NO:9660	SEQ ID NO:17672
iPS:434443	21-225_71G3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAACAATATTATATTACTCC
			ACACAGCTCCAACAATAACA	ATTC	GTGCAGT
			ACTACTTAGAT		
			SEQ ID NO:1649	SEQ ID NO:9661	SEQ ID NO:17673

【図４９－１３６】

FIGURE 49

		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLD	WASTREF	QQYYTTPCS
			SEQ ID NO:1650	SEQ ID NO:9662	SEQ ID NO:17674
iPS:434447	21-225_71B6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGAT	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1651	SEQ ID NO:9663	SEQ ID NO:17675
		AA	RASQGIRNDLD	AASSLQS	LQHNSYPFT
			SEQ ID NO:1652	SEQ ID NO:9664	SEQ ID NO:17676
iPS:434449	21-225_71H6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAAA	CTACAGTATAATAGTTACCC
			AAATGTTTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1653	SEQ ID NO:9665	SEQ ID NO:17677
		AA	RASQGIRNVLG	AASSLQS	LQYNSYPFT
			SEQ ID NO:1654	SEQ ID NO:9666	SEQ ID NO:17678
iPS:434451	21-225_71B7	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTAATAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	GGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1655	SEQ ID NO:9667	SEQ ID NO:17679
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQG	QQTNSPPLT
			SEQ ID NO:1656	SEQ ID NO:9668	SEQ ID NO:17680
iPS:434453	21-225_71B11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATACTTACCC
			AAATGATTTAGAT	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1657	SEQ ID NO:9669	SEQ ID NO:17681
		AA	RASQGIRNDLD	AASSLQS	LQHNTYPFT
			SEQ ID NO:1658	SEQ ID NO:9670	SEQ ID NO:17682
iPS:434455	21-225_72E5	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTTACAGTACCCC
			CAGCTATTTAAAT	AGT	CACC
			SEQ ID NO:1659	SEQ ID NO:9671	SEQ ID NO:17683
		AA	RASQNISSYLN	AASSLQS	QQTYSTPT
			SEQ ID NO:1660	SEQ ID NO:9672	SEQ ID NO:17684
iPS:434457	21-225_72G12	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GGTGCTTCCAATTTGCAAA	CAACAGAATTACAATGCCCC
			CAGTTATTTAAAT	TCT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1661	SEQ ID NO:9673	SEQ ID NO:17685

【図４９－１３７】

FIGURE 49

		AA	RASQGISSYLN	GASNLQS	QQNYNAPLT
			SEQ ID NO:1662	SEQ ID NO:9674	SEQ ID NO:17686
iPS:434459	21-225_71A7	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGTTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1663	SEQ ID NO:9675	SEQ ID NO:17687
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQYNSPPLT
			SEQ ID NO:1664	SEQ ID NO:9676	SEQ ID NO:17688
iPS:434461	21-225_73A3	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGTTAACAGTTTCCC
			CAACTGGTTAGCC	TCT	TCTCACT
			SEQ ID NO:1665	SEQ ID NO:9677	SEQ ID NO:17689
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQYNSPPLT
			SEQ ID NO:1666	SEQ ID NO:9678	SEQ ID NO:17690
iPS:434463	21-225_73A6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAAATTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:1667	SEQ ID NO:9679	SEQ ID NO:17691
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:1668	SEQ ID NO:9680	SEQ ID NO:17692
iPS:434467	21-225_73B8	NA	CGGGCAAGTCAGGACATCA	GCTGCATTCCAGTTTGCAA	ATACAGCATAATAGTTACCC
			GAAATGATTTAGGC	AGT	TCCGATCACC
			SEQ ID NO:1669	SEQ ID NO:9681	SEQ ID NO:17693
		AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	IQHNSYPPIT
			SEQ ID NO:1670	SEQ ID NO:9682	SEQ ID NO:17694
iPS:434469	21-225_73C9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:1671	SEQ ID NO:9683	SEQ ID NO:17695
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:1672	SEQ ID NO:9684	SEQ ID NO:17696
iPS:434471	21-225_75G3	NA	AGGGCCCGTCAGAATGTTGA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAAGCGCTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1673	SEQ ID NO:9685	SEQ ID NO:17697

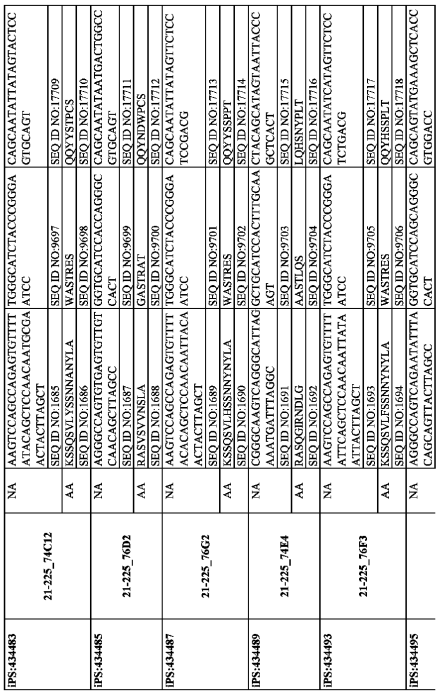
【図４９－１３８】

FIGURE 49

		AA	RARQNVDSSYLA	GASSRAT	QQYERSPWT
			SEQ ID NO:1674	SEQ ID NO:9686	SEQ ID NO:17698
iPS:434473	21-225_76D1	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTTA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCATATGAAAGTTCACC
			CAGCAACTACCTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	RASQNIYSNYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1676	SEQ ID NO:9688	SEQ ID NO:17700
iPS:434475	21-225_74F9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTAGTCC
			ATACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1677	SEQ ID NO:9689	SEQ ID NO:17701
		AA	KSSQSVLYSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:1678	SEQ ID NO:9690	SEQ ID NO:17702
iPS:434477	21-225_74A6	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCAACCCGGGA	CAGCAATATTTTAGTACTCC
			ACACAGCTCCAACAATAACA	ATCC	GTGGACG
			ATTACTTAGCC		
			SEQ ID NO:1679	SEQ ID NO:9691	SEQ ID NO:17703
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYTSTPWT
			SEQ ID NO:1680	SEQ ID NO:9692	SEQ ID NO:17704
iPS:434479	21-225_76H1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT
			SEQ ID NO:1681	SEQ ID NO:9693	SEQ ID NO:17705
		AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGSSPLT
			SEQ ID NO:1682	SEQ ID NO:9694	SEQ ID NO:17706
iPS:434481	21-225_74B10	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACTCGGGA	CAGCAATATTATAGTATTCC
			ACACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC	TCCGACG
			ACTACTTAACT		
			SEQ ID NO:1683	SEQ ID NO:9695	SEQ ID NO:17707
		AA	KSSQSVLHSSNNKNYLT	WASTRES	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:1684	SEQ ID NO:9696	SEQ ID NO:17708

【図４９－１３９】

FIGURE 49



iPS:434483	21-225_74C12	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTACAGCTCCAACAATGCGA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC GTGCAGT
			ACTACTTAGCT	ACTTACTTAGCT	
			SEQ ID NO:1707	SEQ ID NO:1685	SEQ ID NO:9697	SEQ ID NO:17709
		AA	KSSQSLLYSSNNANYLA	KSSQSLVLYSSNNANYLA	WASTRES	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:1708	SEQ ID NO:1686	SEQ ID NO:9698	SEQ ID NO:17710
iPS:434485	21-225_76D2	NA	AGGGCCAGTCGTGAGTGTTGT CAACAGCTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAATATAATGACTGGCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:1687	SEQ ID NO:9699	SEQ ID NO:17711
		AA	RASVSVVNSLA	GASTRAT	QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:1688	SEQ ID NO:9700	SEQ ID NO:17712
iPS:434487	21-225_76G2	NA	AAGTCCACCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTTCTCC TCCGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1689	SEQ ID NO:9701	SEQ ID NO:17713
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:1690	SEQ ID NO:9702	SEQ ID NO:17714
iPS:434489	21-225_74E4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCACTTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTAATTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:1691	SEQ ID NO:9703	SEQ ID NO:17715
		AA	RASQGIRNDLG	AASTLQS	LQHSNYPLT
			SEQ ID NO:1692	SEQ ID NO:9704	SEQ ID NO:17716
iPS:434493	21-225_76F3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCAGCTCCAACAATTATA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATCATAGTTCTCC TCTGACG
			ATTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1693	SEQ ID NO:9705	SEQ ID NO:17717
		AA	KSSQSVLFSSNNYNYLA	WASTRES	QQYHSSPLT
			SEQ ID NO:1694	SEQ ID NO:9706	SEQ ID NO:17718
iPS:434495		NA	AGGGCCAGTCAGAATATTTA CAGCAGTTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAAAGCTCACC GTGGACC

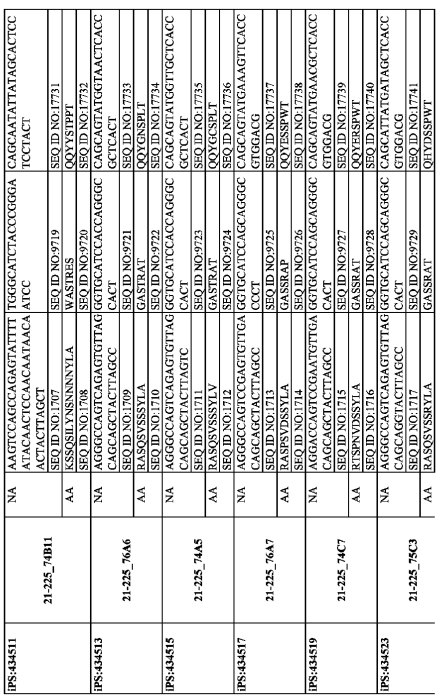
【図４９－１４０】

FIGURE 49

	21-225_74B2	AA	SEQ ID NO:1695	SEQ ID NO:9707	SEQ ID NO:17719
			RASQNIYSSYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1696	SEQ ID NO:9708	SEQ ID NO:17720
iPS:434497	21-225_76A4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTCCTGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1697	SEQ ID NO:9709	SEQ ID NO:17721
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1698	SEQ ID NO:9710	SEQ ID NO:17722
iPS:434501	21-225_76G4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTCTGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1699	SEQ ID NO:9711	SEQ ID NO:17723
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1700	SEQ ID NO:9712	SEQ ID NO:17724
iPS:434503	21-225_74D7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTTCAGCATAGTAATTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:1701	SEQ ID NO:9713	SEQ ID NO:17725
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSNYPLT
			SEQ ID NO:1702	SEQ ID NO:9714	SEQ ID NO:17726
iPS:434507	21-225_74C5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATTCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAAAGCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1703	SEQ ID NO:9715	SEQ ID NO:17727
		AA	RASQSVNSNYLA	GAFSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1704	SEQ ID NO:9716	SEQ ID NO:17728
iPS:434509	21-225_76F5	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTATT ACACAGCTCCCAACAGTTACA	TGGACATCTACCCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC TCCGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1705	SEQ ID NO:9717	SEQ ID NO:17729
		AA	KSSQSVLHSSNSYNYLA	WTSTRES	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:1706	SEQ ID NO:9718	SEQ ID NO:17730

【図４９－１４１】

FIGURE 49



iPS:434511	21-225_74B11	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ATTACAACTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTATAGCACTCC TCCTACT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1707	SEQ ID NO:9719	SEQ ID NO:17731
		AA	KSSQSLLYSSNNANYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:1708	SEQ ID NO:9720	SEQ ID NO:17732
iPS:434513	21-225_76A6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTTAACTCACC GCTCACT
			SEQ ID NO:1709	SEQ ID NO:9721	SEQ ID NO:17733
		AA	RASQSVSSSYLA	GASTRAT	QQYGNSPLT
			SEQ ID NO:1710	SEQ ID NO:9722	SEQ ID NO:17734
iPS:434515	21-225_74A5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTACTTAGTC	GGTGCATCCAACAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTTGCTCACC GCTCACT
			SEQ ID NO:1711	SEQ ID NO:9723	SEQ ID NO:17735
		AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT
			SEQ ID NO:1712	SEQ ID NO:9724	SEQ ID NO:17736
iPS:434517	21-225_76A7	NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTGA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CCCT	CAGCAGTATGAAAGTTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1713	SEQ ID NO:9725	SEQ ID NO:17737
		AA	RASPSVDSSYLA	GASSRAP	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1714	SEQ ID NO:9726	SEQ ID NO:17738
iPS:434519	21-225_74C7	NA	AGGACCAGTCCGAATGTTGA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAACGCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1715	SEQ ID NO:9727	SEQ ID NO:17739
		AA	RTSPNVDSSYLA	GASSRAT	QQYERSPWT
			SEQ ID NO:1716	SEQ ID NO:9728	SEQ ID NO:17740
iPS:434523	21-225_75C3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGGTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCATTATGATAGCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1717	SEQ ID NO:9729	SEQ ID NO:17741
		AA	RASQSVSSRYLA	GASSRAT	QHYDSSPWT

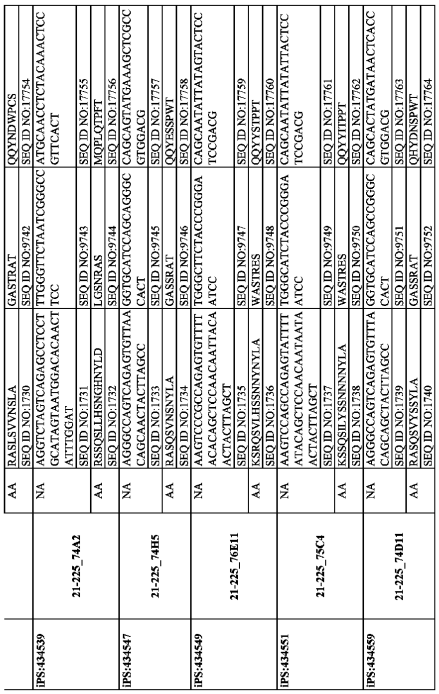
【図４９－１４２】

FIGURE 49

iPS:434525	21-225_76E8	NA	SEQ ID NO:1718	SEQ ID NO:9730	SEQ ID NO:17742
			AAGTCCAGCCAGACTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTATA	TGGACATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTTTAGTAGTCC TCTGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1719	SEQ ID NO:9731	SEQ ID NO:17743
		AA	KSSQTVLHSSNNYNYLA	WTSTRES	QQYFSSPLT
			SEQ ID NO:1720	SEQ ID NO:9732	SEQ ID NO:17744
iPS:434529	21-225_76B9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTACTTAGTC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTTGCTCACC GCTCACT
			SEQ ID NO:1721	SEQ ID NO:9733	SEQ ID NO:17745
		AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT
			SEQ ID NO:1722	SEQ ID NO:9734	SEQ ID NO:17746
iPS:434531	21-225_76C9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGTTACTTATCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGGTCACG GACG
			SEQ ID NO:1723	SEQ ID NO:9735	SEQ ID NO:17747
		AA	RASQSVSSSYLS	GASSRAT	QQYGRSRT
			SEQ ID NO:1724	SEQ ID NO:9736	SEQ ID NO:17748
iPS:434533	21-225_85F7	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTTA CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAAGCTCACC GTGGACC
			SEQ ID NO:1725	SEQ ID NO:9737	SEQ ID NO:17749
		AA	RASQNIYSNYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1726	SEQ ID NO:9738	SEQ ID NO:17750
iPS:434535	21-225_74C8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAAGTATTTAGCC	ACTACATCCAAATTTACAA GCTCACT	CAACAGTACAGTAATTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:1727	SEQ ID NO:9739	SEQ ID NO:17751
		AA	RASQGIGKYLA	TTSNLQS	QQYSNYPLT
			SEQ ID NO:1728	SEQ ID NO:9740	SEQ ID NO:17752
iPS:434537	21-225_74E11	NA	AGGGCCAGTCTGAGTGTTGT CAACAGCTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATGACTGGCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:1729	SEQ ID NO:9741	SEQ ID NO:17753

【図４９－１４３】

FIGURE 49



iPS:434539	21-225_74A2	NA	RASLSVVNSLA	GASTRAT	QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:1750	SEQ ID NO:9742	SEQ ID NO:17754
			AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAGTAATGGACACAACT ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCCC TCC	ATGCAACCTCTACAAACTCC GTTCACT
			SEQ ID NO:1751	SEQ ID NO:9743	SEQ ID NO:17755
		AA	RSSQSLLHSSNNYNYLA	LGSNRAS	MQPLQTPFT
			SEQ ID NO:1752	SEQ ID NO:9744	SEQ ID NO:17756
iPS:434547	21-225_74H5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAAAGCTCGCC GTGGACG
			SEQ ID NO:1753	SEQ ID NO:9745	SEQ ID NO:17757
		AA	RASQSVNSNYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1754	SEQ ID NO:9746	SEQ ID NO:17758
iPS:434549	21-225_76E11	NA	AAGTCCCGCCAGAGTGTTT ACACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCTCTCACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:1755	SEQ ID NO:9747	SEQ ID NO:17759
		AA	KSRQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:1756	SEQ ID NO:9748	SEQ ID NO:17760
iPS:434551	21-225_75C4	NA	AAGTCCACCGAGATTTTT ATACAGCTCCAACAATAATA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:1757	SEQ ID NO:9749	SEQ ID NO:17761
		AA	KSQSSLYSSNNNYLA	WASTRES	QQYYTPPT
			SEQ ID NO:1758	SEQ ID NO:9750	SEQ ID NO:17762
iPS:434559	21-225_74D11	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1759	SEQ ID NO:9751	SEQ ID NO:17763
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1760	SEQ ID NO:9752	SEQ ID NO:17764

【図４９－１４４】

FIGURE 49

iPS:434561	21-225_77G1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1761	SEQ ID NO:9753	SEQ ID NO:17765
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1762	SEQ ID NO:9754	SEQ ID NO:17766
iPS:434563	21-225_75D8	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAGTAGTGGGATACAACT ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCCC TCC	ATGCAAGCTCTACACCCTCC TCTCACT
			SEQ ID NO:1763	SEQ ID NO:9755	SEQ ID NO:17767
		AA	RSSQSLLHSSGYNYLD	LGSNRAS	MQALHPPLT
			SEQ ID NO:1764	SEQ ID NO:9756	SEQ ID NO:17768
iPS:434565	21-225_75B10	NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTAA CAGCTACTACTTAGCC	GGTGCAACCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAAGACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1765	SEQ ID NO:9757	SEQ ID NO:17769
		AA	RASHSVNSYYLA	GATSRAT	QQYEDSPWT
			SEQ ID NO:1766	SEQ ID NO:9758	SEQ ID NO:17770
iPS:434569	21-225_77H5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTTAGCC	GGTGCATCCACAGGGC CACT	CAGCAGTATAATGACTGGCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:1767	SEQ ID NO:9759	SEQ ID NO:17771
		AA	RASQSVSSSLA	GASTRAT	QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:1768	SEQ ID NO:9760	SEQ ID NO:17772
iPS:434571	21-225_74Q2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CCCT	CAGCAGTATGAAAGCTCACC CTGGACG
			SEQ ID NO:1769	SEQ ID NO:9761	SEQ ID NO:17773
		AA	RASQSVDSNYLA	GASSRAP	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1770	SEQ ID NO:9762	SEQ ID NO:17774
iPS:434573	21-225_77E6	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAAGTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA GGT	CAACAGTACAGTAATTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:1771	SEQ ID NO:9763	SEQ ID NO:17775
		AA	RASQGISKYLA	AASSLQG	QQYSNYPLT

【図４９－１４５】

FIGURE 49

iPS:434575	21-225_77C7	NA	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTTAGTAGTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:1753	SEQ ID NO:9765	SEQ ID NO:17777
		AA	KSSQTVLHSSNNYNYLA	WTSTRES	QQYFSSPPT
			SEQ ID NO:1754	SEQ ID NO:9766	SEQ ID NO:17778
iPS:434579	21-225_77F7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCG	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1755	SEQ ID NO:9767	SEQ ID NO:17779
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1756	SEQ ID NO:9768	SEQ ID NO:17780
iPS:434581	21-225_74B12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1757	SEQ ID NO:9769	SEQ ID NO:17781
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1758	SEQ ID NO:9770	SEQ ID NO:17782
iPS:434583	21-225_74B6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCACAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAACTCACC GCTCACT
			SEQ ID NO:1759	SEQ ID NO:9771	SEQ ID NO:17783
		AA	RASQSVSSSYLA	GASTRAT	QQYGNSPLT
			SEQ ID NO:1760	SEQ ID NO:9772	SEQ ID NO:17784
iPS:434585	21-225_75A12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGGTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCATTATGATAGCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1761	SEQ ID NO:9773	SEQ ID NO:17785
		AA	RASQSVSSRYLA	GASSRAT	QHYDSSPWT
			SEQ ID NO:1762	SEQ ID NO:9774	SEQ ID NO:17786
iPS:434587	21-225_74G3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTACTTAGTC	GGTGCATCCACAGGGC CACT	CAGCATTATGGTTGCTCACC GCTCACT
			SEQ ID NO:1763	SEQ ID NO:9775	SEQ ID NO:17787

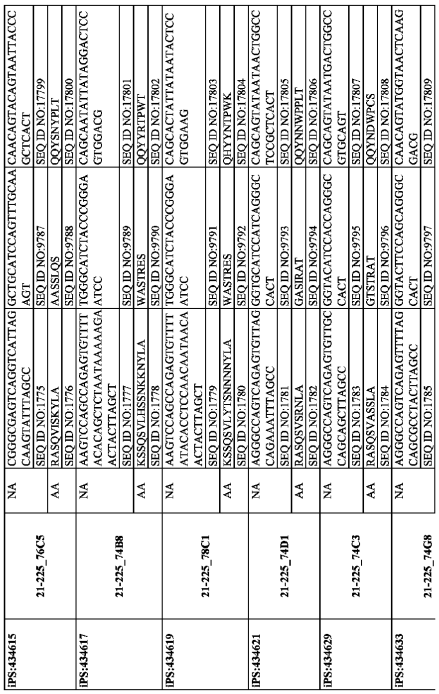
【図４９－１４６】

FIGURE 49

iPS:434595	21-225_77A10	AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT
			SEQ ID NO:1764	SEQ ID NO:9776	SEQ ID NO:17788
		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTCA CAGCAGTTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCATTATGATAGCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1765	SEQ ID NO:9777	SEQ ID NO:17789
		AA	RASQSVHSRYLA	GASSRAT	QHYDSSPWT
			SEQ ID NO:1766	SEQ ID NO:9778	SEQ ID NO:17790
iPS:434597	21-225_77C10	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACACCTCCAAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCACTATTATAATACTCC GTGGAAG
			SEQ ID NO:1767	SEQ ID NO:9779	SEQ ID NO:17791
		AA	KSSQSVLYSSNNNYLA	WASTRES	QHYYNTPWK
			SEQ ID NO:1768	SEQ ID NO:9780	SEQ ID NO:17792
iPS:434603	21-225_77D11	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGTCACTTAGTC	GGTGCATCTCCAGCCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTTGCTCACC GCTCACT
			SEQ ID NO:1769	SEQ ID NO:9781	SEQ ID NO:17793
		AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT
			SEQ ID NO:1770	SEQ ID NO:9782	SEQ ID NO:17794
iPS:434611	21-225_77C12	NA	AGGGCCAGGCAGAGTGTTG ACAGCAGTTATTTAGCC	GGTGCATCCAGCACGGGC CACT	CAGCAGTATGAAAAGCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1771	SEQ ID NO:9783	SEQ ID NO:17795
		AA	RARQSVDSSYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1772	SEQ ID NO:9784	SEQ ID NO:17796
iPS:434613	21-225_77D12	NA	AGGTCCAGCCAGAGTGTTT ATACAGCTCCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA TTCC	CAGCAATATTATACTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:1773	SEQ ID NO:9785	SEQ ID NO:17797
		AA	RSSQSVLYSSNNNYNYLA	WASTRDS	QQYYTPPCS
			SEQ ID NO:1774	SEQ ID NO:9786	SEQ ID NO:17798

【図４９－１４７】

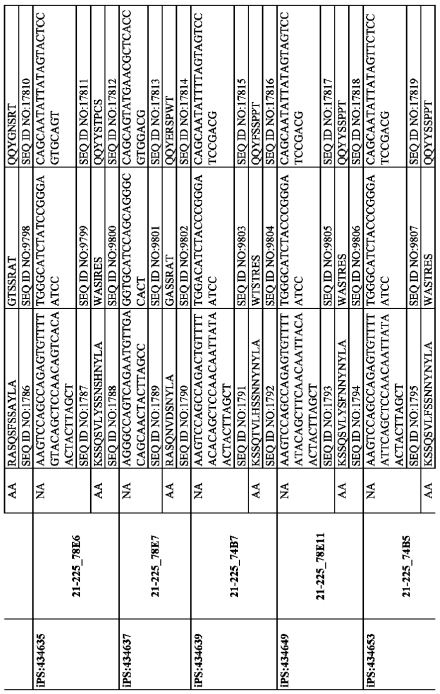
FIGURE 49



iPS:434615	21-225_76C5	NA	CGGGCGAGTCAGGTCATTAG CAAGTATTTAGCCC	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CAACAGTACAGTAATTACCC GCTCACT
		AA	RASQVISKYLA	AASSLQS	QQYSNYPLT
iPS:434617	21-225_74B8	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCTAATAAAAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTATAGGACTCC GTGGACG
		AA	KSSQSVLHSSNKKNYLA	WASTRES	QQYYRTPWT
iPS:434619	21-225_78C1	NA	AAGTCCACCCAGAGTGTTTT ATACACCTCCACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCACTATTATAATACTCC GTGGAAG
		AA	KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	QHYYNTPWK
iPS:434621	21-225_74D1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGAAATTTAGCC	GGTGCATCCATCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCC TCCGCTCACT
		AA	RASQSVSRNLA	GASRRAT	QQYNNWPPLT
iPS:434629	21-225_74C3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGC CAGCAGCTTAGCC	GGTACATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATGACTGGCC GTGCAGT
		AA	RASQSVASSLA	GTSTRAT	QQYNDWPCS
iPS:434633	21-225_74G8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTTTTAG CAGCGCCTACTTAGCC	GGTACTTCCAGCAGGGC CACT	CAACAGTATGGTAACTCAAG GACG
		AA	RASQSFSSAYLA	GTSSRAT	QQYGNSRT
iPS:434635	21-225_78E6	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT GTACAGCTCCAACAGTCACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTATCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTATAGTACTCC GTGCAGT
		AA	RASQSVLYSSNSHNYLA	WASIRES	QQYYSTPCS
iPS:434637	21-225_78E7	NA	AGGGCCAGTCAGAATGTTGA CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAACGCTCACC GTGGACG
		AA	RASQNVDSNYLA	GASSRAT	QQYHRSPWT
iPS:434639	21-225_74B7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTTTAGTAGTCC TCCGACG
		AA	KSSQTVLHSSNNYNYLA	WTSTRES	QQYFSSPPT
iPS:434649	21-225_78E11	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTTCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTAGTAGTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLYSFNNYNYLA	WASTRES	QQYTSSPPT
iPS:434653	21-225_74B5	NA	AAGTCCACCCAGAGTGTTTT ATTCAGCTTCCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTAGTTCTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLFSSNNYNYLA	WASTRES	QQYTSSPPT

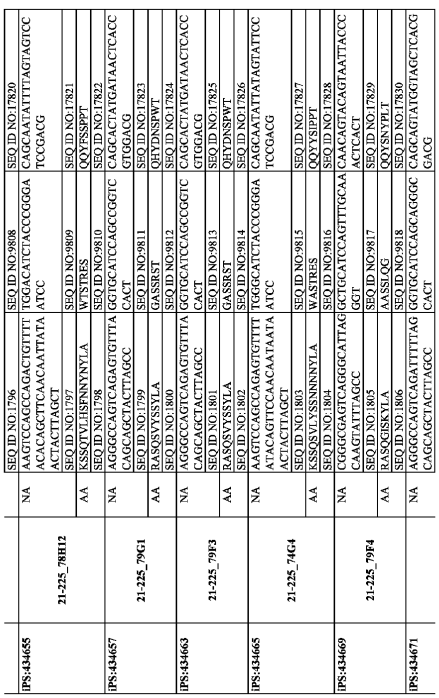
【図４９－１４８】

FIGURE 49



【図４９－１４９】

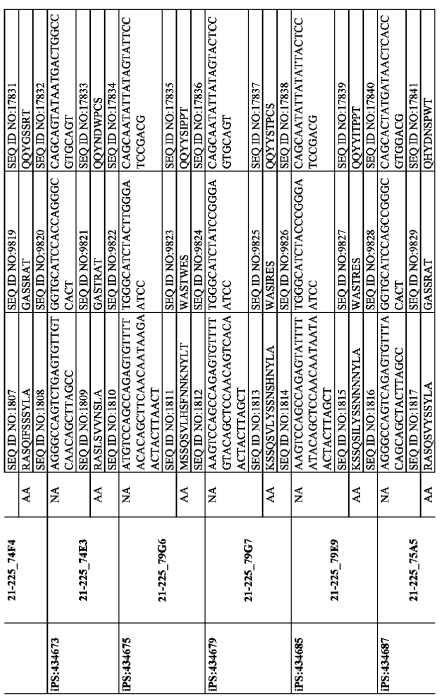
FIGURE 49



iPS:434655	21-225_78H12	NA	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT ACACAGCTTCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTTTAGTAGTCC TCCGACG
		AA	KSSQTVLHSFNNYNYLA	WTSTRES	QQYFSSPPT
iPS:434657	21-225_79C1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
iPS:434663	21-225_79F3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
iPS:434665	21-225_74G4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGTTCCAACAATAATA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTATAGTATTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSIPPT
iPS:434669	21-225_79F4	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAAGTATTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCAA CGT	CAACAGTACAGTAATTACCC ACTCACT
		AA	RASQGISKYLA	AASSLQG	QQYSNYPLT
iPS:434671		NA	AGTCCACCCAGAGTGTTTT	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACG
			AGGGCCAGTCAGATTTTTAG CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGCTCACG GACG

【図４９－１５０】

FIGURE 49



21-225_74F4					
		AA	RASQIFSSSYLA	GASSRAT	QQYGSSRT
iPS:434673	21-225_79G6	NA	AGTCCACCCAGAGTGTTTT CAACAGCTTCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTATAGTACTCC GTGCAGT
		AA	MSSQSVLHSFNNKNYLT	WASTWES	QQYYSIPPT
iPS:434679	21-225_79G7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT GTACAGCTCCAACAGTCACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTATAGTACTCC GTGCAGT
		AA	KSSQSVLYSSNSHNYLA	WASIRES	QQYYSTPCS
iPS:434685	21-225_79I9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ATACAGCTCCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATTATTATAGTACTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYTPPWT
iPS:434687	21-225_75A5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT

10

20

30

40

50

【図４９－１５１】

FIGURE 49

iPS:434689	21-225_79G10	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCAGCTCCAACAATTATA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:9830	SEQ ID NO:17842	CAGCAATATCATAGTTCTCC TCTGACG
		AA	KSSQSVLFSSNNNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:9831	QQYTSSPLT	
			RASQSVDSGYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9832	SEQ ID NO:17843	
iPS:434691	21-225_75G7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTG ACAGCAGTTATTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	SEQ ID NO:9833	SEQ ID NO:17844	CAGCAGTATGAAAGCTCACC GTGGACG
		AA	RARQSVDSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9833	SEQ ID NO:17845	
			RASQSVDSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9834	SEQ ID NO:17846	QQYESSPWT
iPS:434693	21-225_79F11	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	SEQ ID NO:9835	SEQ ID NO:17847	CAGCACTCTGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9835	QHSDNSPWT	
			RASQSVYSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9836	SEQ ID NO:17848	QHSDNSPWT
iPS:434697	21-225_79F12	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ATACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:9837	SEQ ID NO:17849	CAGCAATATTATAGTACTCC GTGGACG
		AA	KSSQSILYSSNNNYNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:9838	QQYYSTPWT	
			RASQSVYSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9838	SEQ ID NO:17850	
iPS:434699	21-225_79G12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	SEQ ID NO:9839	SEQ ID NO:17851	CAGCACTCTGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	SEQ ID NO:9843	SEQ ID NO:17855	QHSDNSPWT
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	SEQ ID NO:9844	SEQ ID NO:17856	
iPS:434701		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	SEQ ID NO:9840	SEQ ID NO:17852	CAGCACTCTGATAACTCACC GTGGACG

【図４９－１５２】

FIGURE 49

	21-225_80A1	AA	SEQ ID NO:1829	SEQ ID NO:9841	SEQ ID NO:17853		
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT		
iPS:434703	21-225_80C1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	SEQ ID NO:9842	SEQ ID NO:17854	CAGCACTCTGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	SEQ ID NO:9843	SEQ ID NO:17855	QHSDNSPWT
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	SEQ ID NO:9844	SEQ ID NO:17856	
iPS:434705	21-225_80A2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTACTTAGTC	GGTGCATCCACAGGGC CACT	SEQ ID NO:9845	SEQ ID NO:17857	CAGCAGTATGGTGTGCTCACC GCTCACT
		AA	KSSQSVSSSYLV	WASTRES	SEQ ID NO:9845	SEQ ID NO:17857	QQYGCSPLT
			RASQSVSSSYLV	GASTRAT	SEQ ID NO:9846	QQYGCSPLT	
iPS:434707	21-225_80D3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACACCTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:9846	SEQ ID NO:17858	CAGCACTACAATGAAACTCC ACGGGAAG
		AA	KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:9847	SEQ ID NO:17859	QHYNETPGK
			RASQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:9848	SEQ ID NO:17860	
iPS:434709	21-225_80E3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	SEQ ID NO:9849	SEQ ID NO:17861	CAGCATTCTGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	SEQ ID NO:9849	QHSDNSPWT	
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	SEQ ID NO:9850	SEQ ID NO:17862	
iPS:434711	21-225_80H3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAGCG	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:9851	SEQ ID NO:17863	CAGCAATATTATAGTACTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLHRSNNYNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:9851	QQYYSTPPT	
			KSSQSVLYTSNNYNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:9852	SEQ ID NO:17864	

【図４９－１５３】

FIGURE 49

iPS:434715	21-225_80D5	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	SEQ ID NO:9853	SEQ ID NO:17865	CAGCAGTATGAAAGCTCACC GTGGACC
		AA	RASQNTYSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9853	QQYESSPWT	
			RASQSVYSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9854	SEQ ID NO:17866	
iPS:434717	21-225_80A6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA CAGCGGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CCCT	SEQ ID NO:9855	SEQ ID NO:17867	CAGCAGTATGAAAGCTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVDSGYLA	GASSRAP	SEQ ID NO:9855	QQYESSPWT	
			RASQSVDSGYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9856	SEQ ID NO:17868	
iPS:434725	21-225_80B7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAA CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	SEQ ID NO:9857	SEQ ID NO:17869	CAGCAGTATGAAAGCTCACC GTGGACG
		AA	RASQSINSSNYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9857	QQYESSPWT	
			RASQSVYSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:9858	SEQ ID NO:17870	
iPS:434729	21-225_80B12	NA	AAGTCCAGACAGAGTGTTTT ATACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAACT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:9859	SEQ ID NO:17871	CAGCAATATTATAGTTCTCC TCCTACT
		AA	KSRQSVLYSSNNNYLT	WASTRES	SEQ ID NO:9859	QQYYSSPPT	
			RASQSVLYSSNNNYLT	WASTRES	SEQ ID NO:9860	SEQ ID NO:17872	
iPS:434731	21-225_80E9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACACCTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:9861	SEQ ID NO:17873	CAGCAATATTATAATACTCC GTGGACG
		AA	KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:9861	QQYYNTPWT	
			RASQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:9862	SEQ ID NO:17874	
iPS:434735	21-225_80B10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CCCT	SEQ ID NO:9863	SEQ ID NO:17875	CAGCAGTATGAAAGCTCACC GTGGACG

【図４９－１５４】

FIGURE 49

	21-225_74G6	AA	RASQSVDSSYLA	GASSRAP	QQYESSPWT		
			SEQ ID NO:1852	SEQ ID NO:9864	SEQ ID NO:17876		
iPS:434737		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAAGTATTTAGCC	ACTACATCCAGTTTGCAA AGT	SEQ ID NO:9865	SEQ ID NO:17877	CAACGTACAGTAATTACCC GCTCACT
		AA	RASQGIGKYLA	TTSSLQS	QQYSNYPLT		
			SEQ ID NO:1853	SEQ ID NO:9865	SEQ ID NO:17877		
iPS:434741	21-225_80C11	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAAGTATTTAGCC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	SEQ ID NO:9866	SEQ ID NO:17878	CAACAGTACAGTAATTACCC GCTCACT
		AA	RASQGIGRYLA	TASSLQS	QQYSNYPLT		
			SEQ ID NO:1856	SEQ ID NO:9868	SEQ ID NO:17880		
iPS:434743	21-225_74A4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	SEQ ID NO:9869	SEQ ID NO:17881	CAGCACTCTGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT		
			SEQ ID NO:1858	SEQ ID NO:9870	SEQ ID NO:17882		
iPS:434747	21-225_80C12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCAGGGC GCT	SEQ ID NO:9871	SEQ ID NO:17883	CAGCATTCTGATAACTCACC GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:1859	GASTRAT	QQYGNSPLT		
			RASQSVSSSYLA	GASTRAT	SEQ ID NO:9871	SEQ ID NO:17884	
iPS:434751	21-225_80H12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	SEQ ID NO:9872	SEQ ID NO:17885	CAGCACTCTGATAACTCACC GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1860	GASSRST	QHSDNSPWT		
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	SEQ ID NO:9873	SEQ ID NO:17885	QHSDNSPWT
		AA	SEQ ID NO:1861	SEQ ID NO:9873	SEQ ID NO:17885		
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT		
			SEQ ID NO:1862	SEQ ID NO:9874	SEQ ID NO:17886		
iPS:434759	21-225_81C5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	SEQ ID NO:9875	SEQ ID NO:17887	CAGCATTCTGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:1863	SEQ ID NO:9875	SEQ ID NO:17887		

【図４９－１５５】

FIGURE 49

iPS:434761	21-225_81E5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC	GASSRST	QHSDNSPWT
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT	SEQ ID NO:1864	SEQ ID NO:17888
			SEQ ID NO:1887	SEQ ID NO:9899	SEQ ID NO:17911	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTTCTCC
		AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT	ATCC	TCTGACG
			SEQ ID NO:1888	SEQ ID NO:9900	SEQ ID NO:17912	ATTACTTAGCT	
iPS:434827	21-225_83F3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCACTATAATGATGATACTCC	SEQ ID NO:1865	SEQ ID NO:9877
			ATACACCTCCAACAATAACA	ATCC	ATGGAAG	SEQ ID NO:1866	SEQ ID NO:17889
			ACTACTTAGCT			KSSQSVLFSSNNYNYLA	WASTRES
		AA	SEQ ID NO:1889	SEQ ID NO:9901	SEQ ID NO:17913	SEQ ID NO:1867	SEQ ID NO:9878
			KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	QHYNDTPWK		QQYYSSPLT
			SEQ ID NO:1890	SEQ ID NO:9902	SEQ ID NO:17914		SEQ ID NO:17890
iPS:434829	21-225_83G3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCACTATTATAATACTCC	SEQ ID NO:1867	SEQ ID NO:9879
			ATACACCTCCAACAATAACA	ATCC	GTGGACG	KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES
			ACTACTTAGCT			SEQ ID NO:1868	SEQ ID NO:9880
		AA	SEQ ID NO:1891	SEQ ID NO:9903	SEQ ID NO:17915	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACGCAGGGC
			KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	QHYYNTPWT	CAGCAGCTACTTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:1892	SEQ ID NO:9904	SEQ ID NO:17916	SEQ ID NO:1869	SEQ ID NO:9881
iPS:434833	21-225_83C5	NA	AGGGCCAGTGAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC	RASQSVSSSYLA	GASSRAT
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT	SEQ ID NO:1870	SEQ ID NO:9882
			SEQ ID NO:1893	SEQ ID NO:9905	SEQ ID NO:17917	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCGGTC
		AA	RASESVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT	CAGCAGCTACTTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:1894	SEQ ID NO:9906	SEQ ID NO:17918	SEQ ID NO:1871	SEQ ID NO:9883
iPS:434835	21-225_83B6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA	GGTGCATCCAGGCAGGAC	CAGCAGTATGAAAGCTCACC	21-225_81C11	RASQSVYSSYLA
			CAGCGGCTACTTAGCC	CCCT	GTGGACG		GASSRST
			SEQ ID NO:1895	SEQ ID NO:9907	SEQ ID NO:17919		SEQ ID NO:1872
		AA	RASQSVDSGYLA	GASSRTP	QQYESSPWT		SEQ ID NO:9884
			SEQ ID NO:1896	SEQ ID NO:9908	SEQ ID NO:17920	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC
iPS:434839	21-225_83B7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC	CAGCAGCTACTTAGTC	CACT
			CAGCAGCTACTTAGCG	CACT	GTGGACG	SEQ ID NO:1873	SEQ ID NO:9885
			SEQ ID NO:1897	SEQ ID NO:9909	SEQ ID NO:17921	RASQSVSSSYLA	GASTRAT
						SEQ ID NO:1874	SEQ ID NO:9886

【図４９－１５６】

FIGURE 49

iPS:434797	21-225_82G5	NA	AGGGCCAGTGAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC	21-225_82D9	RASESVSSSYLV
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT		GASTRAT
			SEQ ID NO:1875	SEQ ID NO:9887	SEQ ID NO:17899		SEQ ID NO:9890
		AA	RASESVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT		SEQ ID NO:1878
			SEQ ID NO:1876	SEQ ID NO:9888	SEQ ID NO:17900	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC
iPS:434805	21-225_82D9	NA	AGGGCCAGTGAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC	CAGCAGCTACTTAGCC	CACT
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT	SEQ ID NO:1879	SEQ ID NO:9891
			SEQ ID NO:1877	SEQ ID NO:9889	SEQ ID NO:17901	RASQSVYSSYLA	GASSRST
		AA	RASESVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT		SEQ ID NO:1880
			SEQ ID NO:1878	SEQ ID NO:9890	SEQ ID NO:17902	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA	GGTGCATCCAGCGGTC
iPS:434809	21-225_74F5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC	CAGCAGCTACTTAGCC	CACT
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG	SEQ ID NO:1881	SEQ ID NO:9892
			SEQ ID NO:1879	SEQ ID NO:9891	SEQ ID NO:17903	RASQSVSSSYLA	GASSRAS
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT		SEQ ID NO:1882
			SEQ ID NO:1880	SEQ ID NO:9892	SEQ ID NO:17904	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC
iPS:434813	21-225_82C12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC	CAGCAGCTACTTAGCC	CTCT
			CAGCAGCTACTTAGCC	CTCT	GCTCACT	SEQ ID NO:1881	SEQ ID NO:9893
			SEQ ID NO:1881	SEQ ID NO:9893	SEQ ID NO:17905	RASQSVSSSYLA	GASTRAS
		AA	RASQSVSSSYLA	GASTRAS	QQYGNSPLT		SEQ ID NO:1882
			SEQ ID NO:1882	SEQ ID NO:9894	SEQ ID NO:17906	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTGCAA
iPS:434815	21-225_74A11	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATGATTACCC	AAATGATTTAGGC	AASSLQS
			AAATGATTTAGGC	ATTCACT		SEQ ID NO:1883	SEQ ID NO:9895
			SEQ ID NO:1883	SEQ ID NO:9895	SEQ ID NO:17907	RASQDIRNDLG	LQHNDYPFT
		AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	LQHNDYPFT	SEQ ID NO:1884	SEQ ID NO:9896
			SEQ ID NO:1884	SEQ ID NO:9896	SEQ ID NO:17908	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCACGCCGGTC
iPS:434821	21-225_83G1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCACGCCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC	CAGCACTACTTAGCC	CACG
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACG	GTGGACG	SEQ ID NO:1885	SEQ ID NO:9897
			SEQ ID NO:1885	SEQ ID NO:9897	SEQ ID NO:17909	RASQSVYSSYLA	GASSRST
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT		SEQ ID NO:1886
			SEQ ID NO:1886	SEQ ID NO:9898	SEQ ID NO:17910		

【図４９－１５７】

FIGURE 49

iPS:434825	21-225_83C2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC	GASSRST	QHSDNSPWT
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT	SEQ ID NO:1898	SEQ ID NO:17922
			SEQ ID NO:1887	SEQ ID NO:9899	SEQ ID NO:17911	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT	TGGACATCTACCCGGGA
		AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT	ACACAGCTCCAACAATTATA	ATCC
			SEQ ID NO:1888	SEQ ID NO:9900	SEQ ID NO:17912	ACTACTTAGCT	
iPS:434827	21-225_83F3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCACTATAATGATGATACTCC	SEQ ID NO:1899	SEQ ID NO:9901
			ATACACCTCCAACAATAACA	ATCC	ATGGAAG	KSSQTVLHSSNNYNYLA	WTSTRES
			ACTACTTAGCT			SEQ ID NO:1889	SEQ ID NO:9902
		AA	KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	QHYNDTPWK	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCGGTC
			SEQ ID NO:1890	SEQ ID NO:9902	SEQ ID NO:17914	CAGCAGCTACTTAGCC	CACT
iPS:434829	21-225_83G3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCACTATTATAATACTCC	SEQ ID NO:1900	SEQ ID NO:9903
			ATACACCTCCAACAATAACA	ATCC	GTGGACG	SEQ ID NO:1891	SEQ ID NO:9903
			ACTACTTAGCT			KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES
		AA	SEQ ID NO:1891	SEQ ID NO:9903	SEQ ID NO:17915	SEQ ID NO:1892	SEQ ID NO:9904
			KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	QHYYNTPWT	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC
			SEQ ID NO:1892	SEQ ID NO:9904	SEQ ID NO:17916	CAGCAGCTACTTAGTC	CACT
iPS:434833	21-225_83C5	NA	AGGGCCAGTGAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC	SEQ ID NO:1893	SEQ ID NO:9905
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT	RASESVSSSYLV	GASTRAT
			SEQ ID NO:1893	SEQ ID NO:9905	SEQ ID NO:17917	SEQ ID NO:1894	SEQ ID NO:9906
		AA	RASESVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA	GGTGCATCCAGCGGTC
			SEQ ID NO:1894	SEQ ID NO:9906	SEQ ID NO:17918	CAGCAGCTACTTAGCC	CACT
iPS:434835	21-225_83B6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA	GGTGCATCCAGGCAGGAC	CAGCAGTATGAAAGCTCACC	SEQ ID NO:1895	SEQ ID NO:9907
			CAGCGGCTACTTAGCC	CCCT	GTGGACG	RASQSVDSGYLA	GASSRTP
			SEQ ID NO:1895	SEQ ID NO:9907	SEQ ID NO:17919	SEQ ID NO:1896	SEQ ID NO:9908
		AA	RASQSVDSGYLA	GASSRTP	QQYESSPWT	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC
			SEQ ID NO:1896	SEQ ID NO:9908	SEQ ID NO:17920	CAGCAGCTACTTAGCG	CACT
iPS:434839	21-225_83B7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC	SEQ ID NO:1897	SEQ ID NO:9909
			CAGCAGCTACTTAGCG	CACT	GTGGACG		
			SEQ ID NO:1897	SEQ ID NO:9909	SEQ ID NO:17921		

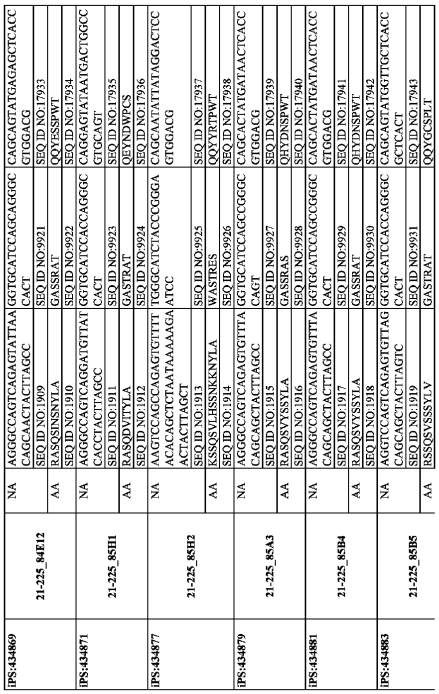
【図４９－１５８】

FIGURE 49

iPS:434841	21-225_83G7	AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT	21-225_75A6	NA
			SEQ ID NO:1898	SEQ ID NO:9910	SEQ ID NO:17922		
		NA	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT	TGGACATCTACCCGGGA	CAGCAATATTTTAGTAGTCC		
			ACACAGCTCCAACAATTATA	ATCC	TCTGACG		
			ACTACTTAGCT				
		AA	SEQ ID NO:1899	SEQ ID NO:9911	SEQ ID NO:17923		
			KSSQTVLHSSNNYNYLA	WTSTRES	QQYESSPWT		
			SEQ ID NO:1900	SEQ ID NO:9912	SEQ ID NO:17924		
iPS:434849	21-225_83C10	NA	AGGGCCAGTCGAGTGTTCA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAAAGTTCACC		
			CAGCAACTACTTAGCC	CACT	GTGGACG		
			SEQ ID NO:1901	SEQ ID NO:9913	SEQ ID NO:17925		
		AA	RASPSVHSNYLA	GASSRAT	QQYESSPWT		
			SEQ ID NO:1902	SEQ ID NO:9914	SEQ ID NO:17926		
iPS:434851	21-225_84G7	NA	AAGTCCAGCAGACGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC		
			ACACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCTACT		
			ACTACTTAGCT				
		AA	SEQ ID NO:1903	SEQ ID NO:9915	SEQ ID NO:17927		
			KSRQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT		
			SEQ ID NO:1904	SEQ ID NO:9916	SEQ ID NO:17928		
iPS:434863	21-225_84G7	NA	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT	TGGACATCTACCCGGGA	CAGCAATATTTTAGTAGTCC		
			ACACAGCTCCAACAATTATA	ATCC	TCCGACG		
			ACTACTTAGCT				
		AA	SEQ ID NO:1905	SEQ ID NO:9917	SEQ ID NO:17929		
			KSSQTVLHSSNNYNYLA	WTSTRES	QQYESSPPT		
			SEQ ID NO:1906	SEQ ID NO:9918	SEQ ID NO:17930		
iPS:434867	21-225_79A12	NA	CGGGCGAGTCAGGTCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTACAGTAATTACCC		
			CAAGTATTTAGCC	GCTCACT	CAGCAGCTACTTAGCC		
			SEQ ID NO:1907	SEQ ID NO:9919	SEQ ID NO:17931		
		AA	RASQVISKYLA	AASSLQS	QQYSNYPLT		
			SEQ ID NO:1908	SEQ ID NO:9920	SEQ ID NO:17932		

【図４９－１５９】

FIGURE 49



iPS:434869	21-225_84E12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAGAGCTCACC
			CAGCAACTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1909	SEQ ID NO:9921	SEQ ID NO:17933
			RASQSINSNYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1910	SEQ ID NO:9922	SEQ ID NO:17934
iPS:434871	21-225_85H1	NA	AGGGCCAGTCAGGATGTTAT	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGGAGTATAATGACTGGCC
			CACCTACTTAGCC	CACT	GTGCAGT
		AA	SEQ ID NO:1911	SEQ ID NO:9923	SEQ ID NO:17935
			RASQDVTTYLA	GASTRAT	QEYNDWPCS
			SEQ ID NO:1912	SEQ ID NO:9924	SEQ ID NO:17936
iPS:434877	21-225_85H2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGGACTCC
			ACACAGCTCTAATAAAAGA	ATCC	GTGGACG
			ACTACTTAGCT		
		AA	SEQ ID NO:1913	SEQ ID NO:9925	SEQ ID NO:17937
			KSSQSVLHSSNKKNYLA	WASTRES	QQYYRTPWT
		AA	SEQ ID NO:1914	SEQ ID NO:9926	SEQ ID NO:17938
iPS:434879	21-225_85A3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGGC	CAGCACTATGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CAGT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1915	SEQ ID NO:9927	SEQ ID NO:17939
			RASQSVYSSYLA	GASSRAS	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1916	SEQ ID NO:9928	SEQ ID NO:17940
iPS:434881	21-225_85B4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGGC	CAGCACTATGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1917	SEQ ID NO:9929	SEQ ID NO:17941
			RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1918	SEQ ID NO:9930	SEQ ID NO:17942
iPS:434883	21-225_85B5	NA	AGGTCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:1919	SEQ ID NO:9931	SEQ ID NO:17943
			RSSQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT

【図４９－１６０】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:1920	SEQ ID NO:9932	SEQ ID NO:17944
iPS:434887	21-225_85D6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCATTATGATAGCTCACC
			CAGCAGGTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1921	SEQ ID NO:9933	SEQ ID NO:17945
			RASQSVSSRYLA	GASSRAT	QHYDSSPWT
			SEQ ID NO:1922	SEQ ID NO:9934	SEQ ID NO:17946
iPS:434891	21-225_85G6	NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTGA	GGTGCAGCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAAAGTTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CCCT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1923	SEQ ID NO:9935	SEQ ID NO:17947
			RASFSVDSSYLA	GAASRAP	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1924	SEQ ID NO:9936	SEQ ID NO:17948
iPS:434895	21-225_74H7	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTTA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAAAGCTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACC
		AA	SEQ ID NO:1925	SEQ ID NO:9937	SEQ ID NO:17949
			RASQNIVSSYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1926	SEQ ID NO:9938	SEQ ID NO:17950
iPS:434899	21-225_85B9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAAAGCTCGCC
			CAGCAACTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1927	SEQ ID NO:9939	SEQ ID NO:17951
			RASQSVNSNYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1928	SEQ ID NO:9940	SEQ ID NO:17952
iPS:434901	21-225_85B9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
			ACACAGGTCCACAATTACA	ATCC	TCCGACCG
			ACTACTTAGCG		
		AA	SEQ ID NO:1929	SEQ ID NO:9941	SEQ ID NO:17953
			KSSQSVLHRSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
		AA	SEQ ID NO:1930	SEQ ID NO:9942	SEQ ID NO:17954
iPS:434907	21-225_85C10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTG	GGTGCATCTAGCAGGGC	CAGCAGTATGAGAGTTCACC
			GAGCGGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1931	SEQ ID NO:9943	SEQ ID NO:17955

【図４９－１６１】

FIGURE 49

		AA	RASQSVWSGYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1932	SEQ ID NO:9944	SEQ ID NO:17956
iPS:434909	21-225_85C11	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATTTATCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
			GTACAGCTCCAACAGTCACA	ATCC	GTGCAGT
			ACTTCTTAGCT		
			SEQ ID NO:1933	SEQ ID NO:9945	SEQ ID NO:17957
		AA	KSSQSVLYSSSNSHNFLA	WAFIRES	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:1934	SEQ ID NO:9946	SEQ ID NO:17958
iPS:434911	21-225_85D11	NA	AGGTCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATGGTTGCTCACC
			CAGCAGCTACTTAGTC	CACT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:1935	SEQ ID NO:9947	SEQ ID NO:17959
			RSSQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT
			SEQ ID NO:1936	SEQ ID NO:9948	SEQ ID NO:17960
iPS:434913	21-225_86C1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGGC	CAGCACTATGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1937	SEQ ID NO:9949	SEQ ID NO:17961
			RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1938	SEQ ID NO:9950	SEQ ID NO:17962
iPS:434921	21-225_86E4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCTCAGCCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1939	SEQ ID NO:9951	SEQ ID NO:17963
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1940	SEQ ID NO:9952	SEQ ID NO:17964
iPS:434935	21-225_86E9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATCATAGTAGTCC
			GCACAGATCCAACAATTATA	ATCC	ACTGACG
			ATTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1941	SEQ ID NO:9953	SEQ ID NO:17965
		AA	KSSQSVLHRSNNYNYLA	WASTRES	QQYHSSPLT
			SEQ ID NO:1942	SEQ ID NO:9954	SEQ ID NO:17966

【図４９－１６２】

FIGURE 49

iPS:434939	21-225_86C11	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCTCGATAACTCACC	CAGCACTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1943	SEQ ID NO:9955	SEQ ID NO:17967
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1944	SEQ ID NO:9956	SEQ ID NO:17968
iPS:434943	21-225_87B1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA	GGTGCATCTGCCAGGAC	CAGCAGTATGAAAGCTCACC
			CAGCAACTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1945	SEQ ID NO:9957	SEQ ID NO:17969
			RASQSVDSNYLA	GASARTT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:1946	SEQ ID NO:9958	SEQ ID NO:17970
iPS:434945	21-225_87E5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCATTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1947	SEQ ID NO:9959	SEQ ID NO:17971
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1948	SEQ ID NO:9960	SEQ ID NO:17972
iPS:434947	21-225_87B7	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCAC	CTACTCTATCTTACTTACCCG
			CAATTATTTAGCCC	AGT	CTCACC
			SEQ ID NO:1949	SEQ ID NO:9961	SEQ ID NO:17973
		AA	RASQGISNYLA	AASSLHS	LLYLLTYPLT
			SEQ ID NO:1950	SEQ ID NO:9962	SEQ ID NO:17974
iPS:434955	21-225_87C9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCATTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:1951	SEQ ID NO:9963	SEQ ID NO:17975
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1952	SEQ ID NO:9964	SEQ ID NO:17976
iPS:434957	21-225_87A10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCTCCAGCCGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CTCT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:1953	SEQ ID NO:9965	SEQ ID NO:17977
			RASQSVSSSYLA	GASTRAS	QQYGNSPLT
			SEQ ID NO:1954	SEQ ID NO:9966	SEQ ID NO:17978

【図４９－１６３】

FIGURE 49

iPS:434959	21-225_87E10	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTACTCC
			ACACAGCTCCAACAATATGA	ATCC	GTGCAGT
			ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:9967	SEQ ID NO:17979
		AA	KSSQSVLHSSNNMNYLA	WASTRKS	QQYYSSPCS
			SEQ ID NO:1956	SEQ ID NO:9968	SEQ ID NO:17980
iPS:434961	21-225_87A12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCACTCTGATAAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1957	SEQ ID NO:9969	SEQ ID NO:17981
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1958	SEQ ID NO:9970	SEQ ID NO:17982
iPS:434965	21-225_88A11	NA	AAGTCCACCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTTCTCC
			ACACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCGACG
			ACTACTTAACT	SEQ ID NO:9971	SEQ ID NO:17983
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLT	WASTRKS	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:1960	SEQ ID NO:9972	SEQ ID NO:17984
iPS:434969	21-225_88H11	NA	AGGGCCACTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCATTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACG	GTGGACG
			SEQ ID NO:1961	SEQ ID NO:9973	SEQ ID NO:17985
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1962	SEQ ID NO:9974	SEQ ID NO:17986
iPS:434971	21-225_88G2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAATACTCC
			ATACACCTCCAACAATAACA	ATCC	GTGGACG
			ACTACTTAGCT		
		AA	KSSQSVLYSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO:1963	SEQ ID NO:9975	SEQ ID NO:17987
		AA	KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNTPWT
			SEQ ID NO:1964	SEQ ID NO:9976	SEQ ID NO:17988

【図４９－１６４】

FIGURE 49

iPS:434973	21-225_88B4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
			ATACATCTCCAACAATAATA	ATCC	TCCGACG
			ATTACTTAGCT	SEQ ID NO:9977	SEQ ID NO:17989
		AA	KSSQSVLYSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:1966	SEQ ID NO:9978	SEQ ID NO:17990
iPS:434977	21-225_88A5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATGATTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNDYPPT
			SEQ ID NO:1967	SEQ ID NO:9979	SEQ ID NO:17991
iPS:434981	21-225_88E7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	CTGGACG
			SEQ ID NO:1969	SEQ ID NO:9981	SEQ ID NO:17993
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1970	SEQ ID NO:9982	SEQ ID NO:17994
iPS:434983	21-225_88F7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1971	SEQ ID NO:9983	SEQ ID NO:17995
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1972	SEQ ID NO:9984	SEQ ID NO:17996
iPS:434995	21-225_88G9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1973	SEQ ID NO:9985	SEQ ID NO:17997
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1974	SEQ ID NO:9986	SEQ ID NO:17998
iPS:434997	21-225_88C10	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATTTACTCGGAA	CAGCAATATTATAGAGCTCC
			ACACAGCTCCAACAATTGGA	ATCC	TCCGACG
			ATTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1975	SEQ ID NO:9987	SEQ ID NO:17999

【図４９－１６５】

FIGURE 49

iPS:434999	21-225_75A8	AA	KSSQSVLHSSNNWNYLA	WASTRKS	QQYYTPAPPT
			SEQ ID NO:1976	SEQ ID NO:9988	SEQ ID NO:18000
		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGGC	CAGCACTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1977	SEQ ID NO:9989	SEQ ID NO:18001
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1978	SEQ ID NO:9990	SEQ ID NO:18002
iPS:435009	21-225_89G4	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	TTGGGTTCTAATCGGGCC	ATGCAAGCTCTACATTATTCC
			GCATAGTAGTGGATACAACT	TCC	TCTCACT
			ATTTGGAT		
			SEQ ID NO:1979	SEQ ID NO:9991	SEQ ID NO:18003
		AA	RSSQSLLHSSGYNYLD	LGSNRAS	MQALHIPLT
			SEQ ID NO:1980	SEQ ID NO:9992	SEQ ID NO:18004
iPS:435013	21-225_89D5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCACTATGATAAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1981	SEQ ID NO:9993	SEQ ID NO:18005
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1982	SEQ ID NO:9994	SEQ ID NO:18006
iPS:435015	21-225_89H5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATTTCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAAAGCTCAGT
			CAGCAACTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1983	SEQ ID NO:9995	SEQ ID NO:18007
		AA	RASQSVNSNYLA	GAFSRAT	QQYESSVWT
			SEQ ID NO:1984	SEQ ID NO:9996	SEQ ID NO:18008
iPS:435025	21-225_89E10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCATTCTGATAACTCTCC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1985	SEQ ID NO:9997	SEQ ID NO:18009
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1986	SEQ ID NO:9998	SEQ ID NO:18010
iPS:435029		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA	GGTGCATCTGCCAGGAC	CAGCAGTATGAAATCTCACC
			CAGCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG

【図４９－１６６】

FIGURE 49

iPS:435039	21-225_90G4	21-225_89A11	SEQ ID NO:1987	SEQ ID NO:9999	SEQ ID NO:18011
		AA	RASQSVDSNFLA	GASARTT	QQYEHSPWT
			SEQ ID NO:1988	SEQ ID NO:10000	SEQ ID NO:18012
		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGTC	CAGCACTCTGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1989	SEQ ID NO:10001	SEQ ID NO:18013
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:1990	SEQ ID NO:10002	SEQ ID NO:18014
iPS:435041	21-225_90A5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCCAGCCGGGC	CAGCACTATGATAAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1991	SEQ ID NO:10003	SEQ ID NO:18015
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1992	SEQ ID NO:10004	SEQ ID NO:18016
iPS:435043	21-225_90G5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA	GGTGCATCTCCAGCCGGGC	CAGCACTATGATAACTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:1993	SEQ ID NO:10005	SEQ ID NO:18017
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:1994	SEQ ID NO:10006	SEQ ID NO:18018
iPS:435045	21-225_90H5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ATTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATGATTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GATCACC
			SEQ ID NO:1995	SEQ ID NO:10007	SEQ ID NO:18019
		AA	RASQGIRNDLG	IASSLQS	LQHNSYPIT
			SEQ ID NO:1996	SEQ ID NO:10008	SEQ ID NO:18020
iPS:435051	21-225_90D9	NA	AAGTCCACCCAGACTGTTTT	TGAGACATCTCACCCGGGA	CAGCAATATCTTAGTAGTCC
			ACACAGCTCCAACAATTATA	ATCC	TCTGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:1997	SEQ ID NO:10009	SEQ ID NO:18021
		AA	KSSQTVLHSSNNYNYLA	WTSTRES	QQYLSSPLT
			SEQ ID NO:1998	SEQ ID NO:10010	SEQ ID NO:18022

【図４９－１６７】

FIGURE 49

iPS:435053	21-225_75F9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAACTCCAACAATAATA	TGGGCATCTACGCGGGGA GTCC	CAACAATATTATAGTAGTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:1999	SEQ ID NO:10011	SEQ ID NO:18023
		AA	ACTACTTGGCT KSSQSVLHSSNNNYLA	WASTRES	QQYYSSPP1
			SEQ ID NO:2000	SEQ ID NO:10012	SEQ ID NO:18024
iPS:435055	21-225_90F10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2001	SEQ ID NO:10013	SEQ ID NO:18025
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:2002	SEQ ID NO:10014	SEQ ID NO:18026
iPS:435059	21-225_90C11	NA	AGGTATATGTCAGAGGCCTCGT GCATAGTAGTGGATACAACT ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCCC TCC	ATGCAAGCTCTACACCCTCC TCTCACT
			SEQ ID NO:2003	SEQ ID NO:10015	SEQ ID NO:18027
		AA	RYSQSLVHSSGYNYLD	LGSNRAS	MQALHPPLT
			SEQ ID NO:2004	SEQ ID NO:10016	SEQ ID NO:18028
iPS:435071	21-225_91F1	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACACCTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCACTATATAATACTCC GTGGAAG
			SEQ ID NO:2005	SEQ ID NO:10017	SEQ ID NO:18029
		AA	KSSQSVLYTSNNNYLA	WASTRES	QHYYNTPWK
			SEQ ID NO:2006	SEQ ID NO:10018	SEQ ID NO:18030
iPS:435073	21-225_91B2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2007	SEQ ID NO:10019	SEQ ID NO:18031
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:2008	SEQ ID NO:10020	SEQ ID NO:18032
iPS:435075		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG

【図４９－１６８】

FIGURE 49

	21-225_91B3	AA	SEQ ID NO:2009	SEQ ID NO:10021	SEQ ID NO:18033
			RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:2010	SEQ ID NO:10022	SEQ ID NO:18034
iPS:435077	21-225_91F3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCATTCTGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2011	SEQ ID NO:10023	SEQ ID NO:18035
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:2012	SEQ ID NO:10024	SEQ ID NO:18036
iPS:435079	21-225_91B4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2013	SEQ ID NO:10025	SEQ ID NO:18037
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:2014	SEQ ID NO:10026	SEQ ID NO:18038
iPS:435087	21-225_91G8	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACACCTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATACTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2015	SEQ ID NO:10027	SEQ ID NO:18039
		AA	KSSQSVLYTSNNNYLA	WASTRES	QQYYTTPWT
			SEQ ID NO:2016	SEQ ID NO:10028	SEQ ID NO:18040
iPS:435089	21-225_91E9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCG	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTCTGATAACTCACC CTGGACG
			SEQ ID NO:2017	SEQ ID NO:10029	SEQ ID NO:18041
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:2018	SEQ ID NO:10030	SEQ ID NO:18042
iPS:435097	21-225_92B1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGG CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAAAGTTCACC CTGGACG
			SEQ ID NO:2019	SEQ ID NO:10031	SEQ ID NO:18043
		AA	RASQSVGSNYLA	GASSRAT	QQYSSSPWT
			SEQ ID NO:2020	SEQ ID NO:10032	SEQ ID NO:18044

【図４９－１６９】

FIGURE 49

iPS:435103	21-225_92B2	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCGT GCATAGTAGTGGATACAACT ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCC TCC	ATGCAAGCTCTACATATTCC TCTCACT
			SEQ ID NO:2021	SEQ ID NO:10033	SEQ ID NO:18045
		AA	RSSQSLVHSSGYNYLD	LGSNRAS	MQALHHPLT
			SEQ ID NO:2022	SEQ ID NO:10034	SEQ ID NO:18046
iPS:435109	21-225_92H5	NA	CGGGCCAGTCAGGATGTTAT CACCTACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGGAGTATAATGACTGGCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:2023	SEQ ID NO:10035	SEQ ID NO:18047
		AA	RASQDVTYLA	GASTRAT	QEYNDWPCS
			SEQ ID NO:2024	SEQ ID NO:10036	SEQ ID NO:18048
iPS:435111	21-225_92D6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCATTATGATAACTCTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2025	SEQ ID NO:10037	SEQ ID NO:18049
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:2026	SEQ ID NO:10038	SEQ ID NO:18050
iPS:435113	21-225_92E6	NA	AAGTCCAGTCAGAATATTTT ATCCAGCTCCACAATAAGA ACTACTTAACT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTTTAGTGTTCCT CCGACG
			SEQ ID NO:2027	SEQ ID NO:10039	SEQ ID NO:18051
		AA	KSSQNILSSSNNKNYLT	WTSTRES	QQYTSVPPT
			SEQ ID NO:2028	SEQ ID NO:10040	SEQ ID NO:18052
iPS:435115	21-225_77C5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2029	SEQ ID NO:10041	SEQ ID NO:18053
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:2030	SEQ ID NO:10042	SEQ ID NO:18054
iPS:435167	21-225_92F12	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGGTCCAACAATTACA ACTACTTAGCG	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC TCCGACG

【図４９－１７０】

FIGURE 49

	21-225_92F12	AA	SEQ ID NO:2031	SEQ ID NO:10043	SEQ ID NO:18055
			KSSQSVLHRSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:2032	SEQ ID NO:10044	SEQ ID NO:18056
iPS:435171	21-225_93C2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2033	SEQ ID NO:10045	SEQ ID NO:18057
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
			SEQ ID NO:2034	SEQ ID NO:10046	SEQ ID NO:18058
iPS:435177	21-225_93E4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2035	SEQ ID NO:10047	SEQ ID NO:18059
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHSDNSPWT
			SEQ ID NO:2036	SEQ ID NO:10048	SEQ ID NO:18060
iPS:435183	21-225_93F9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CCCT	CAGCAGTATGAAAGCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2037	SEQ ID NO:10049	SEQ ID NO:18061
		AA	RASQSVDSSYLA	GASSRAP	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:2038	SEQ ID NO:10050	SEQ ID NO:18062
iPS:435195	21-225_94D3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGGTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCATTATGATAGCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2039	SEQ ID NO:10051	SEQ ID NO:18063
		AA	RASQSVSSRYLA	GASSRAT	QHYDSSPWT
			SEQ ID NO:2040	SEQ ID NO:10052	SEQ ID NO:18064
iPS:435197	21-225_94F3	NA	CGGGCAAGTCAGGCCATTAG AGATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTCCAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
			SEQ ID NO:2041	SEQ ID NO:10053	SEQ ID NO:18065
		AA	RASQAIRDDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:2042	SEQ ID NO:10054	SEQ ID NO:18066

【図４９－１７１】

FIGURE 49

iPS:435203	21-225_75A7	NA	SEQ ID NO:2043	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTATA	TGGACATCTACCCGGGA ATCC TCCGACG
		AA	SEQ ID NO:2044	ACTACTTAGCT KSSQSVLHSSNNYNYLA	WTSTRES QQYYSSPPT
iPS:435209	21-225_75A10	NA	SEQ ID NO:2045	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT ACACAACTCCAACAATTACA	TGGGCATCTACCCGGAA ATCC TCCGACG
		AA	SEQ ID NO:2046	ACTACTTAACT KSSQSVLHSNNYNYLT	SEQ ID NO:10056 SEQ ID NO:10057 WASTRKS SEQ ID NO:10058
iPS:435211	21-225_94E11	NA	SEQ ID NO:2047	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCAGCTCCAACAATTATA ATTACTTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC
		AA	SEQ ID NO:2050	KSSQSVLFSSNNYNYLA	SEQ ID NO:10059 WASTRES SEQ ID NO:10060
iPS:435215	21-225_94E12	NA	SEQ ID NO:2048	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGGTCCAACAATTACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC
		AA	SEQ ID NO:2049	ACTACTTAGCG KSSQSVLHRSNNYNYLA	SEQ ID NO:10061 WASTRES SEQ ID NO:10062
iPS:435217	21-225_94F12	NA	SEQ ID NO:2051	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCG	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT
		AA	SEQ ID NO:2052	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10063 GASSRST SEQ ID NO:10064

FIGURE 49

iPS:435219	21-225_95D2	NA	SEQ ID NO:2053	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2054	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10065 GASSRAT SEQ ID NO:10066
iPS:435221	21-225_95G2	NA	SEQ ID NO:2055	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGT CAACAGCTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT GTGCAGT
		AA	SEQ ID NO:2056	RASMSVVNSLA	SEQ ID NO:10067 GASTRAT SEQ ID NO:10068
iPS:435227	21-225_95G4	NA	SEQ ID NO:2057	AAGTCCACCCAGAGTGTTTT ATTCAGATCCAACAATTATA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC TCTGACG
		AA	SEQ ID NO:2060	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10069 WASTRES SEQ ID NO:10070
iPS:435235	21-225_95F9	NA	SEQ ID NO:2059	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2060	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10071 GASSRST SEQ ID NO:10072
iPS:435237	21-225_95G9	NA	SEQ ID NO:2061	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCG	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2062	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10073 GASSRST SEQ ID NO:10074
iPS:435239	21-225_95H10	NA	SEQ ID NO:2063	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2064	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10075 GASSRAT SEQ ID NO:10076

【図４９－１７２】

FIGURE 49

iPS:435245	21-225_95E12	NA	SEQ ID NO:2064	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCACAGCTCCAACAATTGTA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC GTGCAGT
		AA	SEQ ID NO:2065	KSSQSVLYSSNNANYLA	SEQ ID NO:10077 WASTRES SEQ ID NO:10078
iPS:435247	21-225_96G1	NA	SEQ ID NO:2066	AGGGCCAGTCAGAGCGTTAG CAGCAGCTACTTAGCT	GGTGCATCCACCAGGGC CTCT GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:2067	RASQSVSSSYLA	SEQ ID NO:10079 GASTRAS SEQ ID NO:10080
iPS:435249	21-225_96J2	NA	SEQ ID NO:2069	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCTAATAAAAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCTGGGA ATCC GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2070	KSSQSVLHSSNKKNYLA	SEQ ID NO:10081 WASTWES SEQ ID NO:10082
iPS:435251	21-225_96A3	NA	SEQ ID NO:2071	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCACTTTGCAA AGT GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:2072	RASQGIRNDLG	SEQ ID NO:10083 AASTLQS SEQ ID NO:10084
iPS:435253	21-225_96A4	NA	SEQ ID NO:2073	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAATGATTTAGGC	GGTGTATCCAGTTTGCAA AGT ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:2074	RASQDIRNDLG	SEQ ID NO:10085 GVSSLQS SEQ ID NO:10086

【図４９－１７３】

FIGURE 49

iPS:435255	21-225_96D5	NA	SEQ ID NO:2075	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT GCACAGCTCCAACAATTATA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC ACCGACG
		AA	SEQ ID NO:2076	KSSQSVLYSSNSHNYLA	SEQ ID NO:10087 WASIRES SEQ ID NO:10088
iPS:435257	21-225_96H5	NA	SEQ ID NO:2077	AAATCCAGCCAGAGTGTTTT GTACAGCTCCAACAGTCACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTATCCGGGA ATCC GTGCAGT
		AA	SEQ ID NO:2078	KSSQSVLYSSNSHINYLA	SEQ ID NO:10089 QQYYSTPCS SEQ ID NO:10090
iPS:435259	21-225_96C6	NA	SEQ ID NO:2079	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCTTCCAGTTTGCAA AGT ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:2080	RASQGISNYLA	SEQ ID NO:10091 AASSLQS SEQ ID NO:10092
iPS:435267	21-225_96D10	NA	SEQ ID NO:2081	AAGTCCAGTCAGAATATTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGA ACTACTTAACT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC CCGACG
		AA	SEQ ID NO:2082	KSSQNILSSSNNKNYLT	SEQ ID NO:10093 WTSTRES SEQ ID NO:10094
iPS:435273	21-225_97A2	NA	SEQ ID NO:2083	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCATCCAGCCGGTC CACT GTGCAGG
		AA	SEQ ID NO:2084	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10095 GASSRST SEQ ID NO:10096

【図４９－１７４】

FIGURE 49

iPS:435203	21-225_75A7	NA	SEQ ID NO:2043	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC TCCGACG
		AA	SEQ ID NO:2044	KSSQSVLHSSNNYNYLA	WTSTRES QQYYSSPPT SEQ ID NO:10056
iPS:435209	21-225_75A10	NA	SEQ ID NO:2045	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAACTCCAACAATTACA ACTACTTAACT	TGGGCATCTACCCGGAA ATCC TCCGACG
		AA	SEQ ID NO:2046	KSSQSVLHNSNNYNYLT	SEQ ID NO:10057 WASTRKS SEQ ID NO:10058 QQYYSSPPT
iPS:435211	21-225_94E11	NA	SEQ ID NO:2047	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCAGCTCCAACAATTATA ATTACTTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC TCTGACG
		AA	SEQ ID NO:2050	KSSQSVLFSSNNYNYLA	SEQ ID NO:10059 WASTRES SEQ ID NO:10060 QQYYHSSPLT
iPS:435215	21-225_94E12	NA	SEQ ID NO:2048	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGGTCCAACAATTACA ACTACTTAGCG	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC TCCGACG
		AA	SEQ ID NO:2049	KSSQSVLHRSNNYNYLA	SEQ ID NO:10061 WASTRES SEQ ID NO:10062 QQYYSTPPT
iPS:435217	21-225_94F12	NA	SEQ ID NO:2051	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCG	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2052	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10063 GASSRST SEQ ID NO:10064 QHYDNSPWT

FIGURE 49

iPS:435219	21-225_95D2	NA	SEQ ID NO:2053	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2054	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10065 GASSRAT SEQ ID NO:10066 QHYDNSPWT
iPS:435221	21-225_95G2	NA	SEQ ID NO:2055	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGT CAACAGCTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT GTGCAGT
		AA	SEQ ID NO:2056	RASMSVVNSLA	SEQ ID NO:10067 GASTRAT SEQ ID NO:10068 QQYYNDWPCS
iPS:435227	21-225_95G4	NA	SEQ ID NO:2057	AAGTCCACCCAGAGTGTTTT ATTCAGATCCAACAATTATA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC TCTGACG
		AA	SEQ ID NO:2060	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10069 WASTRES SEQ ID NO:10070 QQYHSSPLT
iPS:435235	21-225_95F9	NA	SEQ ID NO:2059	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2060	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10071 GASSRST SEQ ID NO:10072 QHYDNSPWT
iPS:435237	21-225_95G9	NA	SEQ ID NO:2061	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCG	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2062	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10073 GASSRST SEQ ID NO:10074 QHYDNSPWT
iPS:435239	21-225_95H10	NA	SEQ ID NO:2063	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:2064	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10075 GASSRAT SEQ ID NO:10076 QHYDNSPWT

iPS:435245	21-225_95E12	NA	SEQ ID NO:2064	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCACAGCTCCAACAATTGTA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC GTGCAGT
		AA	SEQ ID NO:2065	KSSQSVLYSSNNANYLA	WASTRES SEQ ID NO:10077 QQYYSTPCS SEQ ID NO:10078
iPS:435247	21-225_96G1	NA	SEQ ID NO:2066	AGGGCCAGTCAGAGCGTTAG CAGCAGCTACTTAGCT	GGTGCATCCACCAGGGC CTCT GCTCACT SEQ ID NO:10079
		AA	SEQ ID NO:2067	RASQSVSSSYLA	GASTRAS SEQ ID NO:10080 QQYGNSPLT SEQ ID NO:10081
iPS:435249	21-225_96J2	NA	SEQ ID NO:2069	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCTAATAAAAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCTGGGA ATCC GTGGACG SEQ ID NO:10082
		AA	SEQ ID NO:2070	KSSQSVLHSSNKKNYLA	WASTWES QQYYRTPWT SEQ ID NO:10083
iPS:435251	21-225_96A3	NA	SEQ ID NO:2071	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCACTTTGCAA AGT GCTCACT SEQ ID NO:10084
		AA	SEQ ID NO:2072	RASQGIRNDLG	AASTLQS SEQ ID NO:10085 LQHSNYPLT SEQ ID NO:10086
iPS:435253	21-225_96A4	NA	SEQ ID NO:2073	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAATGATTTAGGC	GGTGTATCCAGTTTGCAA AGT ATTCACT SEQ ID NO:10087
		AA	SEQ ID NO:2074	RASQDIRNDLG	SEQ ID NO:10088 GVSSLQS SEQ ID NO:10089 LQHNDYPPT SEQ ID NO:10090

iPS:435255	21-225_96D5	NA	SEQ ID NO:2075	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT GCACAGCTCCAACAATTATA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC ACCGACG SEQ ID NO:10091
		AA	SEQ ID NO:2076	KSSQSVLYSSNSHNYLA	WASIRES QQYYSTPCS SEQ ID NO:10092
iPS:435257	21-225_96H5	NA	SEQ ID NO:2077	AAATCCAGCCAGAGTGTTTT GTACAGCTCCAACAGTCACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTATCCGGGA ATCC GTGCAGT SEQ ID NO:10093
		AA	SEQ ID NO:2078	KSSQSVLYSSNSHINYLA	WASIRES QQYYSTPCS SEQ ID NO:10094
iPS:435259	21-225_96C6	NA	SEQ ID NO:2079	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCTTCCAGTTTGCAA AGT ATTCACT SEQ ID NO:10095
		AA	SEQ ID NO:2080	RASQGISNYLA	AASSLQS SEQ ID NO:10096 HQYNDYPPT SEQ ID NO:10097
iPS:435267	21-225_96D10	NA	SEQ ID NO:2081	AAGTCCAGTCAGAATATTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGA ACTACTTAACT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC CCGACG SEQ ID NO:10098
		AA	SEQ ID NO:2082	KSSQNILSSSNNKNYLT	WTSTRES QQYPSVPPT SEQ ID NO:10099
iPS:435273	21-225_97A2	NA	SEQ ID NO:2083	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCATCCAGCCGGTC CACT GTGCAGG SEQ ID NO:10100
		AA	SEQ ID NO:2084	RASQSVYSSYLA	SEQ ID NO:10101 GASSRST SEQ ID NO:10102 QHSDNSPWT SEQ ID NO:10103

iPS:435203	21-225_75A7	NA	SEQ ID NO:2043	AAGTCCAGCCAGACTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTATA ACTACTTAGCT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC TCCGACG
		AA	SEQ ID NO:2044	KSSQSVLHSSNNYNYLA	WTSTRES QQYYSSPPT SEQ ID NO:10056
iPS:435209	21-225_75A10	NA	SEQ ID NO:2045	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAACTCCAACAATTACA ACTACTTAACT	TGGGCATCTACCCGGAA ATCC TCCGACG
		AA	SEQ ID NO:2046	KSSQSVLHNSNNYNYLT	WASTRKS QQYYSSPPT SEQ ID NO:10057
iPS:435211	21-225_94E11	NA	SEQ ID NO:2047	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCAGCTCCAACAATTATA ATTACTTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC TCTGACG SEQ ID NO:10058
		AA	SEQ ID NO:2050	KSSQSVLFSSNNYNYLA	WASTRES QQYYHSSPLT SEQ ID NO:10059
iPS:435215	21-225_94E12	NA	SEQ ID NO:2048	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGGTCCAACAATTACA ACTACTTAGCG	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC TCCGACG SEQ ID NO:10060
		AA	SEQ ID NO:2049	KSSQSVLHRSNNYNYLA	WASTRES QQYYSTPPT SEQ ID NO:10061
iPS:435217	21-225_94F12	NA	SEQ ID NO:2051	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCG	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT GTGGACG SEQ ID NO:10062
		AA	SEQ ID NO:2052	RASQSVYSSYLA	GASSRST QHYDNSPWT SEQ ID NO:10063

iPS:435219	21-225_95D2	NA	SEQ ID NO:2053	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT GTGGACG SEQ ID NO:10064
		AA	SEQ ID NO:2054	RASQSVYSSYLA	GASSRAT QHYDNSPWT SEQ ID NO:10065
iPS:435221	21-225_95G2	NA	SEQ ID NO:2055	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGT CAACAGCTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT GTGCAGT SEQ ID NO:10066
		AA	SEQ ID NO:2056	RASMSVVNSLA	GASTRAT QQYYNDWPCS SEQ ID NO:10067
iPS:435227	21-225_95G4	NA	SEQ ID NO:2057	AAGTCCACCCAGAGTGTTTT ATTCAGATCCAACAATTATA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC TCTGACG SEQ ID NO:10068
		AA	SEQ ID NO:2060	RASQSVYSSYLA	GASSRST QHYDNSPWT SEQ ID NO:10069
iPS:435235	21-225_95F9	NA	SEQ ID NO:2059	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT GTGGACG SEQ ID NO:10070
		AA	SEQ ID NO:2060	RASQSVYSSYLA	GASSRST QHYDNSPWT SEQ ID NO:10071
iPS:435237	21-225_95G9	NA	SEQ ID NO:2061	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCG	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT GTGGACG SEQ ID NO:10072
		AA	SEQ ID NO:2062	RASQSVYSSYLA	GASSRST QHYDNSPWT SEQ ID NO:10073
iPS:435239	21-225_95H10	NA	SEQ ID NO:2063	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT GTGGACG SEQ ID NO:10074
		AA	SEQ ID NO:2064	RASQSVYSSYLA	GASSRAT QHYDNSPWT SEQ ID NO:10075

iPS:435245	21-225_95E12	NA	SEQ ID NO:2064	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCACAGCTCCAACAATTGTA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC GTGCAGT SEQ ID NO:10076
		AA	SEQ ID NO:2065	KSSQSVLYSSNNANYLA	WASTRES QQYYSTPCS SEQ ID NO:10077 SEQ ID NO:10089
iPS:435247	21-225_96G1	NA	SEQ ID NO:2066	AGGGCCAGTCAGAGCGTTAG CAGCAGCTACTTAGCT	GGTGCATCCACCAGGGC CTCT GCTCACT SEQ ID NO:10078 SEQ ID NO:10090
		AA	SEQ ID NO:2067	RASQSVSSSYLA	SEQ ID NO:10079 GASTRAS SEQ ID NO:10080 QQYGNSPLT SEQ ID NO:10091
iPS:435249	21-225_96J2	NA	SEQ ID NO:2069	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCTAATAAAAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCTGGGA ATCC GTGGACG SEQ ID NO:10081 SEQ ID NO:10093
		AA	SEQ ID NO:2070	KSSQSVLHSSNKKNYLA	WASTWES QQYYRTPWT SEQ ID NO:10082 SEQ ID NO:10094
iPS:435251	21-225_96A3	NA	SEQ ID NO:2071	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCACTTTGCAA AGT GCTCACT SEQ ID NO:10083 SEQ ID NO:10095
		AA	SEQ ID NO:2072	RASQGIRNDLG	AASTLQS SEQ ID NO:10084 LQHSNYPLT SEQ ID NO:10096
iPS:435253	21-225_96A4	NA	SEQ ID NO:2073	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAATGATTTAGGC	GGTGTATCCAGTTTGCAA AGT ATTCACT SEQ ID NO:10085 SEQ ID NO:10097
		AA	SEQ ID NO:2074	RASQDIRNDLG	GVSSLQS SEQ ID NO:10086 LQHNDYPPT SEQ ID NO:10098

iPS:435255	21-225_96D5	NA	SEQ ID NO:2075	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT GCACAGCTCCAACAATTATA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC ACCGACG SEQ ID NO:10087 SEQ ID NO:10099
		AA	SEQ ID NO:2076	KSSQSVLYSSNSHNYLA	WASIRES QQYYSTPCS SEQ ID NO:10088 SEQ ID NO:10100
iPS:435257	21-225_96H5	NA	SEQ ID NO:2077	AAATCCAGCCAGAGTGTTTT GTACAGCTCCAACAGTCACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTATCCGGGA ATCC GTGCAGT SEQ ID NO:10089 SEQ ID NO:10101
		AA	SEQ ID NO:2078	KSSQSVLYSSNSHINYLA	WASIRES QQYYSTPCS SEQ ID NO:10090 SEQ ID NO:10102
iPS:435259	21-225_96C6	NA	SEQ ID NO:2079	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCTTCCAGTTTGCAA AGT ATTCACT SEQ ID NO:10091 SEQ ID NO:10103
		AA	SEQ ID NO:2080	RASQGISNYLA	AASSLQS SEQ ID NO:10092 HQYNDYPPT SEQ ID NO:10104
iPS:435267	21-225_96D10	NA	SEQ ID NO:2081	AAGTCCAGTCAGAATATTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGA ACTACTTAACT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC CCGACG SEQ ID NO:10105
		AA	SEQ ID NO:2082	KSSQNILSSSNNKNYLT	WTSTRES QQYPSVPPT SEQ ID NO:10106
iPS:435273	21-225_97A2	NA	SEQ ID NO:2083	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCATCCAGCCGGTC CACT GTGCAGG SEQ ID NO:10107
		AA	SEQ ID NO:2084	RASQSVYSSYLA	GASSRST QHSDNSPWT SEQ ID NO:10095 SEQ ID NO:10108

【図４９－１７５】

FIGURE 49

iPS:435279	21-225_97H4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACACCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCACTACAATGATACTCC ATGGAAG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2085	SEQ ID NO:10097	SEQ ID NO:18109
		AA	KSSQSVLYTSNNNNYLA	WASTRES	QHYNDTPWK
			SEQ ID NO:2086	SEQ ID NO:10098	SEQ ID NO:18110
iPS:435281	21-225_97E5	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGTCAATTATAGTCTACC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTCTGATAAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2087	SEQ ID NO:10099	SEQ ID NO:18111
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHSDSPWT
			SEQ ID NO:2088	SEQ ID NO:10100	SEQ ID NO:18112
iPS:435291	21-225_146E1	NA	CGGGCAAGTCAGGGTATTAA AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA ATTCACT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2089	SEQ ID NO:10101	SEQ ID NO:18113
		AA	RASQGINNWLV	AASSLQS	QQANSFPFT
			SEQ ID NO:2090	SEQ ID NO:10102	SEQ ID NO:18114
iPS:435293	21-225_146F1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTTCAGCATAGTACTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2091	SEQ ID NO:10103	SEQ ID NO:18115
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSTYPLT
			SEQ ID NO:2092	SEQ ID NO:10104	SEQ ID NO:18116
iPS:435295	21-225_146H1	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG CGACTATTTAAAT	ACTACATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTACCCC CACT
			SEQ ID NO:2093	SEQ ID NO:10105	SEQ ID NO:18117
		AA	RASQSISDYLN	TTSSLQS	QQSYSTPT
			SEQ ID NO:2094	SEQ ID NO:10106	SEQ ID NO:18118
iPS:435297	21-225_146B3	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT AAATGTTTCCAACCGGTTC ATTTGTAT	GAAGTTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTTATACAGCTTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2095	SEQ ID NO:10107	SEQ ID NO:18119

【図４９－１７６】

FIGURE 49

	21-225_146D4	AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2096	SEQ ID NO:10108	SEQ ID NO:18120
iPS:435299		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:2097	SEQ ID NO:10109	SEQ ID NO:18121
		AA	KSSQSVLYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:2098	SEQ ID NO:10110	SEQ ID NO:18122
iPS:435301	21-225_146G4	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTAT CAGCAGCTATTTAGCC	GGTGTATCTAGTCGGGC CACT	CAACAATATGGTAGGTCACC ATTCAAT
			SEQ ID NO:2099	SEQ ID NO:10111	SEQ ID NO:18123
		AA	RASQNIISSYLA	GVSSRAT	QQYGRSPPN
			SEQ ID NO:2100	SEQ ID NO:10112	SEQ ID NO:18124
iPS:435303	21-225_146A6	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAACTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA GGT	CAACAGACTGACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2101	SEQ ID NO:10113	SEQ ID NO:18125
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQG	QQTDSFPFT
			SEQ ID NO:2102	SEQ ID NO:10114	SEQ ID NO:18126
iPS:435305	21-225_146C9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTATA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGAA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:2103	SEQ ID NO:10115	SEQ ID NO:18127
		AA	KSSQSVLHSSNNNYLA	WASTRKS	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:2104	SEQ ID NO:10116	SEQ ID NO:18128
iPS:435307	21-225_146E9	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG CGACTATTTAAAT	ACTACATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTACCCC CACT
			SEQ ID NO:2105	SEQ ID NO:10117	SEQ ID NO:18129
		AA	RASQSISDYLN	TTSSLQS	QQSYSTPT
			SEQ ID NO:2106	SEQ ID NO:10118	SEQ ID NO:18130

【図４９－１７７】

FIGURE 49

iPS:435309	21-225_146F9	NA	AAGTCCAGCCAGAATATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATACTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:2107	SEQ ID NO:10119	SEQ ID NO:18131
		AA	KSSQNILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYTTPCS
			SEQ ID NO:2108	SEQ ID NO:10120	SEQ ID NO:18132
iPS:435311	21-225_146H9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAAATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2109	SEQ ID NO:10121	SEQ ID NO:18133
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:2110	SEQ ID NO:10122	SEQ ID NO:18134
iPS:435313	21-225_146G11	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAATAATTTTGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTCCAACATGATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2111	SEQ ID NO:10123	SEQ ID NO:18135
		AA	RASQDIRNNFG	AASSLQS	LQHDSYPLT
			SEQ ID NO:2112	SEQ ID NO:10124	SEQ ID NO:18136
iPS:435315	21-225_147B2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAGTGAAGGAAAGACC TATTTGTAT	GAAGTTTCCCACCGGGT CTCT	ATGCAAAGTACACAGTTTCC TCCCACT
			SEQ ID NO:2113	SEQ ID NO:10125	SEQ ID NO:18137
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSHRVS	MQSTQFPPT
			SEQ ID NO:2114	SEQ ID NO:10126	SEQ ID NO:18138
iPS:435317	21-225_147D2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGG CAGCAGTCACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTAATGGTAGCTTATT GTGGACG
			SEQ ID NO:2115	SEQ ID NO:10127	SEQ ID NO:18139
		AA	RASQSVGSSYLA	GASSRAT	QQYGSLFT
			SEQ ID NO:2116	SEQ ID NO:10128	SEQ ID NO:18140
iPS:435319	21-225_147E3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAT CAGTAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAACAATAGTGGTAGGTCACC ATTCAAT
			SEQ ID NO:2117	SEQ ID NO:10129	SEQ ID NO:18141

【図４９－１７８】

FIGURE 49

	21-225_147E4	AA	RASQSVISSYLA	GASSRAT	QQYGRSPFN
			SEQ ID NO:2118	SEQ ID NO:10130	SEQ ID NO:18142
iPS:435321		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC ATCCCACT
			SEQ ID NO:2119	SEQ ID NO:10131	SEQ ID NO:18143
		AA	KSSQSVLHSSNNTYNYLA	WASTRES	QQYYSTPST
			SEQ ID NO:2120	SEQ ID NO:10132	SEQ ID NO:18144
iPS:435323	21-225_147D5	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CATCCAATATTATAGTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:2121	SEQ ID NO:10133	SEQ ID NO:18145
		AA	KSSQSVLYSSNNNNYLA	WASTRES	HQYYSTPCS
			SEQ ID NO:2122	SEQ ID NO:10134	SEQ ID NO:18146
iPS:435325	21-225_147G6	NA	CGGGCAAGTCGGGGCATTAG AGATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAG AGT	CTACAGCATTATAGTTATCC TCCGACG
			SEQ ID NO:2123	SEQ ID NO:10135	SEQ ID NO:18147
		AA	RASRGIRDDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:2124	SEQ ID NO:10136	SEQ ID NO:18148
iPS:435327	21-225_147G7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCAACAGTAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTGCCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATACTACTCC TCCCACT
			SEQ ID NO:2125	SEQ ID NO:10137	SEQ ID NO:18149
		AA	KSSQSVLYSSNSNNYLA	WASARES	QQYYTTPPT
			SEQ ID NO:2126	SEQ ID NO:10138	SEQ ID NO:18150
iPS:435329	21-225_147A8	NA	AAGACTAGTCAGAGCCTCCT GCATAGTGAAGGAAAGACC TATTTGTAT	GAAGTTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGCTAAT CACC
			SEQ ID NO:2127	SEQ ID NO:10139	SEQ ID NO:18151
		AA	KTSQSLLHSEGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLIT

【図４９－１７９】

FIGURE 49

					SEQ ID NO:2128	SEQ ID NO:10140	SEQ ID NO:18152
iPS:435331	21-225_147G8	NA	AGGGCCAGTCAGAGAATTTT	GGTGCATCCAGCAGGGC	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGATAGCTCACC	
			CAGGAACTACTTAGGCC	CACT	CACT	GTGGACG	
			SEQ ID NO:2129	SEQ ID NO:10141	SEQ ID NO:18153		
		AA	RASQRIFSNYLA	GASSRAT	GASSRAT	QQYTDSSPWT	
			SEQ ID NO:2130	SEQ ID NO:10142	SEQ ID NO:18154		
iPS:435333	21-225_147T9	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC	
			CAATTATTTAGCCC	AGT	AGT	TCTCACT	
			SEQ ID NO:2131	SEQ ID NO:10143	SEQ ID NO:18155		
		AA	RASQDDNNYLA	AASSLQS	AASSLQS	QQYNSYPLT	
			SEQ ID NO:2132	SEQ ID NO:10144	SEQ ID NO:18156		
iPS:435335	21-225_147D10	NA	CGGGCGAGTCAGAATATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC	
			CAACTGGTTAACC	AGT	ATTCACT		
			SEQ ID NO:2133	SEQ ID NO:10145	SEQ ID NO:18157		
		AA	RASQNISNWLT	AASSLQS	QQTDSPPFT		
			SEQ ID NO:2134	SEQ ID NO:10146	SEQ ID NO:18158		
iPS:435339	21-225_147D12	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC		
			CAACTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT		
			SEQ ID NO:2135	SEQ ID NO:10147	SEQ ID NO:18159		
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQTDSPPFT		
			SEQ ID NO:2136	SEQ ID NO:10148	SEQ ID NO:18160		
iPS:435341	21-225_148B2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGGTC	GAAGTTTCCCACCGGGTC	ATGCAAAGTATACAGATTCC	
			GCATGGTGATGGAAAGACC	TCT	GTGGACG		
			ATTTTTAT				
		AA	KSSQSLLHGDGKTYFY	EVSHRFS	MQSIQPWT		
			SEQ ID NO:2137	SEQ ID NO:10149	SEQ ID NO:18161		
		AA	KSSQSLLHSSNNYNYLA	WASTRDS	QQYYSTPFT		
			SEQ ID NO:2138	SEQ ID NO:10150	SEQ ID NO:18162		
iPS:435343	21-225_148E2	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC		
			CAACTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT		
			SEQ ID NO:2139	SEQ ID NO:10151	SEQ ID NO:18163		

【図４９－１８０】

FIGURE 49

		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQTDSPPFT		
			SEQ ID NO:2140	SEQ ID NO:10152	SEQ ID NO:18164		
iPS:435345	21-225_148G3	NA	AAGTCCAGCCAACGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC		
			ACACAGCTCCCAACAATTATA	TTCC	ATTCACT		
			ACTACTTAGCT				
		AA	KSSQRVLHSSNNYNYLA	WASTRDS	QQYYSTPFT		
			SEQ ID NO:2141	SEQ ID NO:10153	SEQ ID NO:18165		
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQTDSPPFT		
			SEQ ID NO:2142	SEQ ID NO:10154	SEQ ID NO:18166		
iPS:435347	21-225_148C4	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAT	ACTGCATCCAGTTTACAG	CAACAGAGTTACAGTACCCC		
			CAACTATTTAAAT	AGT	CACT		
			SEQ ID NO:2143	SEQ ID NO:10155	SEQ ID NO:18167		
		AA	RASQSIINYLN	TASSLQS	QQSYSTPT		
			SEQ ID NO:2144	SEQ ID NO:10156	SEQ ID NO:18168		
iPS:435349	21-225_148F5	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCTACCGGGTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC		
			GCATAGTGAAGGAAAGACC	TCT	GCTCACT		
			TATTTGTAT				
			SEQ ID NO:2145	SEQ ID NO:10157	SEQ ID NO:18169		
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSYRVS	MQSIQLPLT		
			SEQ ID NO:2146	SEQ ID NO:10158	SEQ ID NO:18170		
iPS:435351	21-225_148B6	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTTCCC		
			CAAATATTTAGCC	AGT	ATTCACT		
			SEQ ID NO:2147	SEQ ID NO:10159	SEQ ID NO:18171		
		AA	RASQGISKYLA	AASSLQS	QQYNSPPFT		
			SEQ ID NO:2148	SEQ ID NO:10160	SEQ ID NO:18172		
iPS:435353	21-225_148F8	NA	AAGTCCAGCCAGAGTCGTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTATTCC		
			ACACAGCTCCCAACAATTAGA	ATCC	TCCGACG		
			SEQ ID NO:2149	SEQ ID NO:10161	SEQ ID NO:18173		
		AA	KSSQSLLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT		
			SEQ ID NO:2150	SEQ ID NO:10162	SEQ ID NO:18174		

【図４９－１８１】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:2151	SEQ ID NO:10163	SEQ ID NO:18175		
		AA	RASQSISNYLN	IASSLQS	QQSYSTPT		
			SEQ ID NO:2152	SEQ ID NO:10164	SEQ ID NO:18176		
iPS:435357	21-225_148G10	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC		
			GCATGGTGATGGAAAGACC	TCT	GTGGACG		
			ATTTGTAT				
			SEQ ID NO:2153	SEQ ID NO:10165	SEQ ID NO:18177		
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT		
			SEQ ID NO:2154	SEQ ID NO:10166	SEQ ID NO:18178		
iPS:435359	21-225_148H10	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCTACCGGGTC	ATGCAGAGTATACAGCTTCC		
			GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT	GCTCACT		
			TATTTGTAT				
			SEQ ID NO:2155	SEQ ID NO:10167	SEQ ID NO:18179		
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSYRVS	MQSIQLPLT		
			SEQ ID NO:2156	SEQ ID NO:10168	SEQ ID NO:18180		
iPS:435361	21-225_148E11	NA	CGGGCAAGTCAGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATCGTAATTACCC		
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT		
			SEQ ID NO:2157	SEQ ID NO:10169	SEQ ID NO:18181		
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT		
			SEQ ID NO:2158	SEQ ID NO:10170	SEQ ID NO:18182		
iPS:435363	21-225_148F12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC		
			AAATGCCTTAGGC	AGT	TCTCATT		
			SEQ ID NO:2159	SEQ ID NO:10171	SEQ ID NO:18183		
		AA	RASQGIRNALG	AASSLQS	LQHNSYPLI		
			SEQ ID NO:2160	SEQ ID NO:10172	SEQ ID NO:18184		
iPS:435365	21-225_149F1	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGATTCC		
			GCATGGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG		
			ATTTTTAT				

【図４９－１８２】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:2161	SEQ ID NO:10173	SEQ ID NO:18185		
	21-225_149F1	AA	KSSQSLLHGDGKTYFY	EVSHRFS	MQSIQPWT		
			SEQ ID NO:2162	SEQ ID NO:10174	SEQ ID NO:18186		
iPS:435367	21-225_149G1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAATTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC		
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT		
			SEQ ID NO:2163	SEQ ID NO:10175	SEQ ID NO:18187		
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT		
			SEQ ID NO:2164	SEQ ID NO:10176	SEQ ID NO:18188		
iPS:435369	21-225_149A2	NA	AAGTCCAGCCAACGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC		
			ATACAGTCCCAACAATTAACA	ATCC	GTGCAGT		
			ACTACTTAGCT				
			SEQ ID NO:2165	SEQ ID NO:10177	SEQ ID NO:18189		
		AA	KSSQSVLYSPNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPCS		
			SEQ ID NO:2166	SEQ ID NO:10178	SEQ ID NO:18190		
iPS:435371	21-225_149A3	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC		
			CAGTTATTTAAAT	AGT	CACT		
			SEQ ID NO:2167	SEQ ID NO:10179	SEQ ID NO:18191		
		AA	RASQSISSYLN	TASSLQS	QQSYSIPT		
			SEQ ID NO:2168	SEQ ID NO:10180	SEQ ID NO:18192		
iPS:435373	21-225_149E3	NA	AAGTCCAGCCAGACTGTTT	TGGGCATCTACCCTGAG	CAGCAATATTATAGTACTCC		
			ACACAACTCCAATAATCACA	ATCC	TCCGACG		
			ATTACTTTGCT				
			SEQ ID NO:2169	SEQ ID NO:10181	SEQ ID NO:18193		
		AA	KSSQTVLHNSNNHNYFA	WASTLRS	QQYYSTPPT		
			SEQ ID NO:2170	SEQ ID NO:10182	SEQ ID NO:18194		
iPS:435375	21-225_149H4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGTCATCTACCCGGGA	CACCAATATTATAGTTATCC		
			ATCCAGCTCCAACGATAACA	ATCC	TCCGACG		
			ACTACTTAGCT				
			SEQ ID NO:2171	SEQ ID NO:10183	SEQ ID NO:18195		
		AA	KSSQSVLSSNNDNNYLA	WASTRES	HQYYSYPPT		

【図４９－１８３】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:2172	SEQ ID NO:10184	SEQ ID NO:18196
iPS:435377		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
	21-225_149G5		AAATGCCTTAGGC	AGT	TCTCACT
		AA	TASQGIRNALG	AASSLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:2173	SEQ ID NO:10185	SEQ ID NO:18197
iPS:435379		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAT	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGGGTAACAGTTTCCC
	21-225_149B6		CAGTTGTGTTAGCCC	AGT	ATTCACT
		AA	RASQGIISWLA	AASSLQS	SEQ ID NO:18199
			SEQ ID NO:2176	SEQ ID NO:10188	SEQ ID NO:18200
iPS:435381		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC
	21-225_149C6		CAACTGGTTAGCCC	GGT	ATTCACT
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQG	QQTDSPPPT
			SEQ ID NO:2178	SEQ ID NO:10190	SEQ ID NO:18202
iPS:435383		NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAT	GGTGTATCTAGTAGGGC	CAACAATATGGTCGGTCACC
	21-225_149D7		CAGCAACTACTTAGCCC	CACT	ATTCAAT
		AA	RASQSIISNYLA	GVSSRAT	QQYGRSPFN
			SEQ ID NO:2180	SEQ ID NO:10192	SEQ ID NO:18204
iPS:435391		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC
	21-225_149F8		CAACTGGTTAGCCC	AGT	ATTCACT
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQTDSPPPT
			SEQ ID NO:2182	SEQ ID NO:10194	SEQ ID NO:18206
iPS:435393		NA	CGGGCAAGTCGGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAGG	CTACAGCATTATAGTTATCC
	21-225_149D10		AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
		AA	RASRGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT

【図４９－１８４】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:2184	SEQ ID NO:10196	SEQ ID NO:18208
iPS:435395		NA	CGGGCGAGTCAGAATATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC
	21-225_149D11		CAACTGGTTAACC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2185	SEQ ID NO:10197	SEQ ID NO:18209
		AA	RASQNISNWLT	AASSLQS	QQTDSFPPT
			SEQ ID NO:2186	SEQ ID NO:10198	SEQ ID NO:18210
iPS:435397		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAATTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
	21-225_149F12		AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2187	SEQ ID NO:10199	SEQ ID NO:18211
		AA	RASQGIRNDLG	AASNLQS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:2188	SEQ ID NO:10200	SEQ ID NO:18212
iPS:435399		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTTAGTACTCC
	21-225_150D2		ATACAGATCCAACAGTAAGA	ATCC	GTACAAT
			AATACTTTAACT		
			SEQ ID NO:2189	SEQ ID NO:10201	SEQ ID NO:18213
		AA	KSSQSVLYRSNSKKYLT	WASTRKS	QQYFSTPYN
			SEQ ID NO:2190	SEQ ID NO:10202	SEQ ID NO:18214
iPS:435401		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAACATTATAGTTTCCC
	21-225_150E2		AAATGATTTAGGC	AGT	GTACAGT
			SEQ ID NO:2191	SEQ ID NO:10203	SEQ ID NO:18215
		AA	RASQGIGNDLG	AASSLQS	LQHYSFPYS
			SEQ ID NO:2192	SEQ ID NO:10204	SEQ ID NO:18216
iPS:435403		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC
	21-225_150C5		CAACTGGTTAGCCC	GGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2193	SEQ ID NO:10205	SEQ ID NO:18217
		AA	RASQGINNWLA	AASSLQG	QQTDSFPPT
			SEQ ID NO:2194	SEQ ID NO:10206	SEQ ID NO:18218
iPS:435405	21-225_150B7	NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTACTCC
			ATACAGCTCCCACAATAACA	ATCC	ATTCACT
			ACTACTTAGCT		

【図４９－１８５】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:2195	SEQ ID NO:10207	SEQ ID NO:18219
	21-225_150B7	AA	KSSQNVLYSSINNNYLA	WASTRKS	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:2196	SEQ ID NO:10208	SEQ ID NO:18220
iPS:435407		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAATTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
	21-225_150E7		AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
		AA	RASQGIRNDLG	AASNLQS	SEQ ID NO:18221
			SEQ ID NO:2197	SEQ ID NO:10209	LQHNSYPLT
iPS:435409		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAATTACCC
	21-225_150G8		CCATTATTTAGCC	AAT	GCTCACT
		AA	RASQGISHYLA	VASSLQN	QQYNNYPLT
			SEQ ID NO:2199	SEQ ID NO:10211	SEQ ID NO:18223
iPS:435413		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCGT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
	21-225_150B11		GCATCGGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2201	SEQ ID NO:10213	SEQ ID NO:18225
		AA	KSSQSLVHDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2202	SEQ ID NO:10214	SEQ ID NO:18226
iPS:435415		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	ACTGCCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTATTTA
	21-225_150C11		CAGCTATTTAAAT	CACT	
		AA	RASQSISSYLN	TASSLQS	QQSYSDYT
			SEQ ID NO:2203	SEQ ID NO:10215	SEQ ID NO:18227
iPS:435417		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCTACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
	21-225_150D11		GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT	GCTCACT
			TATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2205	SEQ ID NO:10217	SEQ ID NO:18229
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSYRFS	MQGIQLPLT
			SEQ ID NO:2206	SEQ ID NO:10218	SEQ ID NO:18230

【図４９－１８６】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:2207	SEQ ID NO:10219	SEQ ID NO:18231
	21-225_150C12	AA	RASQSISDYLN	TTSSLQS	QQSFSTPT
			SEQ ID NO:2208	SEQ ID NO:10220	SEQ ID NO:18232
iPS:435421		NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAA	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAATGACTGGCC
	21-225_151F1		CATCAATATAGCC	CACT	TCCGTGGACG
			SEQ ID NO:2209	SEQ ID NO:10221	SEQ ID NO:18233
		AA	RASQSINNNLA	GASTRAT	QQYNDWPPWT
			SEQ ID NO:2210	SEQ ID NO:10222	SEQ ID NO:18234
iPS:435423		NA	AAGTCTAGTCAGCGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGGTTCC
	21-225_151G5		GCATCGGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2211	SEQ ID NO:10223	SEQ ID NO:18235
		AA	KSSQRLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQVPWT
			SEQ ID NO:2212	SEQ ID NO:10224	SEQ ID NO:18236
iPS:435425		NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGGA	CAACAGAGTTACAGTACCCC
	21-225_151B12		CAACTTTTTAAAT	AAGT	CACT
		AA	RASQSISNFLN	TASSLES	QQSYSTPT
			SEQ ID NO:2214	SEQ ID NO:10226	SEQ ID NO:18238
iPS:435427		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GATGCATCCAGGTTGCA	CATCAGTATAAACATTACCC
	21-225_151C9		CAAGTATTTAGCC	AAGT	GATCACC
			SEQ ID NO:2215	SEQ ID NO:10227	SEQ ID NO:18239
		AA	RASQSISKYLA	DASRLQS	HQYKEIWPPT
			SEQ ID NO:2216	SEQ ID NO:10228	SEQ ID NO:18240
iPS:435429		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGATTCC
	21-225_151A10		GCATCGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2217	SEQ ID NO:10229	SEQ ID NO:18241

【図４９－１８７】

FIGURE 49

		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSHQPWT	
			SEQ ID NO:2240	SEQ ID NO:10252	SEQ ID NO:18264	
iPS:435453	21-225_152G10	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC	
			CAACTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:2241	SEQ ID NO:10253	SEQ ID NO:18265	
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQYDSFPPT	
			SEQ ID NO:2242	SEQ ID NO:10254	SEQ ID NO:18266	
iPS:435455	21-225_152H11	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	ACTACATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	
			CGACTATTTAAAT	AGT	CACT	
			SEQ ID NO:2243	SEQ ID NO:10255	SEQ ID NO:18267	
		AA	RASQSISDYLN	TTSSLQS	QQSYSTPT	
			SEQ ID NO:2244	SEQ ID NO:10256	SEQ ID NO:18268	
iPS:435457	21-225_152C11	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGATTCC	
			GCATGGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG	
			ATTTATAT			
		AA	KSSQSLLHSDGKTYLY	EVSNRFS	MQSHQDWT	
			SEQ ID NO:2245	SEQ ID NO:10257	SEQ ID NO:18269	
iPS:435459	21-225_152H12	NA	ACGTCCAGCCAGAGTATTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAACAATATTATAGTGTCC	
			ACACAGCTCCAATAATACA	ATCC	GTGCAGT	
			ACTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:2247	SEQ ID NO:10259	SEQ ID NO:18271	
		AA	TSSQSLLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSGPCS	
			SEQ ID NO:2248	SEQ ID NO:10260	SEQ ID NO:18272	
iPS:435461	21-225_153A1	NA	CGGGCGAGTCAGGTCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCGA	CAACAGTATCATAGTTACCC	
			CAACTATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:2249	SEQ ID NO:10261	SEQ ID NO:18273	
		AA	RASQVISNYLA	AASSLRS	QQYHSTPFT	
			SEQ ID NO:2250	SEQ ID NO:10262	SEQ ID NO:18274	

		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSHRFS	MQSHQPWT	
			SEQ ID NO:2218	SEQ ID NO:10230	SEQ ID NO:18242	
iPS:435431	21-225_152D2	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	ACTACATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	
			CGACTATTTAAAT	AGT	CACT	
			SEQ ID NO:2219	SEQ ID NO:10231	SEQ ID NO:18243	
		AA	RASQGISSDYLN	TTSSLQS	QQSYSTPT	
			SEQ ID NO:2220	SEQ ID NO:10232	SEQ ID NO:18244	
iPS:435433	21-225_152E3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTACAGTACTCC	
			ACACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	ATTCACT	
			ACTACTTAGTT			
			SEQ ID NO:2221	SEQ ID NO:10233	SEQ ID NO:18245	
		AA	KSSQSLLHSSNNYNYLV	WASTRES	QQYYSTPPT	
			SEQ ID NO:2222	SEQ ID NO:10234	SEQ ID NO:18246	
iPS:435435	21-225_152H3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTACTCC	
			GCACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	GTGCAGT	
			ACTACTTAACT			
			SEQ ID NO:2223	SEQ ID NO:10235	SEQ ID NO:18247	
		AA	KSSQSVLYSSNNYNYLT	WASTRKS	QQYYSTPCS	
			SEQ ID NO:2224	SEQ ID NO:10236	SEQ ID NO:18248	
iPS:435437	21-225_152F4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTAT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTTTAATACTCC	
			ATACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCCACT	
			ACTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:2225	SEQ ID NO:10237	SEQ ID NO:18249	
		AA	KSSQSVLYSSNNYNYLA	WASTRKS	QQYFNTPPT	
			SEQ ID NO:2226	SEQ ID NO:10238	SEQ ID NO:18250	
iPS:435439	21-225_152G4	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	ACTACATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTACCCC	
			CGACTATTTAAAT	AGT	CACT	
			SEQ ID NO:2227	SEQ ID NO:10239	SEQ ID NO:18251	
		AA	RASQSISDYLN	TTSSLQS	QQSYSTPT	
			SEQ ID NO:2228	SEQ ID NO:10240	SEQ ID NO:18252	

【図４９－１８８】

FIGURE 49

		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCG	GAAATTTCCAAGCGGTT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC	
			GCATGGTGATGGAAAGACCT	CACT	GTGGACG	
			ATTTGACT			
	21-225_152F6		SEQ ID NO:2229	SEQ ID NO:10241	SEQ ID NO:18253	
		AA	KSSQSLRHGDGKTYLT	EISKRFT	MQSHQVPWT	
			SEQ ID NO:2230	SEQ ID NO:10242	SEQ ID NO:18254	
iPS:435443	21-225_152E7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAT	GGTGTATCTAGTAGGGC	CAACAATATGGTAGGTCACC	
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	ATTCAAT	
		AA	RASQSVISSYLA	GVSSRAT	QQYGRSPPN	
			SEQ ID NO:2231	SEQ ID NO:10243	SEQ ID NO:18255	
iPS:435445	21-225_152H7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTACATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAAATTCCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTACAGT	
			SEQ ID NO:2233	SEQ ID NO:10245	SEQ ID NO:18257	
		AA	RASQGIRNDLG	ATSSLQS	LQHYNFPYS	
			SEQ ID NO:2234	SEQ ID NO:10246	SEQ ID NO:18258	
iPS:435447	21-225_152H7	NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTGACAGTTTCCC	
			CAACTGGTTAGCC	GGT	ATTCACT	
			SEQ ID NO:2235	SEQ ID NO:10247	SEQ ID NO:18259	
		AA	RASQDISNWLA	AASSLQG	QQTDSFPPT	
			SEQ ID NO:2236	SEQ ID NO:10248	SEQ ID NO:18260	
iPS:435449	21-225_152H9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAGTAATTACCC	
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT	
			SEQ ID NO:2237	SEQ ID NO:10249	SEQ ID NO:18261	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSNYPLT	
			SEQ ID NO:2238	SEQ ID NO:10250	SEQ ID NO:18262	
iPS:435451	21-225_152D10	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATCGTAGTCC	
			ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC	TAGT	
			ACTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:2239	SEQ ID NO:10251	SEQ ID NO:18263	

【図４９－１８９】

FIGURE 49

		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCG	GAAGTTTCCAAGCGGTT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC	
			GCATGGTGATGGAAAGACCT	CACT	GTGGACG	
			ATTTGACT			
	21-225_153D2		SEQ ID NO:2251	SEQ ID NO:10263	SEQ ID NO:18275	
		AA	KSSQSLRHGDGKTYLT	EVSKRFT	MQSHQVPWT	
			SEQ ID NO:2252	SEQ ID NO:10264	SEQ ID NO:18276	
iPS:435465	21-225_153A6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAT	GGTGTATCTAGTAGGGC	CAACAATATGGTAGGTCACC	
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	ATTCAAT	
		AA	RASQSVISSYLA	GVSSRAT	QQYGRSPPN	
			SEQ ID NO:2253	SEQ ID NO:10265	SEQ ID NO:18277	
iPS:435467	21-225_153H9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATAATCGTAGTCT	
			ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATTT	TAGT	
			ACTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:2255	SEQ ID NO:10267	SEQ ID NO:18279	
		AA	KSSQSVLYSSNNKNYLA	WASTREF	QQYNRSLS	
			SEQ ID NO:2256	SEQ ID NO:10268	SEQ ID NO:18280	
iPS:435469	21-225_153G9	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAATATAAAGTATCC	
			GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT	GCTCACT	
			ATTTGTAT			
			SEQ ID NO:2257	SEQ ID NO:10269	SEQ ID NO:18281	
		AA	KSSQSLLHSDGKTYLY	EVSNRFS	MQNIKYPLT	
			SEQ ID NO:2258	SEQ ID NO:10270	SEQ ID NO:18282	
iPS:435471	21-225_153F11	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTACTCC	
			ATACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	GTGCAGT	
			AGTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:2259	SEQ ID NO:10271	SEQ ID NO:18283	
		AA	KSSQSVLYSSNNHYKYLA	WASTRKS	QQYYSTPCS	
			SEQ ID NO:2260	SEQ ID NO:10272	SEQ ID NO:18284	

【図４９－１９０】

FIGURE 49

		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCG	GAAATTTCCAAGCGGTT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC	
			GCATGGTGATGGAAAGACCT	CACT	GTGGACG	
			ATTTGACT			
	21-225_153D2		SEQ ID NO:2261	SEQ ID NO:10273	SEQ ID NO:18285	
		AA	KSSQSLRHGDGKTYLT	EVSKRFT	MQSHQVPWT	
			SEQ ID NO:2262	SEQ ID NO:10274	SEQ ID NO:18286	
iPS:435475	21-225_153A6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAT	GGTGTATCTAGTAGGGC	CAACAATATGGTAGGTCACC	
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	ATTCAAT	
		AA	RASQSVISSYLA	GVSSRAT	QQYGRSPPN	
			SEQ ID NO:2263	SEQ ID NO:10275	SEQ ID NO:18287	
iPS:435477	21-225_153H9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATAATCGTAGTCT	
			ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATTT	TAGT	
			ACTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:2265	SEQ ID NO:10277	SEQ ID NO:18289	
		AA	KSSQSVLYSSNNKNYLA	WASTREF	QQYNRSLS	
			SEQ ID NO:2266	SEQ ID NO:10278	SEQ ID NO:18290	
iPS:435479	21-225_153G9	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAATATAAAGTATCC	
			GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT	GCTCACT	
			ATTTGTAT			
			SEQ ID NO:2267	SEQ ID NO:10279	SEQ ID NO:18291	
		AA	KSSQSLLHSDGKTYLY	EVSNRFS	MQNIKYPLT	
			SEQ ID NO:2268	SEQ ID NO:10280	SEQ ID NO:18292	
iPS:435481	21-225_153F11	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTACTCC	
			ATACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	GTGCAGT	
			AGTACTTAGCT			
			SEQ ID NO:2269	SEQ ID NO:10281	SEQ ID NO:18293	
		AA	KSSQSVLYSSNNHYKYLA	WASTRKS	QQYYSTPCS	
			SEQ ID NO:2270	SEQ ID NO:10282	SEQ ID NO:18294	

【図４９－１９１】

FIGURE 49

iPS:435475	21-225_154H6	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGTCCAACAATTACA	TGGACATCTACCCGGAA ATCC	CAGCATTATTATAGTACTCC GTGCAGT
			ACTATTTAGCT		
			SEQ ID NO:2261	SEQ ID NO:10273	SEQ ID NO:18285
		AA	KSSQSVLHSSNNNYNYLA	WTSTRKS	QHYYSTPCS
			SEQ ID NO:2262	SEQ ID NO:10274	SEQ ID NO:18286
iPS:435479	21-225_154I9	NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG CAACAGAGTTACAGTGCCCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGGGTAACAGTTTCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2263	SEQ ID NO:10275	SEQ ID NO:18287
		AA	RASQDISNWLA	AASSLQS	QQGNSPPLT
			SEQ ID NO:2264	SEQ ID NO:10276	SEQ ID NO:18288
iPS:435481	21-225_154A111	NA	AGGTCAAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTATA	TGGGCATCTAAACGGGA TTCC	CAGCAATATTTTAGTTCTCCT CGGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2265	SEQ ID NO:10277	SEQ ID NO:18289
		AA	RSSQSVLHSSNNNYNYLA	WASKRDS	QQYYSPSPRT
			SEQ ID NO:2266	SEQ ID NO:10278	SEQ ID NO:18290
iPS:435483	21-225_155A4	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAACTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA GGT	CACCAGACTGACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2267	SEQ ID NO:10279	SEQ ID NO:18291
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQG	HQTDSFPPT
			SEQ ID NO:2268	SEQ ID NO:10280	SEQ ID NO:18292
iPS:435485	21-225_155B4	NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAG CAACTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA GGT	CACCAGACTGACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2269	SEQ ID NO:10281	SEQ ID NO:18293
		AA	RASQDISNWLA	AASSLQG	HQTDSFPPT
			SEQ ID NO:2270	SEQ ID NO:10282	SEQ ID NO:18294
iPS:435487	21-225_155C4	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTACCCC CACT
			SEQ ID NO:2271	SEQ ID NO:10283	SEQ ID NO:18295

【図４９－１９２】

FIGURE 49

		AA	RASQSISSYLN	TASSLQS	QQSYSTPT
			SEQ ID NO:2272	SEQ ID NO:10284	SEQ ID NO:18296
iPS:435489	21-225_155A5	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAGACCT ATTTGTAT	GAAGTTTCCAATCGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2273	SEQ ID NO:10285	SEQ ID NO:18297
		AA	KSSQSLLHDGDKTYLY	EVSNRFS	MQSIQVPWT
			SEQ ID NO:2274	SEQ ID NO:10286	SEQ ID NO:18298
iPS:435491	21-225_155E5	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAATA ATTTATTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGAA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:2275	SEQ ID NO:10287	SEQ ID NO:18299
		AA	KSSQSVLSSSNNNYNYLA	WASTRKS	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:2276	SEQ ID NO:10288	SEQ ID NO:18300
iPS:435495	21-225_155B6	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAATAATTACA ACTACTTAGCT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:2277	SEQ ID NO:10289	SEQ ID NO:18301
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLA	WTSTRES	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:2278	SEQ ID NO:10290	SEQ ID NO:18302
iPS:435497	21-225_155H9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG TACT AAACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATGATGACTGGCC TCCGTGGACG
			SEQ ID NO:2279	SEQ ID NO:10291	SEQ ID NO:18303
		AA	RASQSVSSNLA	GASTRAT	QQYDDWPPWT
			SEQ ID NO:2280	SEQ ID NO:10292	SEQ ID NO:18304
iPS:435499	21-225_156G1	NA	CGGGCAAGTCAGAGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTAATTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2281	SEQ ID NO:10293	SEQ ID NO:18305
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSNYPLT
			SEQ ID NO:2282	SEQ ID NO:10294	SEQ ID NO:18306

【図４９－１９３】

FIGURE 49

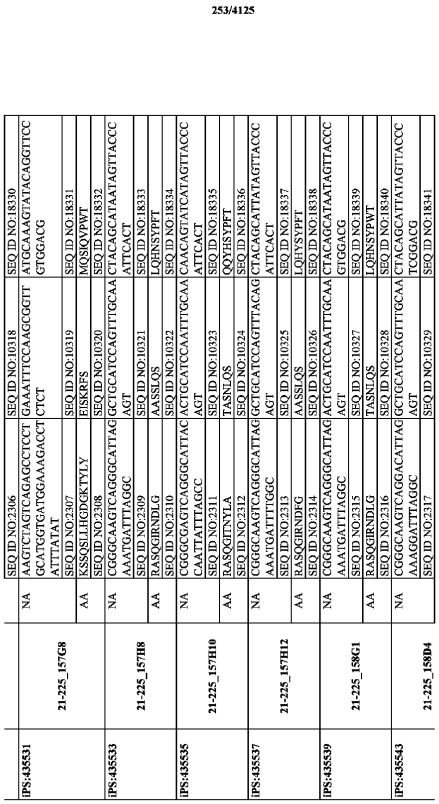
iPS:435501	21-225_156H1	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCACAGTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CACCAATATTATAGTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:2283	SEQ ID NO:10295	SEQ ID NO:18307
		AA	KSSQSVLYSSSNNNNYLA	WASTRES	HQYYSTPCS
			SEQ ID NO:2284	SEQ ID NO:10296	SEQ ID NO:18308
iPS:435503	21-225_156E4	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTGCCCC CACT
			SEQ ID NO:2285	SEQ ID NO:10297	SEQ ID NO:18309
		AA	RASQSISSYLN	TASSLQS	QQSYSAPT
			SEQ ID NO:2286	SEQ ID NO:10298	SEQ ID NO:18310
iPS:435505	21-225_157C1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCTA AGT	CAACAGTATAATAGTTTTCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2287	SEQ ID NO:10299	SEQ ID NO:18311
		AA	RASQGISNYLA	AASSLLS	QQYNSPPPT
			SEQ ID NO:2288	SEQ ID NO:10300	SEQ ID NO:18312
iPS:435509	21-225_157H1	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG CAATTATTTAGTC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAATATCATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2289	SEQ ID NO:10301	SEQ ID NO:18313
		AA	RASQDISNYLV	AASSLQS	QQYHSTPPT
			SEQ ID NO:2290	SEQ ID NO:10302	SEQ ID NO:18314
iPS:435511	21-225_157C3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2291	SEQ ID NO:10303	SEQ ID NO:18315
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:2292	SEQ ID NO:10304	SEQ ID NO:18316
iPS:435513	21-225_157F3	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG CAGTTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAATACCCC CACGTGGACG
			SEQ ID NO:2293	SEQ ID NO:10305	SEQ ID NO:18317
		AA	RASQNISSYLN	TASSLQS	QQSYNTPTWT

【図４９－１９４】

FIGURE 49

iPS:435515	21-225_157E4	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCGA AGT	CAACAGTATCATAGTTTATCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2294	SEQ ID NO:10306	SEQ ID NO:18318
		AA	RASQGISAYLA	AASSLRS	QQYHSTPPT
			SEQ ID NO:2295	SEQ ID NO:10307	SEQ ID NO:18319
iPS:435521	21-225_157H4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	CCTGCATCCAGTTTACAA ACT	CTACAGGATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2296	SEQ ID NO:10308	SEQ ID NO:18320
		AA	RASQGIRNDLG	PASSLQT	LQDNSYPPT
			SEQ ID NO:2297	SEQ ID NO:10309	SEQ ID NO:18321
iPS:435523	21-225_157G5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTACAA AGT	CAACAGTATAATAGTTATCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2298	SEQ ID NO:10310	SEQ ID NO:18322
		AA	RASQGISAYLA	AASSLQS	QQYNSYPPT
			SEQ ID NO:2299	SEQ ID NO:10311	SEQ ID NO:18323
iPS:435525	21-225_157E7	NA	CGGGCAAGTCAGAGCTTTAG CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAGCAGTATGATGATTATCG CTTCGGCC
			SEQ ID NO:2300	SEQ ID NO:10312	SEQ ID NO:18324
		AA	RASQSFSSYLN	AASSLQS	QESYSIRFA
			SEQ ID NO:2301	SEQ ID NO:10313	SEQ ID NO:18325
iPS:435527	21-225_157G7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GTTGCATCCAGTTTGCAA AGT	ATACAGGATAATAGTCACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2302	SEQ ID NO:10314	SEQ ID NO:18326
		AA	RASQGIRNYLA	AASSLQS	QQYNSYPPT
			SEQ ID NO:2303	SEQ ID NO:10315	SEQ ID NO:18327
iPS:435529	21-225_157H7	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG CAATTTTTAGCC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATCATAGTTACCC GATCACC
			SEQ ID NO:2304	SEQ ID NO:10316	SEQ ID NO:18328
		AA	RASQDISNFLA	TASSLQS	QQYHSTPTT
			SEQ ID NO:2305	SEQ ID NO:10317	SEQ ID NO:18329
		AA	RASQDISNWLA	TASSLQS	QQYHSTPTT

【図４９－１９５】



253/4125

FIGURE 49

iPS:435531	21-225_157G8		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAGACCT ATTTATAT	SEQ ID NO:10318	GAAATTTCCAAGCGGTT CTCT	SEQ ID NO:18339 ATGCAAAGTATACAGGTTCC GTGGACG
			AA		SEQ ID NO:10319	KSSQSLLHGDGKTYLY	SEQ ID NO:18331
iPS:435533	21-225_157H8		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	SEQ ID NO:10320 SEQ ID NO:10321	EISKRFS AGT	SEQ ID NO:18332 MQSHQVPWT CTACAGCATAAATAGTTACCC ATTCACT
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS		LQHNSYPFT
iPS:435535	21-225_157H10		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAC CAATTATTTAGCC	SEQ ID NO:10322 SEQ ID NO:10323	CAACAGTATCATAGTTACCC AGT	SEQ ID NO:18334 ATTTCACT
			AA	RASQGITNYLA	SEQ ID NO:10324	TASNLQS	SEQ ID NO:18335 QQYHSYPFT
iPS:435537	21-225_157H12		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTTGGC	SEQ ID NO:10325 AGT	GCTGCATCCAGTTTACAG	CTACAGCATTATAGTTACCC ATTCACT
			AA	RASQGIRNDFG	AASSLQS		LQHYSYPFT
iPS:435539	21-225_158G1		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	SEQ ID NO:10326 SEQ ID NO:10327	GCTGCATCCAGTTTGCAA CTACAGCATAAATAGTTACCC GTGGACG	SEQ ID NO:18338 LQHYSYPFT SEQ ID NO:18339
			AA	RASQGIRNDLG	SEQ ID NO:10328		SEQ ID NO:18340
iPS:435543	21-225_158D4		NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAAGGATTTAGGC	SEQ ID NO:10329 SEQ ID NO:10330	GCTGCATCCAGTTTGCAA ACTGCATCCAATTTGCAA	SEQ ID NO:18341 CAACAGTATCATAGTTACCC ATTCACT

【図４９－１９６】

FIGURE 49

		AA	RASQDIRKDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	
			SEQ ID NO:2318	SEQ ID NO:10330	SEQ ID NO:18342	
iPS:435545	21-225_158F4	NA	CGGGCAAGTCAGAACATTAG AAAGTATTTACAT	ACTGCATCCACTTTACAA AGT	CAACAGAGTTACAATATTTC ATTCACT	
			SEQ ID NO:2319	SEQ ID NO:10331	SEQ ID NO:18343	
		AA	RASQNIRKYLH	TASTLQS	QQSYNISFT	
			SEQ ID NO:2320	SEQ ID NO:10332	SEQ ID NO:18344	
iPS:435547	21-225_158F5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGGATAATAGTCACCC ATTCACT	
			SEQ ID NO:2321	SEQ ID NO:10333	SEQ ID NO:18345	
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQDNSHPFT	
			SEQ ID NO:2322	SEQ ID NO:10334	SEQ ID NO:18346	
iPS:435549	21-225_158H5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATGA GAATTGATTTAGGG	CGTGCATCCAGTTTGCAA AGT	GTACAGCATAAATAGTTACCC TCTCACT	
			SEQ ID NO:2323	SEQ ID NO:10335	SEQ ID NO:18347	
		AA	RASQGMRIDLG	RASSLQS	VQHNSYPLT	
			SEQ ID NO:2324	SEQ ID NO:10336	SEQ ID NO:18348	
iPS:435551	21-225_158H6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAGTGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAAATAGTTACCC ATTCACT	
			SEQ ID NO:2325	SEQ ID NO:10337	SEQ ID NO:18349	
		AA	RASQGIRSDLG	TASSLQS	LQHNSYPFT	
			SEQ ID NO:2326	SEQ ID NO:10338	SEQ ID NO:18350	
iPS:435553	21-225_158C8	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAATGATTTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAAATAGTTACCC ATTCACT	
			SEQ ID NO:2327	SEQ ID NO:10339	SEQ ID NO:18351	
		AA	RASQDIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPFT	
			SEQ ID NO:2328	SEQ ID NO:10340	SEQ ID NO:18352	
iPS:435557	21-225_158B12	NA	AAGTCCAGACCAGAATGTTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTACTTAACT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC TCCGACG	

【図４９－１９７】

255/4125

FIGURE 49

	21-225_158B12	AA	SEQ ID NO:2329 KSSQNVLHSSNNNNYLT	SEQ ID NO:10341 WASTRES	SEQ ID NO:18353 QQYYSTPPT	
iPS:435559	21-225_158H12	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA CAATTATTTAGCC	SEQ ID NO:10342 GCTGCATCCAGTTTACAA AGT	SEQ ID NO:18354 CAACAGTATCATAGTTACCC ATTCACT	
		AA	RASQGINNYLA	SEQ ID NO:10343	SEQ ID NO:18355 QQYHSTYPFT	
iPS:435561	21-225_159F1	NA	CGGGCAAGTCAGCGCGTCAG AAATGATTTAGGC	SEQ ID NO:10344 GATGCATCCAATTTGCA AAGT	SEQ ID NO:18356 CTACAGCATCATAGTTTCCC GATCACC	
		AA	RASQRVRNDLG	SEQ ID NO:10345 DASNLQS	SEQ ID NO:18357 LQHESPPT	
iPS:435563	21-225_159H2	NA	SEQ ID NO:2334 CGGGCAAGTCAGAGCATTAG CAAATTATTTAAAT	SEQ ID NO:10346 GCTACATCCAAATTTGCAA AGT	SEQ ID NO:18358 CAACAGAGTTACAGTCCTCC GGTCACT	
		AA	RASQGITNYLA	SEQ ID NO:10347	SEQ ID NO:18359	
iPS:435565	21-225_159C4	NA	RASQSISKYLN CAGGCGAGTCAGGACATTAG CGACTATTTAAAT	SEQ ID NO:10348 GATGCCTCCACTTTGGAA ACA	SEQ ID NO:18360 CAACAATATGATAATCTCCC GATCACC	
		AA	QASQDISDYLN	DASTLET	QQYDNLPIT	
iPS:435569	21-225_159C5	NA	SEQ ID NO:2338 CGGACAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	SEQ ID NO:10350 GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	SEQ ID NO:18362 CTACAGCATAATAGTTATCC ATTCACT	
		AA	RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT	
iPS:435571		NA	SEQ ID NO:2340 CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAAGGATTTAGGG	SEQ ID NO:10352 GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	SEQ ID NO:18364 CTACAGCATCATAGTTATCC TCCGACG	

【図４９－１９８】

256/4125

FIGURE 49

	21-225_159C8	AA	SEQ ID NO:2341 RASQDIRKDLG	SEQ ID NO:10353 AASSLQS	SEQ ID NO:18365 LQHHSYPRT	
iPS:435573	21-225_159D8	NA	CGGGCAAGTCGGGACATTG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG	
		AA	RASRDMGNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	
iPS:435575	21-225_159H11	NA	SEQ ID NO:2344 CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAAATATTTAGTC	SEQ ID NO:10356 GCTGCATCCAGTCTGCA AAGT	SEQ ID NO:18368 CAACAGTATAATAGTTACCC ATTCACT	
		AA	RASQGISKYLV	AASSLQS	QQYNSYPPT	
iPS:435577	21-225_160B1	NA	SEQ ID NO:2346 AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAGACCT ATTTCTAT	SEQ ID NO:10358 GAAGTATCCAAGCGGTT CTCT	SEQ ID NO:18370 ATGCAAAGTATACAGATTCC GTGGACG	
		AA	SEQ ID NO:2347 KSSQSLLHGDGKTYFY	SEQ ID NO:10359 EVSKRFS	SEQ ID NO:18371 MQSHQIPWT	
iPS:435579	21-225_160G1	NA	SEQ ID NO:2348 CGGGCGAGTCAGGACATTAA CAATTATTTAGCC	SEQ ID NO:10360 GCTTCATCCAGTTTGCAA AGT	SEQ ID NO:18372 CAACAATATCATAGTTACCC ATTCACT	
		AA	SEQ ID NO:2349 RASQDINNYLA	SEQ ID NO:10361 ASSSLQS	SEQ ID NO:18373 QQYHSTPPT	
iPS:435581	21-225_160H1	NA	SEQ ID NO:2350 CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAATGATTTAGGC	SEQ ID NO:10362 GCTGCATCCAGTTTGCAG AAT	SEQ ID NO:18374 CTACAGCATAATAGTTTCCC GTGGACG	
		AA	SEQ ID NO:2351 RASQDIRNDLG	SEQ ID NO:10363 AASSLQN	SEQ ID NO:18375 LQHNSPPWT	
			SEQ ID NO:2352	SEQ ID NO:10364	SEQ ID NO:18376	

【図４９－１９９】

FIGURE 49

iPS:435583	21-225_160F2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAATTTGCAAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2353	SEQ ID NO:10365	SEQ ID NO:18377
		AA	RASQGIRNDLG	TASNLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:2354	SEQ ID NO:10366	SEQ ID NO:18378
iPS:435585	21-225_160G3	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAA	GCTTCATCCAGTTTGCAAA	CAACAATATCATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2355	SEQ ID NO:10367	SEQ ID NO:18379
		AA	RASQDINNYLA	ASSSLQS	QQYHSYPFT
			SEQ ID NO:2356	SEQ ID NO:10368	SEQ ID NO:18380
iPS:435587	21-225_160H3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAGTAATTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2357	SEQ ID NO:10369	SEQ ID NO:18381
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSNYPLT
			SEQ ID NO:2358	SEQ ID NO:10370	SEQ ID NO:18382
iPS:435589	21-225_160A4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAATAGTCC
			ACACAGCTCCAACAATAATA	ATCC	GTGCAGT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2359	SEQ ID NO:10371	SEQ ID NO:18383
		AA	KSSQSVLHSSNNNYLA	WASTRES	QQYYNSPCS
			SEQ ID NO:2360	SEQ ID NO:10372	SEQ ID NO:18384
iPS:435591	21-225_160C4	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATTATAGTTATCC
			AAAGGATTTAGGG	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:2361	SEQ ID NO:10373	SEQ ID NO:18385
		AA	RASQDIRKDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:2362	SEQ ID NO:10374	SEQ ID NO:18386
iPS:435593	21-225_160F4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAAA	ATACAGGATAATAGTCACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2363	SEQ ID NO:10375	SEQ ID NO:18387
		AA	RASQGIRNDLG	VASSLQS	IQDNSIPPT

【図４９－２００】

FIGURE 49

iPS:435595	21-225_160H4	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
			TAATTATTTAGTC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:2365	SEQ ID NO:10377	SEQ ID NO:18389
		AA	RASQDISNYLV	VASSLQS	QQYNSYPLT
			SEQ ID NO:2366	SEQ ID NO:10378	SEQ ID NO:18390
iPS:435599	21-225_160B10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATAGTAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2367	SEQ ID NO:10379	SEQ ID NO:18391
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHSSYPLT
			SEQ ID NO:2368	SEQ ID NO:10380	SEQ ID NO:18392
iPS:435601	21-225_160G10	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAAACGGTT	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
			GCACGGTGATGGAAAGACCT	CTCT	GTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2369	SEQ ID NO:10381	SEQ ID NO:18393
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSKRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2370	SEQ ID NO:10382	SEQ ID NO:18394
iPS:435605	21-225_161A4	NA	AGGTCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATCCATCAGGGC	CAGCAGTATAATAACTGGTG
			CAGCAACTTAGCC	CACT	GACG
			SEQ ID NO:2371	SEQ ID NO:10383	SEQ ID NO:18395
		AA	RSSQSVNSNLA	GASIRAT	QQYNNWWT
			SEQ ID NO:2372	SEQ ID NO:10384	SEQ ID NO:18396
iPS:435607	21-225_161G4	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTTA	GATGCATCCAATTTGGA	CAACAGTATGATATTCTCCC
			CAATTATTTAAAT	AACA	GATCACC
			SEQ ID NO:2373	SEQ ID NO:10385	SEQ ID NO:18397
		AA	QASQDINNYLN	DASNLET	QQYDILPT
			SEQ ID NO:2374	SEQ ID NO:10386	SEQ ID NO:18398
iPS:435609	21-225_161F7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCACTTTGCAAA	CTACTATATATTCGTTACCCA
			AAATGATTTGGGC	AGT	TTCACT
			SEQ ID NO:2375	SEQ ID NO:10387	SEQ ID NO:18399

【図４９－２０１】

FIGURE 49

iPS:435611	21-225_161F10	AA	RASQGIRNDLG	AASTLQS	LLYIRYPFT
			SEQ ID NO:2376	SEQ ID NO:10388	SEQ ID NO:18400
		NA	CAGGCGAGTCAGGACATTTA	GATGCATCCAATTGGGA	CAACAGTATGAAAATCTCCC
			CAACCATTTAAGT	AACA	GCTCACC
			SEQ ID NO:2377	SEQ ID NO:10389	SEQ ID NO:18401
		AA	QASQDIYNHLS	DASNWET	QQYENLPLT
			SEQ ID NO:2378	SEQ ID NO:10390	SEQ ID NO:18402
iPS:435613	21-225_161D11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCACTTTGCAAA	CTACAATATAATCGTTACCC
			AAATGATTTGGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2379	SEQ ID NO:10391	SEQ ID NO:18403
		AA	RASQGIRNDLG	AASTLQS	LQYNRYPFT
			SEQ ID NO:2380	SEQ ID NO:10392	SEQ ID NO:18404
iPS:435615	21-225_161G12	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATCATAGTTATCC
			AAAGGATTTAGGG	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:2381	SEQ ID NO:10393	SEQ ID NO:18405
		AA	RASQDIRKDLG	AASSLQS	LQHHSYPRT
			SEQ ID NO:2382	SEQ ID NO:10394	SEQ ID NO:18406
iPS:435617	21-225_162F2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	ATACAGGATAATAGTCACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2383	SEQ ID NO:10395	SEQ ID NO:18407
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	IQDNSHPFT
			SEQ ID NO:2384	SEQ ID NO:10396	SEQ ID NO:18408
iPS:435621	21-225_162H3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGGATAATAGTCACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2385	SEQ ID NO:10397	SEQ ID NO:18409
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQDNSHPFT
			SEQ ID NO:2386	SEQ ID NO:10398	SEQ ID NO:18410
iPS:435623	21-225_162D5	NA	AAGTCCAACCATAGTGTTTT	CGGACATCTATCCGGAA	CAGCAAATATTATAGTACTCC
			ATACAGGTCCAACAATAATC	ATCC	TCCCACT
			AATACTTAGCT		

【図４９－２０２】

FIGURE 49

iPS:435627	21-225_162H6	AA	KSNHISVLYRSNNNQYLA	RTSIRKS	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:2388	SEQ ID NO:10400	SEQ ID NO:18412
		NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
			ACACAGCTCCAACAATAACA	ATCC	TCCGACG
			ACTACTTAACT		
			SEQ ID NO:2389	SEQ ID NO:10401	SEQ ID NO:18413
		AA	KSSQNVLHSSNNNNYLT	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:2390	SEQ ID NO:10402	SEQ ID NO:18414
iPS:435629	21-225_162H6	NA	AAGTCTACTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAAACGGTT	AAGCAAAGTATACAGCTTCC
			GCATCGGTGATGGAAAGACCT	CTCT	GTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2391	SEQ ID NO:10403	SEQ ID NO:18415
		AA	KSTQSLLHGDGKTYLY	EVSKRFS	KQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2392	SEQ ID NO:10404	SEQ ID NO:18416
iPS:435635	21-225_163F1	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2393	SEQ ID NO:10405	SEQ ID NO:18417
		AA	RASQDISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPFT
			SEQ ID NO:2394	SEQ ID NO:10406	SEQ ID NO:18418
iPS:435637	21-225_163E2	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	CCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTCACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2395	SEQ ID NO:10407	SEQ ID NO:18419
		AA	RASQDIRNDLG	PASSLQS	LQHNSHPFT
			SEQ ID NO:2396	SEQ ID NO:10408	SEQ ID NO:18420
iPS:435639	21-225_163G6	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCTA	CAACAGTATCATAGTTACCC
			CAATTATTTAGTC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2397	SEQ ID NO:10409	SEQ ID NO:18421
		AA	RASQDISNYLV	AASSLLS	QQYHSYPLT
			SEQ ID NO:2398	SEQ ID NO:10410	SEQ ID NO:18422

【図４９－２０３】

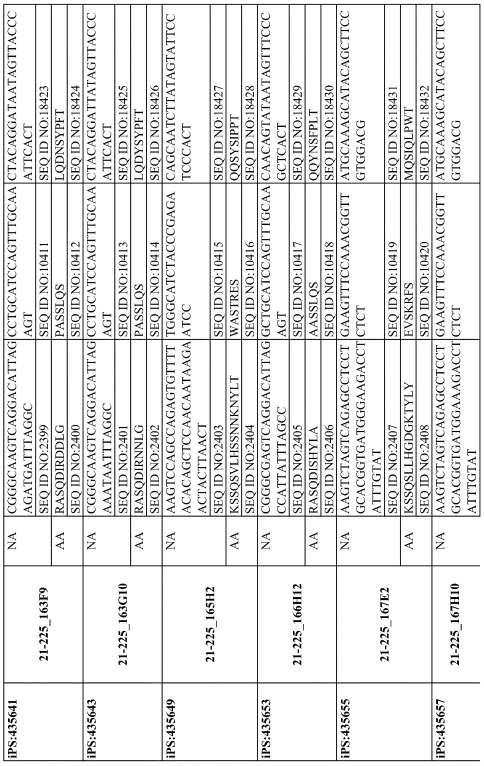


FIGURE 49

iPS:435641	21-225_163F9	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG ACACAGCTCCAACAATAAGA ACTACTTAACT	21-225_165H12	NA	CCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGGATAATAGTTACCC ATTCACT
			AGATGATTTAGGC			SEQ ID NO:2399	SEQ ID NO:10411	SEQ ID NO:18423
		AA	RASQDIRDDLG		AA	RASQDIRNNLG	PASSLQS	LQDNSYPFT
			SEQ ID NO:2400			SEQ ID NO:2402	SEQ ID NO:10412	SEQ ID NO:18424
iPS:435643	21-225_163G10	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAATAATTTAGGC	21-225_165I12	NA	CCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGGATTATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2401			SEQ ID NO:2403	SEQ ID NO:10413	SEQ ID NO:18425
		AA	RASQDIRNNLG		AA	RASQDIRNNLG	PASSLQS	LQDYSYPFT
			SEQ ID NO:2402			SEQ ID NO:2403	SEQ ID NO:10414	SEQ ID NO:18426
iPS:435649	21-225_165I12	NA	AAGTCCAGCCAGATGTTTT ACACAGCTCCAACAATAAGA ACTACTTAACT	21-225_166H12	NA	TGGGCATCTACCCGAGA ATCC	CAGCAATCTTATAGTATTCC TCCCACT
			AGATGATTTAGGC			SEQ ID NO:2404	SEQ ID NO:10415	SEQ ID NO:18427
		AA	RASQDISIYLA		AA	KSSQSVLHSSNNKNYLT	WASTRES	QQSYSIPPT
			SEQ ID NO:2404			SEQ ID NO:2405	SEQ ID NO:10416	SEQ ID NO:18428
iPS:435653	21-225_166H12	NA	CGGCGGAGTCAGGACATTAG CCATTATTTAGCC	21-225_166I12	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAATAGTTTCCC GCTCACT
			CCATTATTTAGCC			SEQ ID NO:2405	SEQ ID NO:10417	SEQ ID NO:18429
		AA	RASQDISIYLA		AA	RASQDISIYLA	AASSLQS	QQYNSPPLT
			SEQ ID NO:2406			SEQ ID NO:2406	SEQ ID NO:10418	SEQ ID NO:18430
iPS:435655	21-225_167E2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCACGGTGATGGGAAGACCT ATTTGTAT	21-225_167F2	NA	GAAGTTTCCAAACGGTT CTCT	ATGCAAAGCATACAGCTTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2407			SEQ ID NO:2411	SEQ ID NO:10419	SEQ ID NO:18431
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY		AA	EVSKRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2408			SEQ ID NO:2412	SEQ ID NO:10420	SEQ ID NO:18432
iPS:435657	21-225_167H10	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCACGGTGATGGAAAGACCT ATTTGTAT	21-225_167I10	NA	GAAGTTTCCAAACGGTT CTCT	ATGCAAAGCATACAGCTTCC GTGGACG
						SEQ ID NO:2409	SEQ ID NO:10421	SEQ ID NO:18433
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY		AA	EVSKRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2410			SEQ ID NO:2412	SEQ ID NO:10422	SEQ ID NO:18434

【図４９－２０４】

FIGURE 49

iPS:435659	21-225_167D12	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA CAAATTATTTAGCC	21-225_169B1	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAATAGTTATCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2411			SEQ ID NO:2413	SEQ ID NO:10423	SEQ ID NO:18435
		AA	RASQGINNYLA		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	QQYNSYPFT
			SEQ ID NO:2412			SEQ ID NO:2414	SEQ ID NO:10424	SEQ ID NO:18436
iPS:435663	21-225_169B1	NA	CGGGCTAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	21-225_169E3	NA	GCTGAATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATTATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2413			SEQ ID NO:10425	SEQ ID NO:18437
		AA	RASQGIRNDLG		AA	AESSLQS	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:2414			SEQ ID NO:10426	SEQ ID NO:18438
iPS:435665	21-225_169F2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACATCTCCAACAATAAAA ACTACTTAGCT	21-225_169I3	NA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATCGTGCTCC CACC
			SEQ ID NO:2415			SEQ ID NO:10427	SEQ ID NO:18439
		AA	KSSQSVLYSNNKNYLA		AA	WASTRES	QQYYRAPT
			SEQ ID NO:2416			SEQ ID NO:10428	SEQ ID NO:18440
iPS:435667	21-225_169I3	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAATAATGGATACAAGT ATTTGGAT	21-225_169J9	NA	TTGGGTTCTAATCGGGCCC TCC	ATGCAAGTTCTACAAACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2417			SEQ ID NO:10429	SEQ ID NO:18441
		AA	RSSQSLLHNNGYKYLD		AA	LGSNRAS	MQVLQTPWT
			SEQ ID NO:2418			SEQ ID NO:10430	SEQ ID NO:18442
iPS:435669	21-225_169J9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	21-225_170A1	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2419			SEQ ID NO:10431	SEQ ID NO:18443
		AA	RASQGIRNDLG		AA	AASSLQS	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:2420			SEQ ID NO:10432	SEQ ID NO:18444

【図４９－２０５】

FIGURE 49

iPS:435671	21-225_169H5	NA	AAGTCCAGCCAGATGTTTT ATACATCTCCAACAATAAAA ACTACTTAGCT	21-225_169I10	NA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATCGTGCTCC CACC
			SEQ ID NO:2421			SEQ ID NO:10433	SEQ ID NO:18445
		AA	KSSQSVLYSNNKNYLA		AA	WASTRES	QQYYRAPT
			SEQ ID NO:2422			SEQ ID NO:10434	SEQ ID NO:18446
iPS:435673	21-225_169E6	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAATAATGGATACAAGT ATTTGGAT	21-225_169J10	NA	TTGGGTTCTAATCGGGCCC TCC	ATGCAAGTTCTACAAACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2423			SEQ ID NO:10435	SEQ ID NO:18447
		AA	RSSQSLLHNNGYKYLD		AA	LGSNRAS	MQVLQTPWT
			SEQ ID NO:2424			SEQ ID NO:10436	SEQ ID NO:18448
iPS:435675	21-225_169D7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	21-225_169J11	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATCATAGTTGCCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2425			SEQ ID NO:10437	SEQ ID NO:18449
		AA	RASQGIRNDLG		AA	AASSLQS	LQHIISCPWT
			SEQ ID NO:2426			SEQ ID NO:10438	SEQ ID NO:18450
iPS:435677	21-225_169C10	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG CAATTATTTAGCC	21-225_169J12	NA	CAACAATCTGATAGTTACCC TCTCACT	
			SEQ ID NO:2427			SEQ ID NO:10439	SEQ ID NO:18451
		AA	RASQDISNYLA		AA	SASSLQS	QQSDSYPLT
			SEQ ID NO:2428			SEQ ID NO:10440	SEQ ID NO:18452
iPS:435679	21-225_169D10	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG CAATTATTTAGCC	21-225_169J13	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATCATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2429			SEQ ID NO:10441	SEQ ID NO:18453
		AA	RASQDISNYLA		AA	AASSLQS	QQYHSYPFT
			SEQ ID NO:2430			SEQ ID NO:10442	SEQ ID NO:18454
iPS:435681	21-225_169D11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AGATGATTTAGGC	21-225_169J14	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATCATAGTTACCC CGGACG
			SEQ ID NO:2431			SEQ ID NO:10443	SEQ ID NO:18455
		AA	RASQGIRDDLG		AA	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:2432			SEQ ID NO:10444	SEQ ID NO:18456
iPS:435683	21-225_170A1	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAGACCT ATTTGTTT	21-225_170B3	NA	GAAGTTTCCAAACGGTTC TCT	ATGCAAGTTATTCAGCTTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2433			SEQ ID NO:10445	SEQ ID NO:18457
		AA	KSSQSLLHGDKTYLF		AA	EVSNRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2434			SEQ ID NO:10446	SEQ ID NO:18458
iPS:435685	21-225_170E1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	21-225_170F1	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATCATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2435			SEQ ID NO:10447	SEQ ID NO:18459
		AA	RASQGISNYLA		AA	AASSLQS	QQYHSYPFT
			SEQ ID NO:2436			SEQ ID NO:10448	SEQ ID NO:18460
iPS:435687	21-225_170H1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAAATGATTTAGGC	21-225_170F3	NA	GCTACATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTAGTTAACCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2437			SEQ ID NO:10449	SEQ ID NO:18461
		AA	RASQGIRNDLG		AA	ATSSLQS	LQHSSNPWT
			SEQ ID NO:2438			SEQ ID NO:10450	SEQ ID NO:18462
iPS:435689	21-225_170F3	NA	CGGGCAAGTCGGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	21-225_170G4	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
			SEQ ID NO:2439			SEQ ID NO:10451	SEQ ID NO:18463
		AA	RASRGIRNDLG		AA	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:2440			SEQ ID NO:10452	SEQ ID NO:18464
iPS:435693	21-225_170G4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	21-225_170H3	NA	GCTGCATCCACTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2441			SEQ ID NO:10453	SEQ ID NO:18465
		AA	RASQGIRNDLG		AA	AASTLQS	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:2442			SEQ ID NO:10454	SEQ ID NO:18466
iPS:435695		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC		NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTTCCC GCTCACT

【図４９－２０６】

FIGURE 49

iPS:435683	21-225_170A1	AA	RASQGIRDDLG	21-225_170B3	AA	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:2432			SEQ ID NO:10444	SEQ ID NO:18456
		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAGACCT ATTTGTTT		NA	GAAGTTTCCAAACGGTTC TCT	ATGCAAGTTATTCAGCTTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2433			SEQ ID NO:10445	SEQ ID NO:18457
		AA	KSSQSLLHGDKTYLF		AA	EVSNRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2434			SEQ ID NO:10446	SEQ ID NO:18458
iPS:435685	21-225_170E1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	21-225_170F1	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATCATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2435			SEQ ID NO:10447	SEQ ID NO:18459
		AA	RASQGISNYLA		AA	AASSLQS	QQYHSYPFT
			SEQ ID NO:2436			SEQ ID NO:10448	SEQ ID NO:18460
iPS:435687	21-225_170H1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAAATGATTTAGGC	21-225_170F3	NA	GCTACATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAGTAGTTAACCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2437			SEQ ID NO:10449	SEQ ID NO:18461
		AA	RASQGIRNDLG		AA	ATSSLQS	LQHSSNPWT
			SEQ ID NO:2438			SEQ ID NO:10450	SEQ ID NO:18462
iPS:435689	21-225_170F3	NA	CGGGCAAGTCGGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	21-225_170G4	NA	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
			SEQ ID NO:2439			SEQ ID NO:10451	SEQ ID NO:18463
		AA	RASRGIRNDLG		AA	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:2440			SEQ ID NO:10452	SEQ ID NO:18464
iPS:435693	21-225_170G4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	21-225_170H3	NA	GCTGCATCCACTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2441			SEQ ID NO:10453	SEQ ID NO:18465
		AA	RASQGIRNDLG		AA	AASTLQS	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:2442			SEQ ID NO:10454	SEQ ID NO:18466
iPS:435695		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC		NA	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTTCCC GCTCACT

【図４９－２０７】

FIGURE 49

21-225_170D5			SEQ ID NO:2443	SEQ ID NO:10455	SEQ ID NO:18467
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQN	LQHYSPPLT
			SEQ ID NO:2444	SEQ ID NO:10456	SEQ ID NO:18468
IPS:435697		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
	21-225_170G5		AACTGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2445	SEQ ID NO:10457	SEQ ID NO:18469
		AA	RASQGIRTDLG	TASSLQS	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:2446	SEQ ID NO:10458	SEQ ID NO:18470
IPS:435699		NA	CGGGCGAGTCAGGACATTGG	TCTGCGTCCAGTTTGCAA	CAACAATCTGATAGTTACCC
	21-225_170D6		CAATTGTTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:2447	SEQ ID NO:10459	SEQ ID NO:18471
		AA	RASQDIGNCLA	SASSLQS	QQSDSYPLT
			SEQ ID NO:2448	SEQ ID NO:10460	SEQ ID NO:18472
IPS:435701		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAGCAATATTATAGTACTCC
	21-225_170F6		ACACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	GTGGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2449	SEQ ID NO:10461	SEQ ID NO:18473
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO:2450	SEQ ID NO:10462	SEQ ID NO:18474
IPS:435703		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTCCC
	21-225_170D11		AAATGATTTAGGC	AAT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2451	SEQ ID NO:10463	SEQ ID NO:18475
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQN	LQHYSPPLT
			SEQ ID NO:2452	SEQ ID NO:10464	SEQ ID NO:18476
IPS:435705		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
	21-225_171C3		AACTGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2453	SEQ ID NO:10465	SEQ ID NO:18477
		AA	RASQGIRTDLG	TASSLQS	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:2454	SEQ ID NO:10466	SEQ ID NO:18478

【図４９－２０８】

FIGURE 49

IPS:435709		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
	21-225_171A4		AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2455	SEQ ID NO:10467	SEQ ID NO:18479
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:2456	SEQ ID NO:10468	SEQ ID NO:18480
IPS:435711		NA	CGGGCGAGTCAGGGTGTTAA	GATGCATCAAGTTTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
	21-225_171G4		CGACTGGTTAGCC	AAGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2457	SEQ ID NO:10469	SEQ ID NO:18481
		AA	RASQGVNDWLA	DASSLQS	QQANSFPWT
			SEQ ID NO:2458	SEQ ID NO:10470	SEQ ID NO:18482
IPS:435713		NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GTGGGTTCTAATCGGGC	ATGCAAACTCTACAAACTCC
	21-225_171D7		GTATCATAATGGATACAACT	CTCC	GCTCACT
			ATTTGGAT		
			SEQ ID NO:2459	SEQ ID NO:10471	SEQ ID NO:18483
		AA	RSQSSLLYHNGYNYLD	VGSNRAS	MQTLQTPLT
			SEQ ID NO:2460	SEQ ID NO:10472	SEQ ID NO:18484
IPS:435715		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATTCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
	21-225_171A8		CAACTGGTTAGCC	GGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2461	SEQ ID NO:10473	SEQ ID NO:18485
		AA	RASQGISNWLA	AAFSLQG	QQTNSFPWT
			SEQ ID NO:2462	SEQ ID NO:10474	SEQ ID NO:18486
IPS:435717		NA	CGGGCGAGTCAGATATTAC	GATGCATCCAGTTTGCA	CTACAGACTAACAGTTTCCC
	21-225_171A9		CACCTGGTTAGCC	AAGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2463	SEQ ID NO:10475	SEQ ID NO:18487
		AA	RASQDITWLA	DASSLQS	LQTNSFPWT
			SEQ ID NO:2464	SEQ ID NO:10476	SEQ ID NO:18488
IPS:435719		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	CCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGGATCATAGTTACCC
	21-225_171A11		AAATGATTTAGGC	ACT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2465	SEQ ID NO:10477	SEQ ID NO:18489
		AA	RASQGIRNNLG	PASSLQS	LQDHSYPFT

【図４９－２０９】

FIGURE 49

IPS:435721		NA	CGGGCTAGTCAGGGCATTAG	GCTGAATCCAGTTTGCA	CTACAGCATTATAGTTACCC
	21-225_172B3		AAATGATTTAGGC	AAGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2467	SEQ ID NO:10479	SEQ ID NO:18491
		AA	RASQGIRNDLG	AESSLQS	LQHYSYPLT
			SEQ ID NO:2468	SEQ ID NO:10480	SEQ ID NO:18492
IPS:435723		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGTTTCC
	21-225_172B7		GCATGGTGATGGAAAAGACCT	TCT	GTGGACG
			ATTTCTAT		
			SEQ ID NO:2469	SEQ ID NO:10481	SEQ ID NO:18493
		AA	KSSQSLLHGDGKTYFY	EVSHRFS	MQSQFPWT
			SEQ ID NO:2470	SEQ ID NO:10482	SEQ ID NO:18494
IPS:435725		NA	CGGGCAAGTCAGGGCGTTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACACCATTATAGTTTCCC
	21-225_172G8		AAATGATTTAGGC	AAT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2471	SEQ ID NO:10483	SEQ ID NO:18495
		AA	RASQGVRNDLG	AASSLQN	LHHYSPPLT
			SEQ ID NO:2472	SEQ ID NO:10484	SEQ ID NO:18496
IPS:435727		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTTTACTACTCC
	21-225_172E11		ACACAGCTCCAACAATAACA	ATCC	GTGCAGT
			ACTACTTAGCCT		
			SEQ ID NO:2473	SEQ ID NO:10485	SEQ ID NO:18497
		AA	KSSQSVLHSSNNNYLA	WASTRES	QQYFTTPCS
			SEQ ID NO:2474	SEQ ID NO:10486	SEQ ID NO:18498
IPS:435729		NA	CGTGCAAGTCAGACCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGAACCCC
	21-225_173E7		CAACTATTTAAAT	ATT	TCAGTGGACG
			SEQ ID NO:2475	SEQ ID NO:10487	SEQ ID NO:18499
		AA	RASQTISNYLN	AASSLQT	QQSYRTPQWT
			SEQ ID NO:2476	SEQ ID NO:10488	SEQ ID NO:18500

【図４９－２１０】

FIGURE 49

IPS:435731		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGGTTCC
	21-225_173A11		GCATGGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2477	SEQ ID NO:10489	SEQ ID NO:18501
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSQVPWT
			SEQ ID NO:2478	SEQ ID NO:10490	SEQ ID NO:18502
IPS:435733		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCT
	21-225_173C11		GCATAGTGAGGGAAAGACC	TCT	CACT
			TACTTGTAT		
			SEQ ID NO:2479	SEQ ID NO:10491	SEQ ID NO:18503
		AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSHRFS	MQSHQLLT
			SEQ ID NO:2480	SEQ ID NO:10492	SEQ ID NO:18504
IPS:435735		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTACATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTTCCC
	21-225_173H12		AAATGATTTAGGC	AGT	GAACACT
			SEQ ID NO:2481	SEQ ID NO:10493	SEQ ID NO:18505
		AA	RASQGIRNDLG	TTSSLQS	LQHYSPPWT
			SEQ ID NO:2482	SEQ ID NO:10494	SEQ ID NO:18506
IPS:435737		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTATT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATCGTACTCC
	21-225_174G5		ACACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	GTGGACG
			ACTACTTAACT		
			SEQ ID NO:2483	SEQ ID NO:10495	SEQ ID NO:18507
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLT	WASTRES	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO:2484	SEQ ID NO:10496	SEQ ID NO:18508
IPS:435739		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATTCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
	21-225_174G7		CAACTGGTTAGCC	GGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2485	SEQ ID NO:10497	SEQ ID NO:18509
		AA	RASQGISNWLA	AAFSLQG	QQTNSFPWT
			SEQ ID NO:2486	SEQ ID NO:10498	SEQ ID NO:18510
IPS:435741		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
			AGATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG

【図４９－２１１】

FIGURE 49

		21-225_174G10		SEQ ID NO:2487	SEQ ID NO:10499	SEQ ID NO:18511
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPRT
iPS:435743	NA	21-225_175G1		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
				AACTGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			AA	RASQGIRTDLG	TASSLQS	LQHYSYPLT
iPS:435745	NA	21-225_175G3		CGGGCGAGTCAGGACATTAG	TCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAATCTGATAGTTACCC
				CAATGATTTAGCC	AGT	TCTCACT
			AA	RASQDISNDLA	SASSLQS	QQSDSYPLT
iPS:435747	NA	21-225_175C4		CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCGGTTTGCAA	CAACAGTATTATAGTTACCC
				GAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			AA	RASQGIRNYLA	AASSLQS	QQYYSYPFT
iPS:435749	NA	21-225_175C10		CGGGCGAGTCAGGGTATTAC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGACTAACAGTTTCCC
				CGACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
			AA	RASQGITDWLA	AASSLQS	QQTNSPPWT
iPS:435751	NA	21-225_175D10		AAGTCCAGCCAGATGTTTT	TGGACATCTACCCGGGA	CAGCAATATTAGTACTCC
				ACTACTTAGCT	ATCC	TCCGACG
			AA	KSSQSVLYSSNNNNYLA	WTSTRES	QQYYSTPPT

【図４９－２１２】

FIGURE 49

		21-225_175G10		SEQ ID NO:2501	SEQ ID NO:10513	SEQ ID NO:18525
			AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQTPWT
iPS:435755	NA	21-225_176H4		AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGATTTCC
				GCATGGTATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG
				ATTTGTAT		
			AA	KSSQSLLHNGYKYLD	LGSNRAS	MQVLQTPWT
iPS:435759	NA	21-225_176D6		AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	TTGGGTTCTAATCGGGCC	ATGCAAGTTCTACAAACTCC
				GCATAATAATGGATACAAGT	TCC	GTGGACG
				ATTTGGAT		
			AA	RSSQSLLHNGYKYLD	LGSNRAS	MQVLQTPWT
iPS:435761	NA	21-225_176B11		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPLT
iPS:435763	NA	21-225_176H12		CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
				AAATGATTTAGGC	AGT	TCGCAGT
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPRS
iPS:435765	NA			CGGGCGAGTCAGGGCATTAC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
				CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
		21-225_177D3		SEQ ID NO:2509	SEQ ID NO:10521	SEQ ID NO:18533

【図４９－２１３】

FIGURE 49

		21-225_177B4		SEQ ID NO:2511	SEQ ID NO:10523	SEQ ID NO:18535
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSPPRS
iPS:435769	NA	21-225_177B6		CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCTTAATAGTTACCC
				CAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			AA	RASQDISNDLG	AASSLQS	LQLNSYPPT
iPS:435771	NA	21-225_177B11		AAGTCTAGTCAGCGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGATTCC
				GCATGGTATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG
				ATTTGTAT		
			AA	KSSQSVLHSSNNNNYLT	WASTRES	QQYYSPPPT
iPS:435773	NA	21-225_177B12		AAGTCCAGCCAGATGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTACTCC
				ACACAGCTCCAACAATAACA	ATCC	TCCGACG
				ACTACTTAACT		
			AA	KSSQSVLHSSNNNNYLT	WASTRES	QQYYSPPPT
iPS:435775	NA	21-225_178A5		CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCTTCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTACC
				CAACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
			AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQANSLPWT
				SEQ ID NO:2520	SEQ ID NO:10532	SEQ ID NO:18544

【図４９－２１４】

FIGURE 49

		21-225_178B10		SEQ ID NO:2523	SEQ ID NO:10535	SEQ ID NO:18547
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQN	LHHYSPPLT
iPS:435781	NA	21-225_178G10		AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC
				GCATGGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG
				ATTTGTAT		
			AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQVPWT
iPS:435783	NA	21-225_179C1		CGGGCGAGTCAGGATATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTACC
				CGACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
				SEQ ID NO:2527	SEQ ID NO:10539	SEQ ID NO:18551
			AA	RASQDISDWLA	AASSLQS	QQANSLPWT
iPS:435785	NA	21-225_179C2		SEQ ID NO:2528	SEQ ID NO:10540	SEQ ID NO:18552
				AAATCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCCACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGGTTCT
				GCATAGTGAGAGGAAAGACC	TCT	CACT
				TACTTGTAT		
				SEQ ID NO:2529	SEQ ID NO:10541	SEQ ID NO:18553
			AA	KSSQSLLHSEGKTYLY	EVSHRFS	MQSIQVLT
				SEQ ID NO:2530	SEQ ID NO:10542	SEQ ID NO:18554
iPS:435787	NA	21-225_180A3		CGGGCGAGTCAGGATATTAC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
				CAGCTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:2531	SEQ ID NO:10543	SEQ ID NO:18555

【図４９－２１５】

FIGURE 49

		AA	RASQDTSWLA	AASSLQS	QQANSIPFT
			SEQ ID NO:2532	SEQ ID NO:10544	SEQ ID NO:18556
iPS:435789	21-225_180C4	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAGACCT	GCAACTTCCAACCGGTTC CCT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC GTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2533	SEQ ID NO:10545	SEQ ID NO:18557
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	ATSNREP	MQSIQVPWT
			SEQ ID NO:2534	SEQ ID NO:10546	SEQ ID NO:18558
iPS:435791	21-225_180H7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPFT
			SEQ ID NO:2536	SEQ ID NO:10548	SEQ ID NO:18560
iPS:435793	21-225_180P8	NA	CGGGCAAGTCAGACCATTCT CAGCTATTTAAAT	GGTGTATCCAGTTTACAAA AGT	CAGCAGAGTTACAGTACCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2537	SEQ ID NO:10549	SEQ ID NO:18561
		AA	RASQTILSYLN	GVSSLQS	QQSYSTPPT
			SEQ ID NO:2538	SEQ ID NO:10550	SEQ ID NO:18562
iPS:435795	21-225_181C2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAGACCT ATTTGTAT	GAAGTTTCCAACCGGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC CTGGACG
			SEQ ID NO:2539	SEQ ID NO:10551	SEQ ID NO:18563
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQVPWT
			SEQ ID NO:2540	SEQ ID NO:10552	SEQ ID NO:18564
iPS:435797	21-225_181G2	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAATGGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2541	SEQ ID NO:10553	SEQ ID NO:18565
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNGYPFT
			SEQ ID NO:2542	SEQ ID NO:10554	SEQ ID NO:18566

【図４９－２１６】

FIGURE 49

		NA	CGGGCAAGTCACAGCATTAG CAACTATTTAAAT	ACTACATTGAAATTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTTCTCC TCCGTGGACG
iPS:435799	21-225_181G3		SEQ ID NO:2543	SEQ ID NO:10555	SEQ ID NO:18567
		AA	RASHSISNYLN	TTLNLQS	QQSYSSPPWT
			SEQ ID NO:2544	SEQ ID NO:10556	SEQ ID NO:18568
iPS:435801	21-225_181I25	NA	AAGTCCAGCCAGAGIGTITT ACACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAACT	TGGGCATCTACCCGGGGA ATCC	CATCAGTATTTTATTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO:2545	SEQ ID NO:10557	SEQ ID NO:18569
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLT	WASTRES	HQYPITPWT
			SEQ ID NO:2546	SEQ ID NO:10558	SEQ ID NO:18570
iPS:435805	21-225_181A8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:2547	SEQ ID NO:10559	SEQ ID NO:18571
		AA	RASQGIRNDLG	TASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:2548	SEQ ID NO:10560	SEQ ID NO:18572
iPS:435807	21-225_181C10	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT ATTTGTAT	GAAGTTTCCAATCGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGATTCC CTGGACG
			SEQ ID NO:2549	SEQ ID NO:10561	SEQ ID NO:18573
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQIPWT
			SEQ ID NO:2550	SEQ ID NO:10562	SEQ ID NO:18574
iPS:435809	21-225_182H5	NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAC AGT	GCTGCATCCAGTTTACAAA ATTCACT	CAACAGGTTAACAGTTTCCC CAGCCTCGTTAGCC
			SEQ ID NO:2551	SEQ ID NO:10563	SEQ ID NO:18575
		AA	RASQDTSWLA	AASSLQS	QQVNSPPFT
			SEQ ID NO:2552	SEQ ID NO:10564	SEQ ID NO:18576
iPS:435811	21-225_183H6	NA	CAGGCGAGTCAGGATATTAG CAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATAATCTCCC TCTCACT
			SEQ ID NO:2553	SEQ ID NO:10565	SEQ ID NO:18577

【図４９－２１７】

FIGURE 49

		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDNLPLT
			SEQ ID NO:2554	SEQ ID NO:10566	SEQ ID NO:18578
iPS:435813	21-225_183A12	NA	CGGGCAAGTCGGAACATCA GCAACTATTTAAAT	GTTGTATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTTCCCC TCCGTGGACG
			SEQ ID NO:2555	SEQ ID NO:10567	SEQ ID NO:18579
		AA	RASRNISNYLN	VVSSLQS	QQSYSSPPWT
			SEQ ID NO:2556	SEQ ID NO:10568	SEQ ID NO:18580
iPS:435815	21-225_190G10	NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTAG CAGCAGATTCCTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGCTCACC TCCGTGGACG
			SEQ ID NO:2557	SEQ ID NO:10569	SEQ ID NO:18581
		AA	RASPSVSSRFLA	GASSRAT	QQYGSSPPWT
			SEQ ID NO:2558	SEQ ID NO:10570	SEQ ID NO:18582
iPS:435817	21-225_190B11	NA	CGGGCCAGTCAGAGTATTGG TAGTAACTTACAC	TCTGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CAGCAGAGTAGTTACCTAC GTGGACG
			SEQ ID NO:2559	SEQ ID NO:10571	SEQ ID NO:18583
		AA	RASQSIGSNLH	SASQSFS	QQSSSLPWT
			SEQ ID NO:2560	SEQ ID NO:10572	SEQ ID NO:18584
iPS:435819	21-225_190C11	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG CAATTATTTAGCC	AAAACATCCAGTTTACA AAGT	CAACAGTATATGACTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2561	SEQ ID NO:10573	SEQ ID NO:18585
		AA	RTSQGIGNYLA	KTSSLQS	QQYAMTYPLT
			SEQ ID NO:2562	SEQ ID NO:10574	SEQ ID NO:18586
iPS:435821	21-225_190E11	NA	AGGGCCAGTCAGAGTTTTCG CATCAAACTTAGCC	GGTGCATCCACCCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2563	SEQ ID NO:10575	SEQ ID NO:18587
		AA	RASQSFRDLA	GASTRAT	QQYNNWPLT
			SEQ ID NO:2564	SEQ ID NO:10576	SEQ ID NO:18588
iPS:435823	21-225_190F11	NA	CGGGCCAGTCAGAACATTGG TAGTAGCTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGAGTAGTAGTTTCCC TCCGACG
			SEQ ID NO:2565	SEQ ID NO:10577	SEQ ID NO:18589

【図４９－２１８】

FIGURE 49

		AA	RASQNIGSSLH	YASQSFS	HQSSSFPRT
			SEQ ID NO:2566	SEQ ID NO:10578	SEQ ID NO:18590
iPS:435825	21-225_190G11	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG CAATTATTTAGCC	AAAGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACGATATGACTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2567	SEQ ID NO:10579	SEQ ID NO:18591
		AA	RTSQGIGNYLA	KASSLQS	QQYAMTYPLT
			SEQ ID NO:2568	SEQ ID NO:10580	SEQ ID NO:18592
iPS:435827	21-225_190H11	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT ATTTGTAT	GAGGTTTCCAACCGGTTC CTGGACG	ATGCAAAGTATACAGTTTCC CTGGACG
			SEQ ID NO:2569	SEQ ID NO:10581	SEQ ID NO:18593
		AA	KSSQSLLHSDGRTYLY	EVSNRFA	MQSIQPPWT
			SEQ ID NO:2570	SEQ ID NO:10582	SEQ ID NO:18594
iPS:435829	21-225_190B12	NA	CGGGCCAGTCAGAGTATTGG TAGTAGCTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGACTAGAAGTTTACC TCTCACT
			SEQ ID NO:2571	SEQ ID NO:10583	SEQ ID NO:18595
		AA	RASQSIGSSLH	YASQSFS	HQYRSLPLT
			SEQ ID NO:2572	SEQ ID NO:10584	SEQ ID NO:18596
iPS:435831	21-225_190C12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAAAGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2573	SEQ ID NO:10585	SEQ ID NO:18597
		AA	RASQDIRKDLG	TASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:2574	SEQ ID NO:10586	SEQ ID NO:18598
iPS:435833	21-225_190D12	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GTTGCATCCACTTTGGCAA ATTCACT	CAAAAGTATAACAGTGCCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2575	SEQ ID NO:10587	SEQ ID NO:18599
		AA	RASQGISNYLA	VASTLQS	QKYNSAPFT
			SEQ ID NO:2576	SEQ ID NO:10588	SEQ ID NO:18600
iPS:435835		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAAGTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACGATATGATACTTACCC ATTCACT

【図４９－２１９】

FIGURE 49

		21-225_190F12			
iPS:435837	NA	21-225_198G3	AA	SEQ ID NO:2577	SEQ ID NO:10589	SEQ ID NO:18601
				RASQGIQKYLA	AASSLQS	QRYDYLYPPT
				CGGACGAGTCAGGGCATTGGAAACGCATCCAGTTTGCACAACTTATTAGCC	SEQ ID NO:2578	SEQ ID NO:10590	SEQ ID NO:18602
			NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGGAAACGCATCCAGTTTGCACAACTTATTAGCC	SEQ ID NO:2579	SEQ ID NO:10591	SEQ ID NO:18603
					RTSQGIQKYLA	KASSLQG	QQYMTYPLT
iPS:435839	NA	21-225_191B1	AA	SEQ ID NO:2580	SEQ ID NO:10592	SEQ ID NO:18604
				AGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATATGATTAGCC	RSSQSLLHSDGKTYLF	FLSNRFS	MQSFQLPWT
					SEQ ID NO:2581	SEQ ID NO:10593	SEQ ID NO:18605
iPS:435841	NA	21-225_191D8	AA	SEQ ID NO:2582	SEQ ID NO:10594	SEQ ID NO:18606
				AGGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACACGCTCCAACAATTACA	RASQSISLNFLA	GASSRAT	QQYGRSPWT
			NA	AGGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACACGCTCCAACAATTACA	SEQ ID NO:2583	SEQ ID NO:10595	SEQ ID NO:18607
			AA	RSSQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
iPS:435843	NA	21-225_191F1	AA	SEQ ID NO:2584	SEQ ID NO:10596	SEQ ID NO:18608
				AGGGCCAGTCAGAGTATTAGCCCTCCAACTTCTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGGTCACC
					CACT	GTGGACG
			AA	SEQ ID NO:2585	SEQ ID NO:10597	SEQ ID NO:18609
				RASQISLNFLA	GASSRAT	QQYGRSPWT
			NA	SEQ ID NO:2586	SEQ ID NO:10598	SEQ ID NO:18610
iPS:435845	NA	21-225_191G1		CGGGCGAGTCAGGGCATTAGCCAATTATTTAGCC	SEQ ID NO:2587	SEQ ID NO:10599	SEQ ID NO:18611
			AA		RASQGISNYLA	AASSLQS	QHYLTYPLT
					SEQ ID NO:2588	SEQ ID NO:10600	SEQ ID NO:18612

【図４９－２２０】

FIGURE 49

		21-225_191A3			
iPS:435847	NA	21-225_191C3	AA	AGGGCCAGTCAGAGTATTCGCAGCAAGGGC	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAATATGGTAACTCACC
					CACT	GTGGGCG
			AA	SEQ ID NO:2589	SEQ ID NO:10601	SEQ ID NO:18613
				RASQSIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
iPS:435849	NA			AGGGCCAGTCAGAGTATTCGCAGCAAGGGC	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
				CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GTGGGCG
			AA	SEQ ID NO:2590	SEQ ID NO:10602	SEQ ID NO:18614
				RASQSIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
iPS:435851	NA	21-225_191D3	AA	AGGGCCGGTCAAAGTATTAGCAACCAACTTCTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC
					CACT	GTGGACG
			AA	SEQ ID NO:2591	SEQ ID NO:10603	SEQ ID NO:18615
				RASQSIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
iPS:435853	NA	21-225_191E3	AA	SEQ ID NO:2592	SEQ ID NO:10604	SEQ ID NO:18616
				AGGGCCGTCAGAGTATTAGCAACCAACTTCTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC
					CACT	GTGGACG
			AA	SEQ ID NO:2593	SEQ ID NO:10605	SEQ ID NO:18617
				RASQSIRTNFLA	GASSRAT	QQYGSSPWT
			NA	SEQ ID NO:2594	SEQ ID NO:10606	SEQ ID NO:18618
iPS:435855	NA	21-225_191G3		AAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATATTTAGCC	GAGGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTTATCCAGCTTCC
			AA		GCT	CTGGACG
					KSSQSVLHSSNSYNYLA	WASTRKS	QQYYSSPPT
					SEQ ID NO:2595	SEQ ID NO:10609	SEQ ID NO:18621
iPS:435857	NA	21-225_191A4		CGGGCAAGTTCAGGGCATTAGCAACTTACTTAGCC	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
					AAT	GTGGACG
					SEQ ID NO:2599	SEQ ID NO:10611	SEQ ID NO:18623

【図４９－２２１】

FIGURE 49

		21-225_190A5			
iPS:435859	NA	21-225_190D6	AA	RASQGIRKDLG	TASSLQN	LQHNSYPWT
				SEQ ID NO:2600	SEQ ID NO:10612	SEQ ID NO:18624
				CGGACGAGTCAGGGCATTGGAAACGCATCCAGTTTGCACAACTTATTAGCC	SEQ ID NO:2601	SEQ ID NO:10613	SEQ ID NO:18625
					RTSQGIGNYLA	KASSLQS	QQYMTYPLT
iPS:435861	NA	21-225_190A5	AA	SEQ ID NO:2602	SEQ ID NO:10614	SEQ ID NO:18626
				CGGGCGAGTCAGGGCATTGGCACAACTTATTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAGTAATTACCC
					AGT	AGTCACT
			AA	SEQ ID NO:2603	SEQ ID NO:10615	SEQ ID NO:18627
				RASQGIGNHLA	AASSLQS	QQYSNYPVT
				SEQ ID NO:2604	SEQ ID NO:10616	SEQ ID NO:18628
iPS:435863	NA	21-225_191H4	AA	CGGGCCAATCAGAGCATTGGTACACTTACTTAGCC	TTATGCTTCCCAGTCCCTCTCACTCA	CATCAGACTGGTAGGTTACC
					TCA	TCTCACT
				SEQ ID NO:2605	SEQ ID NO:10617	SEQ ID NO:18629
			AA	RANQSIGSSLH	YASQSLS	HQTGRLPLT
				SEQ ID NO:2606	SEQ ID NO:10618	SEQ ID NO:18630
iPS:435865	NA	21-225_191A5		AGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCCAGCAACTTCTTAGCC	GGTGCTTCCAACAGGGC	CAGCAGTATGGTGGTTCACC
			AA		CACT	TCCGTGGACG
				SEQ ID NO:2607	SEQ ID NO:10619	SEQ ID NO:18631
				RASQSVSSRFLA	GASNRAT	QQYGSSPPWT
				SEQ ID NO:2608	SEQ ID NO:10620	SEQ ID NO:18632
iPS:435867	NA	21-225_191E5		CGGGCCAGTCAGAGCATTGGTACACTTACTTAGCC	TTATGCTTCCCAGTCCCTTCTCA	CATCAGAGTAGTTACCC
					TCA	TCGGACG
				SEQ ID NO:2609	SEQ ID NO:10621	SEQ ID NO:18633
			AA	RASQSIGSSLH	YASQSFS	HQSSSFPRT
				SEQ ID NO:2610	SEQ ID NO:10622	SEQ ID NO:18634
iPS:435869	NA	21-225_190B1		CGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAAATTATTTAGCC	GTTGCATCCAGTTTGGAA	CAACAGTATCTTAATTACCC
			AA		AGT	AGTCACT
				SEQ ID NO:2611	SEQ ID NO:10623	SEQ ID NO:18635

【図４９－２２２】

FIGURE 49

		21-225_191E6			
iPS:435871	NA	21-225_184E7	AA	RASQGIRNYLA	VASSLES	QQYLNYPVT
				SEQ ID NO:2612	SEQ ID NO:10624	SEQ ID NO:18636
				AAGTCTAGTCAGAGCCTCCTCCATAGTGATGGAAGGACCTATTTGTAT	GAGGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACATTTTCC
					GCT	CTGGACG
				SEQ ID NO:2613	SEQ ID NO:10625	SEQ ID NO:18637
			AA	KSSQSLLHSDGRTYLY	EVSNRFA	MQSIHFPWT
				SEQ ID NO:2614	SEQ ID NO:10626	SEQ ID NO:18638
iPS:435873	NA	21-225_190G4		CGGGCGAGTCAGGACATTGGCAGATATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAATATAGTACTTACCC
					GCT	GCTCACT
			AA	SEQ ID NO:2615	SEQ ID NO:10627	SEQ ID NO:18639
				RASQDIGRYLA	AASSLQS	QQYSTYPLT
				SEQ ID NO:2616	SEQ ID NO:10628	SEQ ID NO:18640
iPS:435875	NA	21-225_190B9		CGGGCGAGTCAGGGTATTAACAACTGTTTCCAGTTTGCAG	GGTGTTTCCAGTTTTGCAG	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			AA		AGT	GTGGACG
				SEQ ID NO:2617	SEQ ID NO:10629	SEQ ID NO:18641
				RASQGINWLA	GVSSLQS	QQANSPWT
				SEQ ID NO:2618	SEQ ID NO:10630	SEQ ID NO:18642
iPS:435877	NA	21-225_184E10		CGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAACTTATTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATGGTTACCC
			AA		AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:2619	SEQ ID NO:10631	SEQ ID NO:18643
				RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNGYPPT
				SEQ ID NO:2620	SEQ ID NO:10632	SEQ ID NO:18644
iPS:435879	NA	21-225_184B10		CGGGCAAGTCAGGGCATTAGCAAATGATTTAGGC	ATTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AA		AGT	ATTCACT
				SEQ ID NO:2621	SEQ ID NO:10633	SEQ ID NO:18645
				RASQGIRNDLG	IASSLQS	LQHNSYPPT
				SEQ ID NO:2622	SEQ ID NO:10634	SEQ ID NO:18646
iPS:435881	NA	21-225_191A4		CGGGCAAGTCAGGGCATTAGCAAATGATTTAGGC	ATTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AA		AGT	ATTCACT

10

20

30

40

50

【図４９－２２３】

FIGURE 49

21-225_184D11			SEQ ID NO:10635	SEQ ID NO:18647
		AA	RASQGIRNDLG	IASSLQS	LQHNSYPPT
iPS:435883	21-225_185A1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCAGTTTGCAA	CGACAATATCATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2625	SEQ ID NO:10637	SEQ ID NO:18649
		AA	RASQGISNYLA	VASSLQS	RQYHSYPPT
			SEQ ID NO:2626	SEQ ID NO:10638	SEQ ID NO:18650
iPS:435885	21-225_185E10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATGGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2627	SEQ ID NO:10639	SEQ ID NO:18651
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNGYPFT
			SEQ ID NO:2628	SEQ ID NO:10640	SEQ ID NO:18652
iPS:435887	21-225_186F7	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAAGCGGTT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC
			GCATGGTGATGGAAAGACCT	CTCT	CTGGACG
			ATTTGTGT		
			SEQ ID NO:2629	SEQ ID NO:10641	SEQ ID NO:18653
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLC	EVSKRFS	MQSIQVPWT
			SEQ ID NO:2630	SEQ ID NO:10642	SEQ ID NO:18654
iPS:435889	21-225_186A11	NA	CGGGCGAGTCAGGATATTAC	GCTGCATCCAGTTTACAA	CAACAGGTTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2631	SEQ ID NO:10643	SEQ ID NO:18655
		AA	RASQDITSWLA	AASSLQS	QQYNSFPPT
			SEQ ID NO:2632	SEQ ID NO:10644	SEQ ID NO:18656
iPS:435891	21-225_188H5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCTTCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTATCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2633	SEQ ID NO:10645	SEQ ID NO:18657
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPFT
			SEQ ID NO:2634	SEQ ID NO:10646	SEQ ID NO:18658

【図４９－２２４】

FIGURE 49

iPS:435895	21-225_188E8	NA	CGGGCGAATCAGGATATTTC	GCTGCATCCAATTTGCAA	CAGCAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2635	SEQ ID NO:10647	SEQ ID NO:18659
		AA	RANQDISSWLA	AASNLQS	QQANSFPWT
			SEQ ID NO:2636	SEQ ID NO:10648	SEQ ID NO:18660
iPS:435897	21-225_188B9	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2637	SEQ ID NO:10649	SEQ ID NO:18661
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPFT
			SEQ ID NO:2638	SEQ ID NO:10650	SEQ ID NO:18662
iPS:435899	21-225_188G11	NA	ATGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGATTCC
			GCATGGTGATGGAAAGACCT	TCT	TTGGACG
			ATTTATAT		
			SEQ ID NO:2639	SEQ ID NO:10651	SEQ ID NO:18663
		AA	MSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQIPWT
			SEQ ID NO:2640	SEQ ID NO:10652	SEQ ID NO:18664
iPS:435901	21-225_189G2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGATTCC
			GCATGGTGATGGAAAGACCT	TCT	GTGGACG
			ATTTGTTT		
			SEQ ID NO:2641	SEQ ID NO:10653	SEQ ID NO:18665
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLF	EVSNRFS	MQSIQIPWT
			SEQ ID NO:2642	SEQ ID NO:10654	SEQ ID NO:18666
iPS:435903	21-225_190E2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTGTAGTCTTCC
			ATTCAACTCCAACAATAAGA	ATCC	ATTCACT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2643	SEQ ID NO:10655	SEQ ID NO:18667
		AA	KSSQSVLFNSNNKNYLA	WASTRES	QQYCSLPFT
			SEQ ID NO:2644	SEQ ID NO:10656	SEQ ID NO:18668
iPS:435905		NA	AGGGCCAGTCAGAGATATAA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			GGAAGCAACTTCTTAGCC	CACT	GTTGGACG

【図４９－２２５】

FIGURE 49

21-225_190A3			SEQ ID NO:2645	SEQ ID NO:10657	SEQ ID NO:18669
		AA	RASQNIRSNFLA	GASSRAT	QQYGNSPWT
iPS:435907	21-225_190G3	NA	SEQ ID NO:2646	SEQ ID NO:10658	SEQ ID NO:18670
			CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAAAGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2647	SEQ ID NO:10659	SEQ ID NO:18671
		AA	RASQGIRKDLG	TASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:2648	SEQ ID NO:10660	SEQ ID NO:18672
iPS:435909	21-225_190H3	NA	CGGGCGAGTCAGGGTCTTAA	GCTGTGTCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTCTCCC
			CAACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2649	SEQ ID NO:10661	SEQ ID NO:18673
		AA	RASQGLNNWLA	AVSSLQS	QQANSLPWT
			SEQ ID NO:2650	SEQ ID NO:10662	SEQ ID NO:18674
iPS:435911	21-225_190H4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTCG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GTGGGCG
		AA	RASQSIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
			SEQ ID NO:2652	SEQ ID NO:10664	SEQ ID NO:18676
iPS:435913	21-225_190A7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATACCGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			AAGCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2653	SEQ ID NO:10665	SEQ ID NO:18677
		AA	RASQSVRSNFLA	GAYRRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2654	SEQ ID NO:10666	SEQ ID NO:18678
iPS:435915	21-225_190H4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTATTCC
			ACACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCCACT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2655	SEQ ID NO:10667	SEQ ID NO:18679
		AA	KSSQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSIPPT
			SEQ ID NO:2656	SEQ ID NO:10668	SEQ ID NO:18680

【図４９－２２６】

FIGURE 49

iPS:435917	21-225_190D5	NA	CGGGCCAGTCAGAGTATTGG	TCTGCTTCCCAGTCCTTC	CAGCAGAGTAGTAGTTTACC
			TAGTAACTTACAC	TCA	GTGGACG
			SEQ ID NO:2657	SEQ ID NO:10669	SEQ ID NO:18681
		AA	RASQSISGNLH	SASQSFS	QQSSSLPWT
			SEQ ID NO:2658	SEQ ID NO:10670	SEQ ID NO:18682
iPS:435919	21-225_190H5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC
			AAAAGATTTAGGC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2659	SEQ ID NO:10671	SEQ ID NO:18683
		AA	RASQGIRKDLG	TASSLQS	LQHNNYPWT
			SEQ ID NO:2660	SEQ ID NO:10672	SEQ ID NO:18684
iPS:435921	21-225_190D6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTTCCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2661	SEQ ID NO:10673	SEQ ID NO:18685
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSFPFT
			SEQ ID NO:2662	SEQ ID NO:10674	SEQ ID NO:18686
iPS:435923	21-225_190H6	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTGTAGTCTTCC
			ATTCAACTCCAACAATAAGA	ATCC	ATTCACT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2663	SEQ ID NO:10675	SEQ ID NO:18687
		AA	KSSQSVLFNSNNKNYLA	WASTRES	QQYCSLPFT
			SEQ ID NO:2664	SEQ ID NO:10676	SEQ ID NO:18688
iPS:435925	21-225_190D7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGAA	CAACAATATTATCGTACTCC
			ATCCAGCTCCAACAATTACA	ATCC	GTGGACG
			ACTATTTAGTT		
			SEQ ID NO:2665	SEQ ID NO:10677	SEQ ID NO:18689
		AA	KSSQSVLSSSNNYNYLV	WASTRKS	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO:2666	SEQ ID NO:10678	SEQ ID NO:18690
iPS:435927	21-225_190E7	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAGGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
			CCATAGTGATGGAAGGACCT	TCT	CTGGACG
			ATTTGTAT		

【図４９－２２７】

FIGURE 49

iPS:435961	21-225_192A2	NA	CGGGCGAATCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAATAGTTACCC	SEQ ID NO:2667	SEQ ID NO:10679	SEQ ID NO:18691
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT			
		AA	RANQGINNYLA	AASSLQS	QQYNSTYPFT	SEQ ID NO:2691	SEQ ID NO:10703	SEQ ID NO:18715
			SEQ ID NO:2692	SEQ ID NO:10704	SEQ ID NO:18716			
iPS:435963	21-225_192D2	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACATTATGTTACTTACCC	SEQ ID NO:2669	SEQ ID NO:10681	SEQ ID NO:18693
			CAATTATTTAGCC	AGT	GAACACT			
		AA	RASQQISNYLA	AASSLQS	QHYYTYPNFT	SEQ ID NO:2693	SEQ ID NO:10705	SEQ ID NO:18717
			SEQ ID NO:2694	SEQ ID NO:10706	SEQ ID NO:18718			
iPS:435965	21-225_192H2	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATAA	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTCTAACAGTTTCCC	SEQ ID NO:2695	SEQ ID NO:10707	SEQ ID NO:18719
			GTAGTTGGAATAGCC	AAGT	ATTCACT			
		AA	RASQQISSWTA	GASSLQS	QQSNSFPFT	SEQ ID NO:2696	SEQ ID NO:10708	SEQ ID NO:18720
iPS:435967	21-225_192H3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTCG	GGTGCATCTAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC	SEQ ID NO:2697	SEQ ID NO:10709	SEQ ID NO:18721
			CAGCAGCTTCCTTGCC	CACT	GTGGGCCG			
		AA	RASQSVRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA	SEQ ID NO:2698	SEQ ID NO:10710	SEQ ID NO:18722
iPS:435971	21-225_192D3	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACATTATCTTACTTACCCT	SEQ ID NO:2699	SEQ ID NO:10711	SEQ ID NO:18723
			CAATTATTTAGCC	AGT	CTCACT			
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	LHYLTYPLT	SEQ ID NO:2700	SEQ ID NO:10712	SEQ ID NO:18724
iPS:435973	21-225_192H3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAATATGGTATCTCACC	SEQ ID NO:2701	SEQ ID NO:10713	SEQ ID NO:18725
			CAGCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG			
		AA	RASQSVSSNFLA	GASSRAT	QQYGISPWT	SEQ ID NO:2702	SEQ ID NO:10714	SEQ ID NO:18726

【図４９－２２８】

FIGURE 49

iPS:435929	21-225_190D9	NA	CGGGCCAGTCAGAGTATTGG	TATGCTTCCCAGTCCTTC	CATCAGAGTATAGTTTCCC	SEQ ID NO:2667	SEQ ID NO:10679	SEQ ID NO:18691
			TAGTAGCTTACAC	TCA	TCGGACG			
		AA	RASQSISSSLH	YASQSFS	HQSSSFPRT	SEQ ID NO:2669	SEQ ID NO:10681	SEQ ID NO:18693
iPS:435933	21-225_190H8	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG	AAAGCATCCAGTTTACA	CAACAGTATATGACTTACCC	SEQ ID NO:2670	SEQ ID NO:10682	SEQ ID NO:18694
			CAATTATTTAGCC	AAGT	ACTCACT			
		AA	RTSQGINNYLA	KASSLQS	QQYMTYPLT	SEQ ID NO:2671	SEQ ID NO:10683	SEQ ID NO:18695
iPS:435935	21-225_190H8	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG	TATGCTTCCCAGTCCTTC	CATCAGAGTATGTTTCCC	SEQ ID NO:2672	SEQ ID NO:10684	SEQ ID NO:18696
			TAGTAGCTTACAC	TCA	TCGGACG			
		AA	RASQSISSSLH	YASQSFS	HQSSSFPRT	SEQ ID NO:2673	SEQ ID NO:10685	SEQ ID NO:18697
iPS:435937	21-225_190H9	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACGATATGATACTTACCC	SEQ ID NO:2674	SEQ ID NO:10686	SEQ ID NO:18698
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT			
		AA	RASQGIGKYLA	AASSLQS	QRYDTYPFT	SEQ ID NO:2675	SEQ ID NO:10687	SEQ ID NO:18699
iPS:435939	21-225_191H7	NA	AGGGCCGGTCAAAGTATTAG	GGTCCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC	SEQ ID NO:2676	SEQ ID NO:10688	SEQ ID NO:18700
			AACCGACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG			
		AA	RAQSQSISSSLH	YASQSFS	HQTRSLPLT	SEQ ID NO:2677	SEQ ID NO:10689	SEQ ID NO:18701
			SEQ ID NO:2678	SEQ ID NO:10690	SEQ ID NO:18702			
iPS:435941		NA	AGGCCCAGTCAGAGTTTTAG	GGTGCATCCACTAGGGC	CAGCAGTATAATAACTGGCC	SEQ ID NO:2679	SEQ ID NO:10691	SEQ ID NO:18703
			CAGAAACTTAGCC	CACT	GCTCACT			
		AA	RPSQSFSRNLA	GASTRAT	QQYNNWPLT	SEQ ID NO:2680	SEQ ID NO:10692	SEQ ID NO:18704
iPS:435943	21-225_191C9	NA	CGGGCCAGTCAGAGTATTGG	TATGCTTCCCAGTCCTTC	CATCAGACTACGAAGTTTTACC	SEQ ID NO:2681	SEQ ID NO:10693	SEQ ID NO:18705
			TAGTAGTTTACAC	TCA	TCTCACT			
		AA	RASQSISSSLH	YASQSFS	HQTRSLPLT	SEQ ID NO:2682	SEQ ID NO:10694	SEQ ID NO:18706
iPS:435945	21-225_191A10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAGTACTTACCC	SEQ ID NO:2683	SEQ ID NO:10695	SEQ ID NO:18707
			CAAGTATTTAGCC	AGT	GCTCACT			
		AA	RASQGIGKYLA	AASSLQS	QQYSTYPLT	SEQ ID NO:2684	SEQ ID NO:10696	SEQ ID NO:18708
iPS:435947	21-225_191E10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAGTACTTACCC	SEQ ID NO:2685	SEQ ID NO:10697	SEQ ID NO:18709
			CAAGTATTTAGCC	AGT	GCTCACT			
		AA	RASQGIGKYLA	AASSLQS	QQYSTYPLT	SEQ ID NO:2686	SEQ ID NO:10698	SEQ ID NO:18710
iPS:435953	21-225_191B12	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCCTCTACCCGGGA	CAGCAATATTCTAGTCTTCC	SEQ ID NO:2687	SEQ ID NO:10699	SEQ ID NO:18711
			ATTCAACTCCCAACAATAAGA	ATCC	ATTCACT			
			ACTACTTAGCT					
		AA	KSSQSVLFNSNNKNYLA	WASTRES	QQYSSLPPT	SEQ ID NO:2688	SEQ ID NO:10700	SEQ ID NO:18712
iPS:435957	21-225_191G12	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG	AAAGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTATATCACTTACCC	SEQ ID NO:2689	SEQ ID NO:10701	SEQ ID NO:18713
			CAATTATTTAGCC	AAGT	GCTCACT			
		AA	RTSQGIGNYLA	KASSLQS	QQYTVPLT	SEQ ID NO:2690	SEQ ID NO:10702	SEQ ID NO:18714

【図４９－２２９】

FIGURE 49

iPS:435977	21-225_192E4	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GTTGTATCCAGTTTACAA	CAACGGTATGATACTTACCC	SEQ ID NO:2667	SEQ ID NO:10679	SEQ ID NO:18691
			CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT			
		AA	RASQGIGNYLA	VVSSLQS	QRYDTYPFT	SEQ ID NO:2703	SEQ ID NO:10715	SEQ ID NO:18727
iPS:435979	21-225_192H4	NA	CGGGCGAGTCAGGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACATTATCTCAATTACCC	SEQ ID NO:2704	SEQ ID NO:10716	SEQ ID NO:18728
			CAATTATTTAGCC	AGT	GCTCACT			
		AA	RASQDISNYLA	AASSLQS	LHYLNTPLT	SEQ ID NO:2705	SEQ ID NO:10717	SEQ ID NO:18729
iPS:435983	21-225_192E5	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG	TATGCTTCCCAGTCATTC	CATCAGAGTAGTCGTTTACC	SEQ ID NO:2706	SEQ ID NO:10718	SEQ ID NO:18730
			TAGGAGTTTACAC	TCA	GCTCACT			
		AA	RASQSIGRSLH	YASQSFS	HQSSRLPLT	SEQ ID NO:2707	SEQ ID NO:10719	SEQ ID NO:18731
			SEQ ID NO:2708	SEQ ID NO:10720	SEQ ID NO:18732			
iPS:435985	21-225_192F6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTTCCC	SEQ ID NO:2709	SEQ ID NO:10721	SEQ ID NO:18733
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT			
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSPPFT	SEQ ID NO:2710	SEQ ID NO:10722	SEQ ID NO:18734
iPS:435987	21-225_192G6	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG	AAAGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTATATGACTTACCC	SEQ ID NO:2711	SEQ ID NO:10723	SEQ ID NO:18735
			CAATTATTTAGCC	AAGT	GCTCACT			
		AA	RTSQGIGNYLA	KASSLQS	QQYMTYPLT	SEQ ID NO:2712	SEQ ID NO:10724	SEQ ID NO:18736
iPS:435989	21-225_192H7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATACTACTAGTTACCC	SEQ ID NO:2713	SEQ ID NO:10725	SEQ ID NO:18737
			AAAAGATTTAGGC	AGT	GTGGACG			
		AA	RASQGIKDLG	TASSLQS	LQHTSYPWT	SEQ ID NO:2714	SEQ ID NO:10726	SEQ ID NO:18738

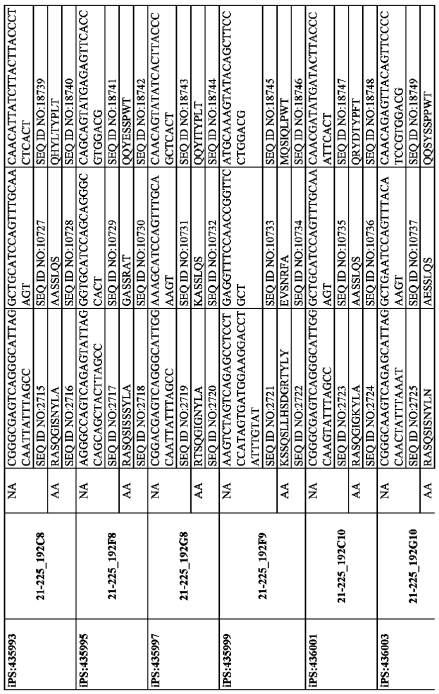
【図４９－２３０】

FIGURE 49

iPS:435957	21-225_191G12	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG	AAAGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTATATCACTTACCC	SEQ ID NO:2689	SEQ ID NO:10701	SEQ ID NO:18713
			CAATTATTTAGCC	AAGT	GCTCACT			
		AA	RTSQGIGNYLA	KASSLQS	QQYTVPLT	SEQ ID NO:2690	SEQ ID NO:10702	SEQ ID NO:18714

【図４９－２３１】

FIGURE 49



iPS:435993	21-225_192C8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACATTATCTTACTTACCCT
			CAATTATTTAGCCC	AGT	CTCACT
			SEQ ID NO:2715	SEQ ID NO:10727	SEQ ID NO:18739
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QHYLTYPLT
			SEQ ID NO:2716	SEQ ID NO:10728	SEQ ID NO:18740
iPS:435995	21-225_192F8	NA	AGGGCCAGTCAGATTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAGAGTTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	RASQGISSSYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:2717	SEQ ID NO:10729	SEQ ID NO:18741
		AA	RASQSISSSYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:2718	SEQ ID NO:10730	SEQ ID NO:18742
iPS:435997	21-225_192G8	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG	AAAGCATCCAGTTTGCA	CAACAGTATATCACTTACCC
			CAATTATTTAGCCC	AAGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2719	SEQ ID NO:10731	SEQ ID NO:18743
		AA	RTSQGIGNYLA	KASSLQS	QQYITYPLT
			SEQ ID NO:2720	SEQ ID NO:10732	SEQ ID NO:18744
iPS:435999	21-225_192F9	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAGGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
			CCATAGTGATGGAAGGACCT	GCT	CTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2721	SEQ ID NO:10733	SEQ ID NO:18745
		AA	KSSQSLLHSDGRTYLY	EVSNRFA	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2722	SEQ ID NO:10734	SEQ ID NO:18746
iPS:436001	21-225_192C10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACGATATGATACTTACCC
			CAAGTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2723	SEQ ID NO:10735	SEQ ID NO:18747
		AA	RASQGIGKYLA	AASSLQS	QRYDTYPFT
			SEQ ID NO:2724	SEQ ID NO:10736	SEQ ID NO:18748
iPS:436003	21-225_192G10	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGAATCCAGTTTACA	CAACAGAGTTACAGTTCCCC
			CAACTATTTAAAT	AAGT	TCCGTGGACG
			SEQ ID NO:2725	SEQ ID NO:10737	SEQ ID NO:18749
		AA	RASQISNYLN	AESSLQS	QQSYSSPPWT

【図４９－２３２】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:2726	SEQ ID NO:10738	SEQ ID NO:18750
iPS:436005	21-225_192H10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAGTACTTACCC
			CAAGTATTTAGCCC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2727	SEQ ID NO:10739	SEQ ID NO:18751
		AA	RASQGIGKYLA	AASSLQS	QQYSTYPLT
			SEQ ID NO:2728	SEQ ID NO:10740	SEQ ID NO:18752
iPS:436007	21-225_192G12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTCAG	GGTGTATCCCGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			AAGCGACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2729	SEQ ID NO:10741	SEQ ID NO:18753
		AA	RASQSVRSDFLA	GVSRRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2730	SEQ ID NO:10742	SEQ ID NO:18754
iPS:436009	21-225_193A1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCCGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			AAGCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2731	SEQ ID NO:10743	SEQ ID NO:18755
		AA	RASQSVRSNFLA	GASSRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2732	SEQ ID NO:10744	SEQ ID NO:18756
iPS:436011	21-225_193B1	NA	AGGGCCAGTCAGATGTTAG	GGTGCATCCCGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			AAGCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2733	SEQ ID NO:10745	SEQ ID NO:18757
		AA	RASQSVRSNFLA	GASSRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2734	SEQ ID NO:10746	SEQ ID NO:18758
iPS:436013	21-225_193F2	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAA	GGTGTTTCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2735	SEQ ID NO:10747	SEQ ID NO:18759
		AA	RASQGINNWLA	GVSSLQS	QQANSPWT
			SEQ ID NO:2736	SEQ ID NO:10748	SEQ ID NO:18760
iPS:436015	21-225_193B3	NA	AGGGCCAGTCAGATGTATTCG	GGTGCATCCAACAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2737	SEQ ID NO:10749	SEQ ID NO:18761
		AA	RASQSIRSSFLA	GASNRAT	QQYGNSPWA

【図４９－２３３】

FIGURE 49

iPS:436017	21-225_193F3	NA	AGGGCCGGTCAAAGTATTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGAAGCTCACC
			AACCGACTTCTTAGTC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2739	SEQ ID NO:10751	SEQ ID NO:18763
		AA	RAQQSIRTDFLV	GASSRAT	QQYGSSPWT
			SEQ ID NO:2740	SEQ ID NO:10752	SEQ ID NO:18764
iPS:436019	21-225_193C4	NA	CGGCCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCACTTTACAA	CAAAAGTATAACAGTGCCCC
			CATTTATTTAGCC	TCA	ATTCACT
			SEQ ID NO:2741	SEQ ID NO:10753	SEQ ID NO:18765
		AA	RPSQGISTYLA	AASTLQS	QKYNSAPFT
			SEQ ID NO:2742	SEQ ID NO:10754	SEQ ID NO:18766
iPS:436021	21-225_193G4	NA	AAGTCCAGCCAGATGTTTTT	TGGGCATCTACCCGAAA	CAGCAATATTATATTACTCC
			ATACAGCTCCAACAATTATA	ATCC	GTGGACG
			ACTACTTGACT		
			SEQ ID NO:2743	SEQ ID NO:10755	SEQ ID NO:18767
		AA	KSSQSVLYSSSNNTNYLT	WASTRKS	QQYYTTPWT
			SEQ ID NO:2744	SEQ ID NO:10756	SEQ ID NO:18768
iPS:436023	21-225_193A5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATGATTTCCC
			AAATGATTTAGGG	AGT	GTTCACT
			SEQ ID NO:2745	SEQ ID NO:10757	SEQ ID NO:18769
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNDYPPT
			SEQ ID NO:2746	SEQ ID NO:10758	SEQ ID NO:18770
iPS:436025	21-225_193B5	NA	CGGGCCAAGTCAGAGCATTGG	TATGCTTCCCCAGTCCTTC	CATCAGAGTAGTCGTTTACC
			TAGTAGCTTACAC	TCA	ATTCACT
			SEQ ID NO:2747	SEQ ID NO:10759	SEQ ID NO:18771
		AA	RASQSIGSSLH	YASQSFS	HQSSRLPFT
			SEQ ID NO:2748	SEQ ID NO:10760	SEQ ID NO:18772
iPS:436027	21-225_193E6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAGAGTTCACC
			GAGCGGTTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2749	SEQ ID NO:10761	SEQ ID NO:18773

【図４９－２３４】

FIGURE 49

		AA	RASQSVRSGYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:2750	SEQ ID NO:10762	SEQ ID NO:18774
iPS:436029	21-225_193H6	NA	AGGGCCGGTCAAAGTATTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC
			AACCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
		AA	RAQQSIRTNFLA	GASSRAT	QQYGSSPWT
			SEQ ID NO:2751	SEQ ID NO:10763	SEQ ID NO:18775
iPS:436031	21-225_193C7	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATAGTACTTACCC
			CAAGTATTTAGCC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2753	SEQ ID NO:10765	SEQ ID NO:18777
		AA	RASQGIGKYLA	AASSLQS	QQYSTYPLT
			SEQ ID NO:2754	SEQ ID NO:10766	SEQ ID NO:18778
iPS:436033	21-225_193E7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	TCTGTCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAAAAGGTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGG	GCTCACT
			SEQ ID NO:2755	SEQ ID NO:10767	SEQ ID NO:18779
		AA	RASQGIRNDLG	SASSLQR	LQHKRYPLT
			SEQ ID NO:2756	SEQ ID NO:10768	SEQ ID NO:18780
iPS:436035	21-225_193C8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTCG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAATATGGTAACTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GTGGGCG
			SEQ ID NO:2757	SEQ ID NO:10769	SEQ ID NO:18781
		AA	RASQSIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
			SEQ ID NO:2758	SEQ ID NO:10770	SEQ ID NO:18782
iPS:436037	21-225_193D8	NA	AGTGGCCAGTCAGAGTATAA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			GGACCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2759	SEQ ID NO:10771	SEQ ID NO:18783
		AA	RASQSIRTNFLA	GASSRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2760	SEQ ID NO:10772	SEQ ID NO:18784
iPS:436039	21-225_193F8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCGTTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATATAATACCCC
			CAATCATTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2761	SEQ ID NO:10773	SEQ ID NO:18785

【図４９－２３５】

FIGURE 49

		AA	RASQGVSNHLA	AASSLQS	QQYNSYPFT
			SEQ ID NO:2762	SEQ ID NO:10774	SEQ ID NO:18786
iPS:436041	21-225_193G8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCCGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			AACCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2763	SEQ ID NO:10775	SEQ ID NO:18787
		AA	IQASQVRINFLA	GASRIAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2764	SEQ ID NO:10776	SEQ ID NO:18788
iPS:436043	21-225_193G9	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG	TATGCTTCCCAGTCATTC	CATCAGAGTAGTCGTTTACC
			TAGGAGTTTACAC	TCA	GCTCACT
		AA	RASQSIGRSLH	YASQSFS	HQSSRLPLT
			SEQ ID NO:2766	SEQ ID NO:10778	SEQ ID NO:18790
iPS:436045	21-225_193A10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACATTATCTTACCCT
			CAATTATTTAGCCC	AGT	CTCACT
			SEQ ID NO:2767	SEQ ID NO:10779	SEQ ID NO:18791
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QHYLTYPLT
			SEQ ID NO:2768	SEQ ID NO:10780	SEQ ID NO:18792
iPS:436047	21-225_193B10	NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGGAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC
			CAGCAGCTACTTAGCC	CACT	TCCGTGGACG
			SEQ ID NO:2769	SEQ ID NO:10781	SEQ ID NO:18793
		AA	RASPSVSSSYLA	GASRIAT	QQYGSSPPWT
			SEQ ID NO:2770	SEQ ID NO:10782	SEQ ID NO:18794
iPS:436049	21-225_193B12	NA	AGGGCCAGTCAGATATTCG	GATGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GTGGGCG
			SEQ ID NO:2771	SEQ ID NO:10783	SEQ ID NO:18795
		AA	RASQISRSSFLA	DASSRAT	QQYGNSPWA
			SEQ ID NO:2772	SEQ ID NO:10784	SEQ ID NO:18796
iPS:436051	21-225_193G12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAATAACTGGCC
			CAGCAGCTTAGCC	CACT	GTGCAGT
			SEQ ID NO:2773	SEQ ID NO:10785	SEQ ID NO:18797

【図４９－２３６】

FIGURE 49

		AA	RASQSVSSSLA	GASTRAT	QQYNNWPCS
			SEQ ID NO:2774	SEQ ID NO:10786	SEQ ID NO:18798
iPS:436054	21-225_194C1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACATTATCTTACTTACCCT
			CAATTATTTAGCC	AGT	CTCACT
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	LHYLTYPLT
			SEQ ID NO:2776	SEQ ID NO:10788	SEQ ID NO:18800
iPS:436056	21-225_194C3	NA	CGGGCCAGTCAGATATTCGG	TCTGCTTCCCAGTCCTTC	CAGCAGAGTAGTAGTTTACC
			TAGTAACTTACAC	TCA	GTGGACG
			SEQ ID NO:2777	SEQ ID NO:10789	SEQ ID NO:18801
		AA	RASQSISSNLH	SASQSFS	QQSSSLPWT
			SEQ ID NO:2778	SEQ ID NO:10790	SEQ ID NO:18802
iPS:436058	21-225_194A4	NA	AGGGCCAGTCGGGGTGTTAG	GGTGCTTCCAACAGGGC	CAGCACAATGATTACTCAAT
			CAACATCTACTTAGCC	CACT	GTTCCACT
			SEQ ID NO:2779	SEQ ID NO:10791	SEQ ID NO:18803
		AA	RASRGVSNIYLA	GASNRAT	QHNDYSMFT
			SEQ ID NO:2780	SEQ ID NO:10792	SEQ ID NO:18804
iPS:436060	21-225_194F4	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAGGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTAATACAGCTTCC
			CCATAGTGATGGAAGGACCT	TCT	CTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2781	SEQ ID NO:10793	SEQ ID NO:18805
		AA	KSSQSLLHSDGRTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2782	SEQ ID NO:10794	SEQ ID NO:18806
iPS:436062	21-225_194E5	NA	AGGGCCGGTCAAAGTATTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGTTCACC
			AACCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2783	SEQ ID NO:10795	SEQ ID NO:18807
		AA	RAGQSIRTNFLA	GASSRAT	QQYGSSPWT
			SEQ ID NO:2784	SEQ ID NO:10796	SEQ ID NO:18808
iPS:436064		NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC
			AAGCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG

【図４９－２３７】

FIGURE 49

	21-225_194E6		SEQ ID NO:2785	SEQ ID NO:10797	SEQ ID NO:18809
		AA	RASQSIRSNFLA	GASSRAT	QQYGSSPWT
			SEQ ID NO:2786	SEQ ID NO:10798	SEQ ID NO:18810
iPS:436066	21-225_194B7	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGGTTGCA	CAACATTATCTTAATTACCCT
			CAAATATTTAGCC	AAGT	CTCACC
			SEQ ID NO:2787	SEQ ID NO:10799	SEQ ID NO:18811
		AA	RASQGISKYLA	GASRLQS	QHYIYNYPLT
			SEQ ID NO:2788	SEQ ID NO:10800	SEQ ID NO:18812
iPS:436068	21-225_194F7	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGGTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2789	SEQ ID NO:10801	SEQ ID NO:18813
		AA	RASQGISRWLA	AASSLQS	QQANSTPWT
			SEQ ID NO:2790	SEQ ID NO:10802	SEQ ID NO:18814
iPS:436072	21-225_194C10	NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTAA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGAAAGCTCACC
			CAGCGGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2791	SEQ ID NO:10803	SEQ ID NO:18815
		AA	RASPSVNSGYLA	GASSRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:2792	SEQ ID NO:10804	SEQ ID NO:18816
iPS:436074	21-225_194F10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CTACAGCATTATAGTTTCCC
			AAATGGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2793	SEQ ID NO:10805	SEQ ID NO:18817
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSPPFT
			SEQ ID NO:2794	SEQ ID NO:10806	SEQ ID NO:18818
iPS:436076	21-225_194H11	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTACAA	CAACATTATCTTACTTACCCT
			CAATTATTTAGCC	AGT	CTCACT
			SEQ ID NO:2795	SEQ ID NO:10807	SEQ ID NO:18819
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QHYITYPLT
			SEQ ID NO:2796	SEQ ID NO:10808	SEQ ID NO:18820
iPS:436078		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACGATATGATACTTACCC
			CAAGTATTTAGCA	AGT	ATTCACT

【図４９－２３８】

FIGURE 49

	21-225_194H12		SEQ ID NO:2797	SEQ ID NO:10809	SEQ ID NO:18821
		AA	RASQGIGKYLA	AASSLQS	QRYDTYPFT
			SEQ ID NO:2798	SEQ ID NO:10810	SEQ ID NO:18822
iPS:436080	21-225_195B1	NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTAA	GGTGCATCCAACAGGGC	CAGCAGTATGAAAGCTCACC
			CAGTAACTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2799	SEQ ID NO:10811	SEQ ID NO:18823
		AA	RASPSVNSNYLA	GASNRAT	QQYESSPWT
			SEQ ID NO:2800	SEQ ID NO:10812	SEQ ID NO:18824
iPS:436082	21-225_195D9	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCTA	CAACGGGCTAACAGTTTCCC
			CAGGTGGTTAGCC	GGT	GTGGACGT
			SEQ ID NO:2801	SEQ ID NO:10813	SEQ ID NO:18825
		AA	RASQGISRWLA	AASSLLG	QRANSTPCS
			SEQ ID NO:2802	SEQ ID NO:10814	SEQ ID NO:18826
iPS:436084	21-225_195F2	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG	TTATGCTTCCCCAGTCCTTC	CATCAGAGTAGAACTTTACC
			TAGTAGCTTACAC	TCA	GCTCACT
			SEQ ID NO:2803	SEQ ID NO:10815	SEQ ID NO:18827
		AA	RASQSIGSSLH	YASQSFS	HQSRTLPLT
			SEQ ID NO:2804	SEQ ID NO:10816	SEQ ID NO:18828
iPS:436086	21-225_195G10	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG	AAAGTATCCAGTTTGCA	CAACAGTATATGACTTACCC
			CAAGTATTTAGCC	AAGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2805	SEQ ID NO:10817	SEQ ID NO:18829
		AA	RTSQGIGKYLA	KVSSLQS	QQYMTYPLT
			SEQ ID NO:2806	SEQ ID NO:10818	SEQ ID NO:18830
iPS:436088	21-225_195C8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTCG	GGTGCATTTAGTAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GTGGGCG
			SEQ ID NO:2807	SEQ ID NO:10819	SEQ ID NO:18831
		AA	RASQSIRSSYLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
			SEQ ID NO:2808	SEQ ID NO:10820	SEQ ID NO:18832
iPS:436090		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACATTATCTTACTTACCCT
			CAATTATTTAGCC	AGT	CTCACT

【図４９－２３９】

FIGURE 49

	21-225_195A9		SEQ ID NO:2809	SEQ ID NO:10821	SEQ ID NO:18833
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QHYLTYPFT
iPS:436092			SEQ ID NO:2810	SEQ ID NO:10822	SEQ ID NO:18834
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAA GAAAGATTTAGCC	CTACAGCATTATCGTTACCC ATTCACT
	21-225_195B9		SEQ ID NO:2811	SEQ ID NO:10823	SEQ ID NO:18835
		AA	RASQGIRKDLG	AASDLQS	LQHYRYPWT
			SEQ ID NO:2812	SEQ ID NO:10824	SEQ ID NO:18836
iPS:436094		NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG TAGTAGCTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGAGTGGTCGTTTACC GCTCACT
	21-225_195B10		SEQ ID NO:2813	SEQ ID NO:10825	SEQ ID NO:18837
		AA	RASQSISSSLH	YASQSFS	HQSGRLPLT
			SEQ ID NO:2814	SEQ ID NO:10826	SEQ ID NO:18838
iPS:436096		NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG TAGTAGCTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGAGTAGTCGTTTACC ATTCACT
	21-225_195E10		SEQ ID NO:2815	SEQ ID NO:10827	SEQ ID NO:18839
		AA	RASQSISSSLH	YASQSFS	HQSSRLPPT
			SEQ ID NO:2816	SEQ ID NO:10828	SEQ ID NO:18840
iPS:436098		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCAACTCCAACAATAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCTGGA ATCT	CAGCAATATTGTAGTTTTCC ATTCACT
	21-225_195G11		SEQ ID NO:2817	SEQ ID NO:10829	SEQ ID NO:18841
		AA	KSSQSVLFNSNNKNYLA	WASTLES	QQYCSFPFT
			SEQ ID NO:2818	SEQ ID NO:10830	SEQ ID NO:18842
iPS:436100		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAA CAACTGGTTACCC	GGTGTTTCCAGTTTGCAG AGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC GTGGACG
	21-225_195G12		SEQ ID NO:2819	SEQ ID NO:10831	SEQ ID NO:18843
		AA	RASQGINNWLA	GVSSLQS	QQANSFPWT
			SEQ ID NO:2820	SEQ ID NO:10832	SEQ ID NO:18844

【図４９－２４０】

FIGURE 49

iPS:436102		NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ATTCAGCTCCAACAATAAGA GGTACTTAGCT	TGGGCATCTATCCGGGA ATCC	CAGCAATATTCTAGTCTTCC ATTCACT
	21-225_196B1		SEQ ID NO:2821	SEQ ID NO:10833	SEQ ID NO:18845
		AA	KSSQSILFSSNNKQYLA	WASIRES	QQYSSLPPT
			SEQ ID NO:2822	SEQ ID NO:10834	SEQ ID NO:18846
iPS:436104		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATTCAACTCCAACAATAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCTGGA ATCC	CAGCAATATTGTAGTTTTCC ATTCACT
	21-225_196C1		SEQ ID NO:2823	SEQ ID NO:10835	SEQ ID NO:18847
		AA	KSSQSVLFNSNNKNYLA	WASTLES	QQYCSFPFT
			SEQ ID NO:2824	SEQ ID NO:10836	SEQ ID NO:18848
iPS:436106		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGCTGGTTACCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTAACAGTGTCCC ATTCACT
	21-225_196F2		SEQ ID NO:2825	SEQ ID NO:10837	SEQ ID NO:18849
		AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	QQTNSYPFT
			SEQ ID NO:2826	SEQ ID NO:10838	SEQ ID NO:18850
iPS:436110		NA	CGGGCAAGTCAGCGCATTCA CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA GGT	CAACAGAGCTACGGTTCCCC TCTCACT
	21-225_196F4		SEQ ID NO:2827	SEQ ID NO:10839	SEQ ID NO:18851
		AA	RASQRIHSYLN	TASSLQG	QQSYGSPLT
			SEQ ID NO:2828	SEQ ID NO:10840	SEQ ID NO:18852
iPS:436112		NA	CGGGCGAATCAGGCCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACATTATCTCACTTACCCT CTCACT
	21-225_196C7		SEQ ID NO:2829	SEQ ID NO:10841	SEQ ID NO:18853
		AA	RANQAISNYLA	AASSLQS	QHYLTYPLT
			SEQ ID NO:2830	SEQ ID NO:10842	SEQ ID NO:18854
iPS:436114		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATACTCC TCCGACA
	21 225 196G8		SEQ ID NO:2831	SEQ ID NO:10843	SEQ ID NO:18855
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYTVTPPT
iPS:436116			SEQ ID NO:2832	SEQ ID NO:10844	SEQ ID NO:18856
		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAACTGGTTACCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGGGTGACAGTTTCCC TCCGACG
	21-225_196H9		SEQ ID NO:2833	SEQ ID NO:10845	SEQ ID NO:18857
		AA	RASQGISNCLA	AASSLQS	QQGDSPPPT
			SEQ ID NO:2834	SEQ ID NO:10846	SEQ ID NO:18858
iPS:436118		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCTA GTGCAGT	CAACGGGATAACAGTTTACC GTGGACG
	21-225_196A10		SEQ ID NO:2835	SEQ ID NO:10847	SEQ ID NO:18859
		AA	RASQGISRWLA	AASSLLQ	QRDNSLPCS
			SEQ ID NO:2836	SEQ ID NO:10848	SEQ ID NO:18860
iPS:436120		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAATATAATAGTTACCC TCTCACT
	21-225_196C10		SEQ ID NO:2837	SEQ ID NO:10849	SEQ ID NO:18861
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQYNSYPLT
			SEQ ID NO:2838	SEQ ID NO:10850	SEQ ID NO:18862
iPS:436122		NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTAG CAACAGCTTCTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGCTCACC TCCGTGGACG
	21-225_196G10		SEQ ID NO:2839	SEQ ID NO:10851	SEQ ID NO:18863
		AA	RASPSVSNSFLA	GASSRAT	QQYGSSPPWT
			SEQ ID NO:2840	SEQ ID NO:10852	SEQ ID NO:18864
iPS:436132		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATCTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATGATTTCCC GTTCACT
	21-225_196C12		SEQ ID NO:2841	SEQ ID NO:10853	SEQ ID NO:18865
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNDPPPT
			SEQ ID NO:2842	SEQ ID NO:10854	SEQ ID NO:18866
iPS:436134		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAACAACTTCTTAGCC	GGTGCATACCGCCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAACTCACC GTGGACG

【図４９－２４１】

FIGURE 49

	21-225_196H12		SEQ ID NO:2843	SEQ ID NO:10855	SEQ ID NO:18867
		AA	RASQSVRSNFLA	GAYRRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2844	SEQ ID NO:10856	SEQ ID NO:18868
iPS:436138		NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG CAATTATTTAGCC	AAAACATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAATATATCACTTTACCC GCTCACT
	21-225_197F2		SEQ ID NO:2845	SEQ ID NO:10857	SEQ ID NO:18869
		AA	RTSQGIGNYLA	KTSSLQS	QQYITYPLT
			SEQ ID NO:2846	SEQ ID NO:10858	SEQ ID NO:18870
iPS:436140		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAGTAATTACCC GGTCACT
	21-225_197G3		SEQ ID NO:2847	SEQ ID NO:10859	SEQ ID NO:18871
		AA	RASQGIGNHLA	AASSLQS	QQYSNYPVT
			SEQ ID NO:2848	SEQ ID NO:10860	SEQ ID NO:18872
iPS:436146		NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTCG CAGCAGCTTCTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGAAACTCACC GTGGACG
	21-225_197F4		SEQ ID NO:2849	SEQ ID NO:10861	SEQ ID NO:18873
		AA	RASQSIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
			SEQ ID NO:2850	SEQ ID NO:10862	SEQ ID NO:18874
iPS:436150		NA	AGGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTTCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCC TCCGACG
	21-225_197H4		SEQ ID NO:2851	SEQ ID NO:10863	SEQ ID NO:18875
		AA	RSSQSVLHSPNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:2852	SEQ ID NO:10864	SEQ ID NO:18876
iPS:436152		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAAATATTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAATATAGTACTACTCACC GCTCACT
	21-225_197H6		SEQ ID NO:2853	SEQ ID NO:10865	SEQ ID NO:18877
		AA	RASQGIGKYLA	GASSLQS	QQYSTYPLT
			SEQ ID NO:2854	SEQ ID NO:10866	SEQ ID NO:18878

【図４９－２４２】

FIGURE 49

10

20

30

40

50

【図４９－２４３】

FIGURE 49

iPS:436154	21-225_197C6	NA	AGGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAACAATATTATAGTACTCC
			ACACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2855	SEQ ID NO:10867	SEQ ID NO:18879
		AA	RSSQSVLHSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:2856	SEQ ID NO:10868	SEQ ID NO:18880
iPS:436156	21-225_197C8	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAGTCTTATACTATTCC
			ACACAGTTCCAACAATAAGA	ATCC	ATTCACT
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:2857	SEQ ID NO:10869	SEQ ID NO:18881
		AA	KSSQSVLHSSNNKNYLA	WASTRES	QQSYTTPPT
			SEQ ID NO:2858	SEQ ID NO:10870	SEQ ID NO:18882
iPS:436158	21-225_197G8	NA	AAGTCTAGTCAGAAACCTCCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTAATACAGCTTCC
			GCATAGTAGTAGGAAAGACCT	TCT	CTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2859	SEQ ID NO:10871	SEQ ID NO:18883
		AA	KSSQNLLHSDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2860	SEQ ID NO:10872	SEQ ID NO:18884
iPS:436160	21-225_197C9	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAACTGGTTAGCC	AGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2861	SEQ ID NO:10873	SEQ ID NO:18885
		AA	RASQGISNWLA	AASSLQS	QQANSFPWT
			SEQ ID NO:2862	SEQ ID NO:10874	SEQ ID NO:18886
iPS:436164	21-225_197G10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGTTTACA	CTACAGCATTATAGGTACCC
			AAATGATTTAGGC	AAGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2863	SEQ ID NO:10875	SEQ ID NO:18887
		AA	RASQGIRNDLG	GASSLQS	LQHYRYPFT
			SEQ ID NO:2864	SEQ ID NO:10876	SEQ ID NO:18888
iPS:436167		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTGTGCA	CAACGGATATGACACTTACCC
			CAAGTATTTATCC	AAGT	ATTCACT

【図４９－２４４】

FIGURE 49

21-225_197E11	21-225_197G12	NA	SEQ ID NO:2865	SEQ ID NO:10877	SEQ ID NO:18889
		AA	RASQDINKYLS	AASSVQS	QRYDYYPFT
			SEQ ID NO:2866	SEQ ID NO:10878	SEQ ID NO:18890
iPS:436173		NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG	AAAACATCCAGTTTGCA	CAACAATATATGACTTACCA
			CAATTATTTAGCC	AAGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2867	SEQ ID NO:10879	SEQ ID NO:18891
		AA	RTSQGIGNYLA	KTSSLQS	QQYMTYPLT
			SEQ ID NO:2868	SEQ ID NO:10880	SEQ ID NO:18892
iPS:436177	21-225_198B1	NA	AGGGCCGGTCAAAGTATTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC
			AACCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2869	SEQ ID NO:10881	SEQ ID NO:18893
		AA	RAQQSIRTNFLA	GASSRAT	QQYGSSPWT
			SEQ ID NO:2870	SEQ ID NO:10882	SEQ ID NO:18894
iPS:436179	21-225_198E1	NA	AGGGCCAGTCAGATATAA	GGTGCATTCAGTAGGGC	CAGCAGTATGGTAATTCACC
			GGAAGCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2871	SEQ ID NO:10883	SEQ ID NO:18895
		AA	RASQSIRSNFLA	GAFSRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2872	SEQ ID NO:10884	SEQ ID NO:18896
iPS:436181	21-225_198C2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATTCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			AAGCAGCTACTTAGCC	CAGT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2873	SEQ ID NO:10885	SEQ ID NO:18897
		AA	RASQSVRSSYLA	GAFSRAS	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2874	SEQ ID NO:10886	SEQ ID NO:18898
iPS:436189	21-225_198B6	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAATATAGTACTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2875	SEQ ID NO:10887	SEQ ID NO:18899
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYSTYPLT
			SEQ ID NO:2876	SEQ ID NO:10888	SEQ ID NO:18900
iPS:436191		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATAA	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAACATTATCGTTACCC
			GAAAAGATTTAGGC	AGT	TTTCACT

【図４９－２４５】

FIGURE 49

21-225_198B9	21-225_198A10		SEQ ID NO:2877	SEQ ID NO:10889	SEQ ID NO:18901
		AA	RASQGIRKDLG	AASSLQS	LQHYRYPFT
			SEQ ID NO:2878	SEQ ID NO:10890	SEQ ID NO:18902
iPS:436193		NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAGGTTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTATACAGCTTCC
			CTATAGTGATGGAAGGACCT	TCT	CTGGACG
			ATTTGTAT		
			SEQ ID NO:2879	SEQ ID NO:10891	SEQ ID NO:18903
		AA	KSSQSLLYSDGRTYLY	EVSNRFS	MQSIQLPWT
			SEQ ID NO:2880	SEQ ID NO:10892	SEQ ID NO:18904
iPS:436195	21-225_198C10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTCG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GTGGGCG
			SEQ ID NO:2881	SEQ ID NO:10893	SEQ ID NO:18905
		AA	RASQSIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
			SEQ ID NO:2882	SEQ ID NO:10894	SEQ ID NO:18906
iPS:436197	21-225_199C2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTCG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GTGGGCG
			SEQ ID NO:2883	SEQ ID NO:10895	SEQ ID NO:18907
		AA	RASQSIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
			SEQ ID NO:2884	SEQ ID NO:10896	SEQ ID NO:18908
iPS:436199	21-225_199E3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	TCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAAAAAGGTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGG	GCTCACT
			SEQ ID NO:2885	SEQ ID NO:10897	SEQ ID NO:18909
		AA	RASQGIRNDLG	SASSLQR	LQHRRYPLT
			SEQ ID NO:2886	SEQ ID NO:10898	SEQ ID NO:18910
iPS:436201	21-225_199C5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATCTTACTTACCC
			CAAGTATTTAGGC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2887	SEQ ID NO:10899	SEQ ID NO:18911
		AA	RASQGISKYLA	AASSLQS	QQYLTYPLT
			SEQ ID NO:2888	SEQ ID NO:10900	SEQ ID NO:18912

【図４９－２４６】

FIGURE 49

iPS:436203	21-225_199A6	NA	AGGCCCAGTCAGAGTTTTAG	GGTGCATCCACTAGGGC	CAGCAGTATAATAACTGGCC
			CAGAAACTTAGCC	CACT	GCTCACT
			SEQ ID NO:2889	SEQ ID NO:10901	SEQ ID NO:18913
		AA	RPSQSFSRNLA	GASTRAT	QQYNNWPLT
			SEQ ID NO:2890	SEQ ID NO:10902	SEQ ID NO:18914
iPS:436205	21-225_199A7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAACATTATCGTTACCC
			GAAAAGATTTAGGC	AGT	TTTCACT
			SEQ ID NO:2891	SEQ ID NO:10903	SEQ ID NO:18915
		AA	RASQGIRKDLG	AASSLQS	LQHYRYPFT
			SEQ ID NO:2892	SEQ ID NO:10904	SEQ ID NO:18916
iPS:436207	21-225_199C7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATAA	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			GGACCAACTTCTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2893	SEQ ID NO:10905	SEQ ID NO:18917
		AA	RASQSIRTNFLA	GASSRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2894	SEQ ID NO:10906	SEQ ID NO:18918
iPS:436210	21-225_199G11	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATTCAGCAGGGC	CAGCAGTATGGTAACTCACC
			AAGCAGCTACTTAGCC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:2895	SEQ ID NO:10907	SEQ ID NO:18919
		AA	RASQSVRSSYLA	GAFSRAT	QQYGNSPWT
			SEQ ID NO:2896	SEQ ID NO:10908	SEQ ID NO:18920
iPS:436212	21-225_200G1	NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	GCTGAGTTCCAGTTTACA	CAACAGAGTTACAGTTCCCC
			CAGCTATTTAAAT	AAGT	TCCGTGGACG
			SEQ ID NO:2897	SEQ ID NO:10909	SEQ ID NO:18921
		AA	RASQSISSYLN	AFSSLQS	QQSYSSPPWT
			SEQ ID NO:2898	SEQ ID NO:10910	SEQ ID NO:18922
iPS:436214	21-225_200H6	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATCGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:2899	SEQ ID NO:10911	SEQ ID NO:18923
		AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	LQHYRYPFT
			SEQ ID NO:2900	SEQ ID NO:10912	SEQ ID NO:18924

【図４９－２４７】

FIGURE 49

iPS:436216	21-225_200B7	NA	CGGGCCAGTCAGAACATTGG TAATAGCTTGCAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGAGTGGTAGTTTACC TCAGACG
			SEQ ID NO:2901	SEQ ID NO:10913	SEQ ID NO:18925
		AA	RASQNIGNTLH	YASQSFS	HQSQSLPQT
iPS:436218	21-225_200G7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTACTGTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATACTCC TCCGACA
			SEQ ID NO:2903	SEQ ID NO:10915	SEQ ID NO:18927
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNTPPT
iPS:436220	21-225_200F8	NA	CGGGCCAGTCAGAGTATTGG TAGTAACTTACAC	TCTGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CAGCAGATAGTAGTTTACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2905	SEQ ID NO:10917	SEQ ID NO:18929
		AA	RASQSISSNLH	SASQSFS	QQSSSLPWT
iPS:436222	21-225_200C9	NA	CGGGCAACTCAGGGCATTAG AAAAGATTTAGGC	ACTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2907	SEQ ID NO:10919	SEQ ID NO:18931
		AA	RATQGIRKDLG	TASSLQS	LQHNSYPWT
iPS:436226	21-225_200F10	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTCG CAGCAGCCTTCTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAACTCACC GTGGGCG
			SEQ ID NO:2909	SEQ ID NO:10921	SEQ ID NO:18933
		AA	RASQNIRSSFLA	GASSRAT	QQYGNSPWA
			SEQ ID NO:2910	SEQ ID NO:10922	SEQ ID NO:18934
iPS:436228	21-225_200F12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	TCTGCATCCAGTTTGCAT ACT	CTACAGCATAAGAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2911	SEQ ID NO:10923	SEQ ID NO:18935
		AA	RASQGIRNDLG	SASSLHT	LQHKSYPLT

【図４９－２４８】

FIGURE 49

iPS:436230	21-225_201A1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG GAATGATTTAGGC	TCTGCATCCATTTTACAA AGG	CTACAGCATAAAAGTTACCC GTGGACG
			SEQ ID NO:2913	SEQ ID NO:10925	SEQ ID NO:18937
		AA	RASQGIRNDLG	SASILQR	LQHKSYPLT
			SEQ ID NO:2914	SEQ ID NO:10926	SEQ ID NO:18938
iPS:436232	21-225_201E1	NA	AGGGCCAGTCCGAGTATTAA CAGCGGCTTCTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CACCAGTATGAGACCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2915	SEQ ID NO:10927	SEQ ID NO:18939
		AA	RASPSINSIFLA	GASSRAT	HQYETSPWT
			SEQ ID NO:2916	SEQ ID NO:10928	SEQ ID NO:18940
iPS:436234	21-225_51E3	NA	TCTGGAAGCAAACTCCAACAT CGGAAGTAAATATTGTAACC	AGTAATGATCAGCGGCC CTCA	ACAGCATGGGATGACAGCCT GAATGGTTGGGGTG
			SEQ ID NO:2917	SEQ ID NO:10929	SEQ ID NO:18941
		AA	SGSNSNIGSNIVT	SNDQRPS	TAWDDSLNGWV
			SEQ ID NO:2918	SEQ ID NO:10930	SEQ ID NO:18942
iPS:436236	21-225_201B2	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTAA CACT	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTTTTATAACTGGCT GTGCAGT
			SEQ ID NO:2919	SEQ ID NO:10931	SEQ ID NO:18943
		AA	RASQNIKNNLA	GASTRAT	QQFYNWLCS
			SEQ ID NO:2920	SEQ ID NO:10932	SEQ ID NO:18944
iPS:436238	21-225_201B8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGAAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2921	SEQ ID NO:10933	SEQ ID NO:18945
		AA	RASQSVSSNYLA	GASSRAT	QQYENSPWT
			SEQ ID NO:2922	SEQ ID NO:10934	SEQ ID NO:18946
iPS:436240	21-225_201E8	NA	CGGGCCAGTCAGAACATTGG TCGTAGTTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGAGTCGAAGTTTACC GCTCACT
			SEQ ID NO:2923	SEQ ID NO:10935	SEQ ID NO:18947

【図４９－２４９】

FIGURE 49

iPS:436242	21-225_201A10	AA	RASQNIGRSLH	YASQSFS	HQSRSLPLT
			SEQ ID NO:2924	SEQ ID NO:10936	SEQ ID NO:18948
		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	TCTACATCCAGTTTGCAT CCT	CTACAGCATTATAGTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2925	SEQ ID NO:10937	SEQ ID NO:18949
		AA	RASQQIRNDLG	STSSLHS	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:2926	SEQ ID NO:10938	SEQ ID NO:18950
iPS:436244	21-225_201H10	NA	CGGGCAAGTCACAACATTAA CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTTTCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2927	SEQ ID NO:10939	SEQ ID NO:18951
		AA	RASHNINSYLN	AASSLQS	QQSYSPPLT
			SEQ ID NO:2928	SEQ ID NO:10940	SEQ ID NO:18952
iPS:436246	21-225_201G6	NA	AGTCTCAGTCAGAGCCTCCT CCATAAATATAGATACAACC ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCC TCC	ATGCAAGCTCTACAAACTCC CACT
			SEQ ID NO:2929	SEQ ID NO:10941	SEQ ID NO:18953
		AA	RSSQSLLHNNRYNHLD	LGSNRAS	MQALQTPT
			SEQ ID NO:2930	SEQ ID NO:10942	SEQ ID NO:18954
iPS:436248	21-225_202A3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGGTTGCA AATCACT	CTACAGCATCATGACTACCC AAGT
			SEQ ID NO:2931	SEQ ID NO:10943	SEQ ID NO:18955
		AA	RASQGIRNDLG	AASRLQS	LQHHDYPPT
			SEQ ID NO:2932	SEQ ID NO:10944	SEQ ID NO:18956
iPS:436250	21-225_201A4	NA	AGGTCCAGTCAGAATATTAA AAGCAACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTTTTATAACTGGCT GTGCAGT
			SEQ ID NO:2933	SEQ ID NO:10945	SEQ ID NO:18957
		AA	RSSQNIKSNLA	GASTRAT	QQFYNWLCS
			SEQ ID NO:2934	SEQ ID NO:10946	SEQ ID NO:18958
iPS:436252		NA	AGGGCCAGTCAGAGAATTA ACAACAACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATTATAACTGGCT GTGCAGT

【図４９－２５０】

FIGURE 49

21-225_202A8	21-225_202C12	AA	RASQRINNNLA	GASTRAT	QQYYNWLCS
			SEQ ID NO:2935	SEQ ID NO:10947	SEQ ID NO:18959
		NA	AGTCTCAGTCAGAGCCTCCT GCATAAATATAAATACAACC ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCC TCC	ATGCAAGCTCTACAAACTCC CACT
			SEQ ID NO:2936	SEQ ID NO:10948	SEQ ID NO:18960
iPS:436254		AA	RSSQSLLHNNKYNHLD	LGSNRAS	MQALQTPT
			SEQ ID NO:2937	SEQ ID NO:10949	SEQ ID NO:18961
iPS:436256	21-225_202D9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA CAGCGGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAACAATATGAGACCTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2938	SEQ ID NO:10950	SEQ ID NO:18962
		AA	RASQSVNSGYLA	GASSRAT	QQYETSPWT
			SEQ ID NO:2939	SEQ ID NO:10951	SEQ ID NO:18963
		AA	RASQSVSSNLA	GASSRAT	QQYETSPWT
			SEQ ID NO:2940	SEQ ID NO:10952	SEQ ID NO:18964
iPS:436258	21-225_202F12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTCT GAACAACTTAGCC	GGTGCATCCACTAGGGC CACT	CAGCAGTATGATAATACTGGCC TCCGTGCAGT
			SEQ ID NO:2941	SEQ ID NO:10953	SEQ ID NO:18965
		AA	RASQSVLNNLA	GASTRAT	QQYDNWPPCS
			SEQ ID NO:2942	SEQ ID NO:10954	SEQ ID NO:18966
iPS:436260	21-225_203H1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAATTATTTAGCC	GTTGCATCCAGGTTGCA AAGT	CAACGGTATCATACTTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2943	SEQ ID NO:10955	SEQ ID NO:18967
		AA	RASQGIGNYLA	VASRLQS	QRYHTYPLT
			SEQ ID NO:2944	SEQ ID NO:10956	SEQ ID NO:18968
iPS:436262	21-225_203E3	NA	CGGGCAAGTCACAACATTAA CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTTTCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2945	SEQ ID NO:10957	SEQ ID NO:18969
		AA	RASHNINSYLN	AASSLQS	QQSYSPPLT
			SEQ ID NO:2946	SEQ ID NO:10958	SEQ ID NO:18970

【図４９－２５１】

FIGURE 49

iPS:436264	21-225_203H7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG ACATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CTACAGCATTATAGTTCCCT CGGACG
		AA	RASQGIRHDLG	AASSLQS	LQHYSPPRT
iPS:436268	21-225_203B9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	AGGGCATCCAGTGTGCA AAAT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
		AA	RASQGIRNDLG	RASSVQN	LQHNSYPPT
iPS:436270	21-225_203F10	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT TTTCCACTCGAACAATAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTTTAGTCTTCC ATTCACT
		AA	KSSQSVTFHSNNKNYLA	WASTRES	QQYFSLPPT
iPS:436272	21-225_201F5	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGTTCCAACAATAAGA ACTACTTAGTT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLYSSNNKNYLV	WASTRES	QQYYSTPPT
iPS:436274	21-225_204H3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCAGCCAGTTTGCA AGGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
		AA	RASQGIRNDLG	AAASLQG	LQHYSYPRT
iPS:436276	21-225_204H4	NA	CGGGCAAGTCAACAATTAAA CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAAA AGT	CAACAGAGTTACAGTTTCCC GCTCACT

【図４９－２５２】

FIGURE 49

		AA	RASHNNSYLN	AASSLQS	QQSYSTPPLT
iPS:436278	21-225_201F2	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTAA GAAGCAACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTTTTATAACTGGCT GTGCAGT
		AA	RASQNIKSNLA	GASTRAT	QQFYNWLCS
iPS:436280	21-225_204D6	NA	CGGGCAAGTCGGAGCGTTCA CACCTATTTAAAT	GGTGCATCCAGTTTGCA ACGT	CAACAGAGTTACAGTTCCCC GCTCACT
		AA	RASRSVHTYLN	GASSLQR	QQSYSSPLT
iPS:436282	21-225_204G6	NA	CGGACGAGTCAGGGCATTGG AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA ATCC	CAACACTATCTTAGTTACCC TCTCACT
		AA	RTSQGIGNYLA	AASSLQS	QHYLSYPLT
iPS:436284	21-225_204G8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATAA GTAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAGTAATTACCC GGTCACT
		AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	QQYSNYPVT
iPS:436286	21-225_204H8	NA	CGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	TCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAACATAATAGTTACCC TCTCACT
		AA	RASQGIRNDLG	SASSLQS	LQHNSYPLT
iPS:436290	21-225_205G3	NA	AGGGCCAGTCAGAATGTTAG TTACAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGGAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGCTCACC GTGCAGT

【図４９－２５３】

FIGURE 49

		AA	RASQNVSYSYLA	GASRRAT	QQYGSSPCS
iPS:436292	21-225_205H3	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTAG TAATCATTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCAA ACTCACT	CAACAATATAGTAATTACCC ACT
		AA	RASQAISNHLA	AASSLQS	QQYSNYPLT
iPS:436294	21-225_205G4	NA	AGGGCCAGTCAGAATATTAA AAGCAACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTTTTATAACTGGCT GTGCAGT
		AA	RASQNIKSNLA	GASTRAT	QQFYNWLCS
iPS:436296	21-225_205F5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAATTATTTAGCC	GGTGTCTCCAGTTTGCAA AGT	CAACAATATAGTAATTACCC TCTCACT
		AA	RASQGIGNYLA	GVSSLQS	QQYSNYPLT
iPS:436302	21-225_205G7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTT CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CGCT	CAGCAGTATGAAAGTTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVFSNYLA	GASSRAA	QQYESSPWT
iPS:436304	21-225_201F3	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAATAATAGATACAACC ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCC TCC	ATGCAAGCTCTACAAACTCC CACT
		AA	RSSQSLLHNNRYNHLD	LGSNRAS	MQALQTPT
iPS:436306		NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA TAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAACAGTATGAAAGTTGGCC GTGCAGT

【図４９－２５４】

FIGURE 49

	21-225_201H4	AA	SEQ ID NO:2981	SEQ ID NO:10993	SEQ ID NO:19005
			RASQSVNSYLA	GASTRAT	QEYNDWPCS
			SEQ ID NO:2982	SEQ ID NO:10994	SEQ ID NO:19006
iPS:436308	21-225_205H8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	TCTGCATCCTTTTTGCAA GCTCACT	CTACAGCATAATAGTTACCC ACT
			SEQ ID NO:2983	SEQ ID NO:10995	SEQ ID NO:19007
		AA	RASQGIRNDLG	SASFLQR	LQHNSYPLT
			SEQ ID NO:2984	SEQ ID NO:10996	SEQ ID NO:19008
iPS:436310	21-225_202D11	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAA CAGCAACTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGAAAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:2985	SEQ ID NO:10997	SEQ ID NO:19009
		AA	RASQSINSNYLA	GASSRAT	QQYENSPWT
			SEQ ID NO:2986	SEQ ID NO:10998	SEQ ID NO:19010
iPS:436312	21-225_206A4	NA	CGGGCAAGTCACACAATTAA CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGAGTTACAGTTTCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2987	SEQ ID NO:10999	SEQ ID NO:19011
		AA	RASHNINSYLN	AASSLQS	QQSYSSPPLT
			SEQ ID NO:2988	SEQ ID NO:11000	SEQ ID NO:19012
iPS:436314	21-225_206G4	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG TCGTAGCTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGAGTAGAAGTTTACC GCTCACT
			SEQ ID NO:2989	SEQ ID NO:11001	SEQ ID NO:19013
		AA	RASQSIGRSLH	YASQSFS	HQSRSLPLT
			SEQ ID NO:2990	SEQ ID NO:11002	SEQ ID NO:19014
iPS:436316	21-225_206A5	NA	CGGGCAAGTCACACAATTAA CAGCTATTTAAAT	GCTGCATCCAGTTTGCAA GCTCACT	CAACAGAGTTACAGTTTCCC GCTCACT
			SEQ ID NO:2991	SEQ ID NO:11003	SEQ ID NO:19015
		AA	RASHNINSYLN	AASSLQS	QQSYSSPLT
			SEQ ID NO:2992	SEQ ID NO:11004	SEQ ID NO:19016
iPS:436324		NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG AAATTATTTAGCC	GCTCCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTACAGTAATTTACCC TCTTCACT

10

20

30

40

50

【図４９－２５５】

FIGURE 49

	21-225_207G6			SEQ ID NO:2993	SEQ ID NO:11005	SEQ ID NO:19017	
			AA	RASQGIRNYLA	AASSLQS	QQYSSWYPLT	
iPS:436328				SEQ ID NO:2994	SEQ ID NO:11006	SEQ ID NO:19018	
			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
		21-225_207F12		AAATGATTTAGGC	AGT	TCTCACC	
				SEQ ID NO:2995	SEQ ID NO:11007	SEQ ID NO:19019	
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT	
				SEQ ID NO:2996	SEQ ID NO:11008	SEQ ID NO:19020	
iPS:436332			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC	
				ACATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG	
		21-225_208B2		SEQ ID NO:2997	SEQ ID NO:11009	SEQ ID NO:19021	
			AA	RASQGIRHDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	
				SEQ ID NO:2998	SEQ ID NO:11010	SEQ ID NO:19022	
iPS:436334			NA	AGGTCTATCTAGAGCCTCCT	TTGGGTTCTAATCGGGCCC	ATGCAAGCTCTACAAACTCC	
				GCATAATAATAAATACAACC	TCC	CACT	
		21-225_208G3		ATTTGGAT			
			AA	RSSQSLLHNNKYNHLD	LGSNRAS	MQALQTPT	
				SEQ ID NO:2999	SEQ ID NO:11011	SEQ ID NO:19023	
iPS:436336			NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCACTACGAAAACTCACC	
				CAGCAACTACTTAGGCC	CACT	GTGGACG	
		21-225_208H5		SEQ ID NO:3001	SEQ ID NO:11013	SEQ ID NO:19025	
			AA	RASQSVSSNYLA	GASSRAT	QHYESSPWT	
				SEQ ID NO:3002	SEQ ID NO:11014	SEQ ID NO:19026	
iPS:436338			NA	CGGGCAAGTCACAACATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTTCCC	
				CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT	
		21-225_208E8		SEQ ID NO:3003	SEQ ID NO:11015	SEQ ID NO:19027	
			AA	RASHNINSYLN	AASSLQS	QQSYSSPPLT	
				SEQ ID NO:3004	SEQ ID NO:11016	SEQ ID NO:19028	

【図４９－２５６】

FIGURE 49

	21-225_208A9			AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCACTATCATAGCTCACC	
			NA	CAACAACTACTTAGGCC	CACT	GTGGACG	
				SEQ ID NO:3005	SEQ ID NO:11017	SEQ ID NO:19029	
			AA	RASQSVSSNYLA	GASSRAT	QHYHSSPWT	
				SEQ ID NO:3006	SEQ ID NO:11018	SEQ ID NO:19030	
iPS:436344			NA	CGGGCAAGTCACAACATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTTCCC	
		21-225_208B11		CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT	
			AA	RASHNINSYLN	AASSLQS	QQSYSSPPLT	
				SEQ ID NO:3007	SEQ ID NO:11019	SEQ ID NO:19031	
iPS:436350			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATAATAGTTACCC	
				AAATGATTTAGGC	AGT	ATTCACT	
		21-225_210E4		SEQ ID NO:3009	SEQ ID NO:11021	SEQ ID NO:19033	
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT	
				SEQ ID NO:3010	SEQ ID NO:11022	SEQ ID NO:19034	
iPS:436352			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACACCATTATAGTTACCC	
				SEQ ID NO:3011	SEQ ID NO:11023	SEQ ID NO:19035	
		21-225_210G5	AA	RASQGIRHDLG	AASSLQS	LHHYSYPRT	
				SEQ ID NO:3012	SEQ ID NO:11024	SEQ ID NO:19036	
iPS:436354			NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGTTT	CTACAGTATAATAGTTACCC	
				AAATGATTTAGGC	AGT	TCCCCACC	
		21-225_210G10		SEQ ID NO:3013	SEQ ID NO:11025	SEQ ID NO:19037	
			AA	R?SQGIRNDLG	AASSLRS	LQYNSYPPT	
				SEQ ID NO:3014	SEQ ID NO:11026	SEQ ID NO:19038	
iPS:436356			NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATTATAACTGGCT	
				AAGCAACTTAGCC	CACT	GTGCAGT	
		21-225_210H10		SEQ ID NO:3015	SEQ ID NO:11027	SEQ ID NO:19039	
			AA	RASQSVKSNLA	GASTRAT	QQYYNWLCS	
				SEQ ID NO:3016	SEQ ID NO:11028	SEQ ID NO:19040	

【図４９－２５７】

FIGURE 49

	21-225_210D11			CGGGCAAGTCACAACATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTTACAGTTTCCC	
			NA	CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT	
				SEQ ID NO:3017	SEQ ID NO:11029	SEQ ID NO:19041	
			AA	RASHNINSYLN	AASSLQS	QQSYSPPLT	
				SEQ ID NO:3018	SEQ ID NO:11030	SEQ ID NO:19042	
iPS:436360			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGGCTAAAAGTTTCCC	
		21-225_210H11		CATCTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT	
				SEQ ID NO:3019	SEQ ID NO:11031	SEQ ID NO:19043	
			AA	RASQQISWLA	AASSLQS	QQAKSPPPT	
				SEQ ID NO:3020	SEQ ID NO:11032	SEQ ID NO:19044	
iPS:436362			NA	AGGTCTATGTCAGAGCCTCCT	TTGGTTCTAATCGGGCCC	ATGCAAGCTCTACAAACTCC	
				GCATTATAATGGACACAACT	TCC	CATGTGCAGT	
		21-225_210C12		TTTTGGAT			
			AA	RSQQSLLHYNGHNFLD	LVSNRAS	MQALQTPMCS	
				SEQ ID NO:3021	SEQ ID NO:11033	SEQ ID NO:19045	
iPS:436364			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GATGCATCCAGTTTGGA	CAACACTATATGACTTACCC	
				CAATTATTTAGCC	AAGT	GCTCACT	
		21-225_211A11		SEQ ID NO:3023	SEQ ID NO:11035	SEQ ID NO:19047	
			AA	RASQGIGNYLA	DASSLES	QHYMTYPLT	
				SEQ ID NO:3024	SEQ ID NO:11036	SEQ ID NO:19048	
iPS:436366			NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTGG	GCTGCATCCAGATTGCA	CAACAGTATAGTAATTATCC	
				GAAACATTTAGCC	AAGT	GCTCACT	
		21-225_211A3		SEQ ID NO:3025	SEQ ID NO:11037	SEQ ID NO:19049	
			AA	RASQAIGKHLA	AASRLQS	QQYSNYPLT	
				SEQ ID NO:3026	SEQ ID NO:11038	SEQ ID NO:19050	
iPS:436368			NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGTTACCC	
				CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	GCTCACT	
		21-225_211G3		SEQ ID NO:3027	SEQ ID NO:11039	SEQ ID NO:19051	
			AA	RASQSVSSSFLA	GASSRAT	QQYYSSPLT	

【図４９－２５８】

FIGURE 49

	21-225_211A6			CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCTA	CAAAAGTATGATACTTACCC	
			NA	CAAGTATTTAGCC	AGT	ATTCACT	
				SEQ ID NO:3029	SEQ ID NO:11041	SEQ ID NO:19053	
			AA	RASQGIGKYLA	AASSLLS	QKYDTYPFT	
				SEQ ID NO:3030	SEQ ID NO:11042	SEQ ID NO:19054	
iPS:436372			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACGGTATGATACTTACCC	
		21-225_211A8		CAGATATTTAGCC	AGT	TCTCATT	
				SEQ ID NO:3031	SEQ ID NO:11043	SEQ ID NO:19055	
			AA	RASQGISRYLA	AASSLQS	LRYDTYPLI	
				SEQ ID NO:3032	SEQ ID NO:11044	SEQ ID NO:19056	
iPS:436374			NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	TTGGGTTCTAATCGGGCCC	ATGCAAGCTCTACTAACTCC	
				CCATAGTAATGGATACAACT	TCC	CGTGTGCAGT	
		21-225_211C10		ATTTGGAT			
			AA	RSQQSLLHSNGYNYLD	LGSNRAS	MQALLTPVCS	
				SEQ ID NO:3033	SEQ ID NO:11045	SEQ ID NO:19057	
iPS:436376			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATGTTACCTACCC	
				CAATCATTTAGCC	AGT	TCTCACT	
		21-225_212E6		SEQ ID NO:3035	SEQ ID NO:11047	SEQ ID NO:19059	
			AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	QQVYTYPLT	
				SEQ ID NO:3036	SEQ ID NO:11048	SEQ ID NO:19060	
iPS:436378			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAGCAGTATAGTAATTACCC	
				CAATCATTTAGCC	AGT	TCTCACT	
		21-225_212D7		SEQ ID NO:3037	SEQ ID NO:11049	SEQ ID NO:19061	
			AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	QQYSNYPLT	
				SEQ ID NO:3038	SEQ ID NO:11050	SEQ ID NO:19062	
iPS:436380			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACGGTATGATACTTACCC	
				CAGTTATTTAGCC	AGT	TCTCACT	
		21-225_212H9		SEQ ID NO:3039	SEQ ID NO:11051	SEQ ID NO:19063	

【図４９－２５９】

FIGURE 49

iPS:436382	21-225_212C10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAATATATGACTTACCC AATCACT	AA	RASQGISSYLA	AASSLQS	LRYDTYPLT
							SEQ ID NO:3040	SEQ ID NO:11052	SEQ ID NO:19064
		AA	RASQGIGNYLA	AASSLQS	QQYSMTYPFT	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGC CAGCAACTTAGCC	GGTACATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATGACTGGCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:3064	SEQ ID NO:11076	SEQ ID NO:19088		SEQ ID NO:3041	SEQ ID NO:11053	SEQ ID NO:19065
iPS:436406	21-225_214E4	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA ATTCACT	CAACAGTATCTTACTTACCC ATTCACT	AA	RASQSVASSLA	GTSTRAT	QQYNDWPCS
							SEQ ID NO:3042	SEQ ID NO:11054	SEQ ID NO:19066
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYLTYPFT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGAC	TCTGCATCCAATTTGCAA AGT	CAACACTATAGTAATTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:3066	SEQ ID NO:11078	SEQ ID NO:19090		SEQ ID NO:3043	SEQ ID NO:11055	SEQ ID NO:19067
iPS:436408	21-225_214H8	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG TGTTAGCTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGAGTCGTAGTTTACC ATTCACT	AA	RASQGISNYLD	SASNLQS	QHYSNYPLT
							SEQ ID NO:3044	SEQ ID NO:11056	SEQ ID NO:19068
		AA	RASQSIGVSLH	YASQSFS	HQSRSLPFT	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACTGCATTATAGTTACCCT CGGACG
			SEQ ID NO:3068	SEQ ID NO:11080	SEQ ID NO:19092		SEQ ID NO:3045	SEQ ID NO:11057	SEQ ID NO:19069
iPS:436410	21-225_212E10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATGTAATTACCC TCTCACT	AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LLHYSYPRT
							SEQ ID NO:3046	SEQ ID NO:11058	SEQ ID NO:19070
		AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	QQYSNYPLT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCCATTGG AAGT	GCTGCATCCAGATTGCA AAGT	CAACACTATAGTAATTATCC GCTCACT
			SEQ ID NO:3069	SEQ ID NO:11081	SEQ ID NO:19093		SEQ ID NO:3047	SEQ ID NO:11059	SEQ ID NO:19071
iPS:436412	21-225_214H9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA TCCGACG	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG	AA	RASQAIGKHLA	AASRLQS	QHYSNYPLT
							SEQ ID NO:3048	SEQ ID NO:11060	SEQ ID NO:19072
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CACCAGTATAGTAATTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:3071	SEQ ID NO:11083	SEQ ID NO:19095		SEQ ID NO:3049	SEQ ID NO:11061	SEQ ID NO:19073
iPS:436414	21-225_214G10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACTGCATAATAAGTTACCC TCCGACG	AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	HQYSNYPLT
			SEQ ID NO:3072	SEQ ID NO:11084	SEQ ID NO:19096		SEQ ID NO:3050	SEQ ID NO:11062	SEQ ID NO:19074
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LLHNSYPRT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAAGTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTGTGCTA ATTCACT	CAAAAGTATGATACTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3074	SEQ ID NO:11086	SEQ ID NO:19098		SEQ ID NO:3051	SEQ ID NO:11063	SEQ ID NO:19075

【図４９－２６０】

FIGURE 49

iPS:436394	21-225_213C4	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTAG GAAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAGTAATTACCC TCTCACT	AA	RASQGIGKYLA	AASSVLS	QKYDTYPFT
							SEQ ID NO:3052	SEQ ID NO:11064	SEQ ID NO:19076
		AA	RASQAIRNYLA	AASSLQS	QQYSNYPLT	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTAG GAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAGTAATTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:3054	SEQ ID NO:11066	SEQ ID NO:19078		SEQ ID NO:3053	SEQ ID NO:11065	SEQ ID NO:19077
iPS:436396	21-225_213E5	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTGG GAAACATTTAGCC	GCTGCATCCAGATTGCA AAGT	CAACACTATAGTAATTATCC GCTCACT	AA	RASQAIRNYLA	AASSLQS	QQYSNYPLT
							SEQ ID NO:3054	SEQ ID NO:11066	SEQ ID NO:19078
		AA	RASQAIGKHLA	AASRLQS	QHYSNYPLT	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTGG GAAACATTTAGCC	GCTGCATCCAGATTGCA AAGT	CAACACTATAGTAATTATCC GCTCACT
			SEQ ID NO:3056	SEQ ID NO:11068	SEQ ID NO:19080		SEQ ID NO:3055	SEQ ID NO:11067	SEQ ID NO:19079
iPS:436398	21-225_213B8	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAGTAATTACCC TCTCACT	AA	RASQAIGKHLA	AASRLQS	QHYSNYPLT
			SEQ ID NO:3057	SEQ ID NO:11069	SEQ ID NO:19081		SEQ ID NO:3056	SEQ ID NO:11068	SEQ ID NO:19080
		AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	QQYSNYPLT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAGTAATTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:3058	SEQ ID NO:11070	SEQ ID NO:19082		SEQ ID NO:3057	SEQ ID NO:11069	SEQ ID NO:19081
iPS:436400	21-225_213H7	NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT AGACATCTCCAACAATAAGA ATTCCTTAGGT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAACATTCC TCCGACG	AA	RASQGIGKYLA	AASSVLS	QKYDTYPFT
							SEQ ID NO:3059	SEQ ID NO:11071	SEQ ID NO:19083
		AA	KSSQNVLDSNNKNSLG	WASTRES	QQYYNIPPT				
			SEQ ID NO:3060	SEQ ID NO:11072	SEQ ID NO:19084				
iPS:436402	21-225_213H12	NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT AAAGACCTCCAACAATAGG ATCC	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CACCAATATTATAGTATTCC GTGGACC				
			SEQ ID NO:3061	SEQ ID NO:11073	SEQ ID NO:19085				
		AA	KSSQNVLKTSNMRNYLA	WASTRES	HQYYSIPWT				
			SEQ ID NO:3062	SEQ ID NO:11074	SEQ ID NO:19086				

【図４９－２６１】

FIGURE 49

iPS:436404	21-225_214C3	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAATATATGACTTACCC AATCACT	AA	RASQGISSYLA	AASSLQS	LRYDTYPLT
							SEQ ID NO:3040	SEQ ID NO:11052	SEQ ID NO:19064
		AA	RASQGIGNYLA	AASSLQS	QQYSMTYPFT	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGC CAGCAACTTAGCC	GGTACATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATGACTGGCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:3064	SEQ ID NO:11076	SEQ ID NO:19088		SEQ ID NO:3041	SEQ ID NO:11053	SEQ ID NO:19065
iPS:436406	21-225_214E4	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA ATTCACT	CAACAGTATCTTACTTACCC ATTCACT	AA	RASQSVASSLA	GTSTRAT	QQYNDWPCS
							SEQ ID NO:3042	SEQ ID NO:11054	SEQ ID NO:19066
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYLTYPFT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATTATTTAGAC	TCTGCATCCAATTTGCAA AGT	CAACACTATAGTAATTACCC GCTCACT
			SEQ ID NO:3066	SEQ ID NO:11078	SEQ ID NO:19090		SEQ ID NO:3043	SEQ ID NO:11055	SEQ ID NO:19067
iPS:436408	21-225_214H8	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG TGTTAGCTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCTTC TCA	CATCAGAGTCGTAGTTTACC ATTCACT	AA	RASQGISNYLD	SASNLQS	QHYSNYPLT
							SEQ ID NO:3044	SEQ ID NO:11056	SEQ ID NO:19068
		AA	RASQSIGVSLH	YASQSFS	HQSRSLPFT	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACTGCATTATAGTTACCCT CGGACG
			SEQ ID NO:3068	SEQ ID NO:11080	SEQ ID NO:19092		SEQ ID NO:3045	SEQ ID NO:11057	SEQ ID NO:19069
iPS:436410	21-225_212F10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAGTAATTACCC TCTCACT	AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LLHYSYPRT
							SEQ ID NO:3046	SEQ ID NO:11058	SEQ ID NO:19070
		AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	QQYSNYPLT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCCATTGG AAGT	GCTGCATCCAGATTGCA AAGT	CAACACTATAGTAATTATCC GCTCACT
			SEQ ID NO:3069	SEQ ID NO:11081	SEQ ID NO:19093		SEQ ID NO:3047	SEQ ID NO:11059	SEQ ID NO:19071
iPS:436412	21-225_214H9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA TCCGACG	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG	AA	RASQAIGKHLA	AASRLQS	QHYSNYPLT
							SEQ ID NO:3048	SEQ ID NO:11060	SEQ ID NO:19072
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CACCAGTATAGTAATTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:3071	SEQ ID NO:11083	SEQ ID NO:19095		SEQ ID NO:3049	SEQ ID NO:11061	SEQ ID NO:19073
iPS:436414	21-225_214G10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACTGCATAATAAGTTACCC TCCGACG	AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	HQYSNYPLT
			SEQ ID NO:3072	SEQ ID NO:11084	SEQ ID NO:19096		SEQ ID NO:3050	SEQ ID NO:11062	SEQ ID NO:19074
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LLHNSYPRT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG CAAGTATTTAGCC	GCTGCATCCAGTGTGCTA ATTCACT	CAAAAGTATGATACTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3074	SEQ ID NO:11086	SEQ ID NO:19098		SEQ ID NO:3051	SEQ ID NO:11063	SEQ ID NO:19075

【図４９－２６２】

FIGURE 49

iPS:436416	21-225_214G12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	GTAATGCATTATAGTTACCC TCCGACG	AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LLHYSYPRT
							SEQ ID NO:3075	SEQ ID NO:11087	SEQ ID NO:19099
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	VMHYSYPRT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAGCAGTATAATTAATTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:3076	SEQ ID NO:11088	SEQ ID NO:19100		SEQ ID NO:3076	SEQ ID NO:11088	SEQ ID NO:19100
iPS:436418	21-225_215E3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA TCCGACG	GTAATGCATAATAGTTACCC TCCGACG	AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LLHYSYPRT
							SEQ ID NO:3077	SEQ ID NO:11089	SEQ ID NO:19101
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	VMHNSYPRT	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTAG GAAACATTTAGCC	GCTGCATCCAGATTGCA AAGT	CAACACTATAGTAATTATCC GCTCACT
			SEQ ID NO:3078	SEQ ID NO:11090	SEQ ID NO:19102		SEQ ID NO:3055	SEQ ID NO:11067	SEQ ID NO:19079
iPS:436420	21-225_215B5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAGCAGTATATTAATTACCC TCTCACT	AA	RASQAIGKHLA	AASRLQS	QHYSNYPLT
			SEQ ID NO:3079	SEQ ID NO:11091	SEQ ID NO:19103		SEQ ID NO:3056	SEQ ID NO:11068	SEQ ID NO:19080
		AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	QQYINYPLT	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAATCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGTATAGTAATTACCC TCTCACT
			SEQ ID NO:3080	SEQ ID NO:11092	SEQ ID NO:19104		SEQ ID NO:3057	SEQ ID NO:11069	SEQ ID NO:19081
iPS:436422	21-225_215B6	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CAACCATTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAT AGT	CAACAGTATGTTACTTACCC TCTCACT	AA	RASQGISNHLA	AASSLQS	QQYSNYPLT
			SEQ ID NO:3081	SEQ ID NO:11093	SEQ ID NO:19105		SEQ ID NO:3058	SEQ ID NO:11070	SEQ ID NO:19082
		AA	RASQGISNHLA	AASSLHS	QQYVTYPLT	NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT AGACATCTCCAACAATAAGA ATTCCTTAGGT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAACATTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3082	SEQ ID NO:11094	SEQ ID NO:19106		SEQ ID NO:3059	SEQ ID NO:11071	SEQ ID NO:19083
iPS:436424	21-225_215H6	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATCGG TGTTAGCTTACAC	TATGCTTCCCAGTCCCTC TCA	CATCAGAGTCGCAGTTTACC ATTCACT	AA	KSSQNVLDSNNKNSLG	WASTRES	QQYYNIPPT
			SEQ ID NO:3083	SEQ ID NO:11095	SEQ ID NO:19107		SEQ ID NO:3060	SEQ ID NO:11072	SEQ ID NO:19084
		AA	RASQSIGVSLH	YASQSLS	HQSRSLPFT	NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT AAAGACCTCCAACAATAGG ATCC	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CACCAATATTATAGTATTCC GTGGACC
			SEQ ID NO:3084	SEQ ID NO:11096	SEQ ID NO:19108				
iPS:436426	21-225_215C7	NA	AGGGCCAGTCAGAGGATTAC CACCAACTTCTTAGCT	GGTGCATCCAGCAGGGC GCTCACT	CAGCAGTATGTTAGTTTACT CATCACT	AA	KSSQNVLKCTSNMRNYLA	WASTRES	HQYYSIPWT
			SEQ ID NO:3085	SEQ ID NO:11097	SEQ ID NO:19109		SEQ ID NO:3062	SEQ ID NO:11074	SEQ ID NO:19086
		AA	RASQRITYNFLA	GASSRAT	QQYYSSLLT				
			SEQ ID NO:3086	SEQ ID NO:11098	SEQ ID NO:19110				

【図４９－２６３】

FIGURE 49

iPS:436428	21-225_215E11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	GTAATGCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:3087	SEQ ID NO:11099	SEQ ID NO:19111
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	VMHTYSYPRT
			SEQ ID NO:3088	SEQ ID NO:11100	SEQ ID NO:19112
iPS:436430	21-225_215A12	NA	CGGACGAGTCAGGACATTGG	GCTGCATCCAGTTTACAG	GTAATGCATTATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:3089	SEQ ID NO:11101	SEQ ID NO:19113
		AA	RTSQDIGNYLA	AASSLQS	QQYVTYPLT
			SEQ ID NO:3090	SEQ ID NO:11102	SEQ ID NO:19114
iPS:436432	21-225_215H12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCAGCAGGGC	CAGCAGTATGTTAGCTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCT	CATT	GCTCACT
			SEQ ID NO:3091	SEQ ID NO:11103	SEQ ID NO:19115
		AA	RASQSVSSSFLA	GASSRAT	QQYVSSPLT
			SEQ ID NO:3092	SEQ ID NO:11104	SEQ ID NO:19116
iPS:436434	21-225_216B10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAA	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAATGACTGGCC
			CAACAACTTAGCC	CACT	GTGCAGT
			SEQ ID NO:3093	SEQ ID NO:11105	SEQ ID NO:19117
		AA	RASQSVNNNLA	GASTRAT	QQYNDWPCS
			SEQ ID NO:3094	SEQ ID NO:11106	SEQ ID NO:19118
iPS:436436	21-225_216F10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTACATCCACCAGGGC	CAACAGTATGATAGGTCACC
			CAGCAGCTTCTTAGCC	CACT	ATTCACT
			SEQ ID NO:3095	SEQ ID NO:11107	SEQ ID NO:19119
		AA	RASQSVSSSFLA	GTSTRAT	QQYDRSPPT
			SEQ ID NO:3096	SEQ ID NO:11108	SEQ ID NO:19120
iPS:436438	21-225_216E8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTAATGCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:3097	SEQ ID NO:11109	SEQ ID NO:19121
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LMHTYSYPRT
			SEQ ID NO:3098	SEQ ID NO:11110	SEQ ID NO:19122

【図４９－２６４】

FIGURE 49

iPS:436440	21-225_216H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	GTAATGCATAAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AAGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:3099	SEQ ID NO:11111	SEQ ID NO:19123
		AA	RASQGIRNDLG	GASSLQS	VMHNSYPRT
			SEQ ID NO:3100	SEQ ID NO:11112	SEQ ID NO:19124
iPS:436448	21-225_217A3	NA	CGGGCCAGTCAGAGCATTGG	TATGCTTCCCAGTCCTTC	CATCAGAGTAGAAGTTTACC
			TAGTAGCTTACAC	TCA	GTGGACG
			SEQ ID NO:3101	SEQ ID NO:11113	SEQ ID NO:19125
		AA	RASQSISSSLH	YASQSTS	HQSRSLPWT
			SEQ ID NO:3102	SEQ ID NO:11114	SEQ ID NO:19126
iPS:436450	21-225_217E5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	GTAATGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:3103	SEQ ID NO:11115	SEQ ID NO:19127
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	VMHNSYPRT
			SEQ ID NO:3104	SEQ ID NO:11116	SEQ ID NO:19128
iPS:436452	21-225_217G5	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTGG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGTATGTTAATTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	TCTCACT
			SEQ ID NO:3105	SEQ ID NO:11117	SEQ ID NO:19129
		AA	RASQGIGNYLA	AASSLQS	QQYVNYPLT
			SEQ ID NO:3106	SEQ ID NO:11118	SEQ ID NO:19130
iPS:436454	21-225_217B10	NA	CGGGCGAGTCAGGCCATTGG	GCTGCATCCAGATTGCA	CAACACACCAGTAAATCTCC
			GAAACATTTAGCC	AAGT	AGTGCAG
			SEQ ID NO:3107	SEQ ID NO:11119	SEQ ID NO:19131
		AA	RASQAIGKHLA	AASRLQS	QHTSKSPYQ
			SEQ ID NO:3108	SEQ ID NO:11120	SEQ ID NO:19132
iPS:436456	21-225_217G10	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	GTAATGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:3109	SEQ ID NO:11121	SEQ ID NO:19133
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	VMHNSYPRT
			SEQ ID NO:3110	SEQ ID NO:11122	SEQ ID NO:19134

【図４９－２６５】

FIGURE 49

iPS:436458	21-225_217H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTAATGCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:3111	SEQ ID NO:11123	SEQ ID NO:19135
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LMHTYSYPRT
			SEQ ID NO:3112	SEQ ID NO:11124	SEQ ID NO:19136
iPS:436462	21-225_218C4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	GTAATGCATTATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:3113	SEQ ID NO:11125	SEQ ID NO:19137
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	VMHTYSYPRT
			SEQ ID NO:3114	SEQ ID NO:11126	SEQ ID NO:19138
iPS:436464	21-225_219H1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	TCTGCATCCAAATTTGCAA	CAACACTATAGTAATTACCC
			CAATTATTTAGAC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:3115	SEQ ID NO:11127	SEQ ID NO:19139
		AA	RASQGISNYLD	SASSLQS	QHYSNYPLT
			SEQ ID NO:3116	SEQ ID NO:11128	SEQ ID NO:19140
iPS:436472	21-225_220E1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAG	GTTACATCCAGAGGGC	CAGCAGTATGGTAGCTCACC
			CCGCAGCCACTTAGTC	CACT	GTGGACG
			SEQ ID NO:3117	SEQ ID NO:11129	SEQ ID NO:19141
		AA	RASQSISRSHLV	VTSSRAT	QQYGSSPWT
			SEQ ID NO:3118	SEQ ID NO:11130	SEQ ID NO:19142
iPS:436480	21-225_220F8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	GTAATGCATAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AAGT	TCGGACG
			SEQ ID NO:3119	SEQ ID NO:11131	SEQ ID NO:19143
		AA	RASQGIRNDLG	GASSLQS	VMHNSYPRT
			SEQ ID NO:3120	SEQ ID NO:11132	SEQ ID NO:19144
iPS:436488	21-225_221A6	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	ACTGCATCCAAATTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:3121	SEQ ID NO:11133	SEQ ID NO:19145
		AA	RASQGISSWLA	TASNLQS	QQANSFPPT
			SEQ ID NO:3122	SEQ ID NO:11134	SEQ ID NO:19146

【図４９－２６６】

FIGURE 49

iPS:436490	21-225_221F6	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAAATTTACAA	CAACAGTATATGACTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	GCTCACT
			SEQ ID NO:3123	SEQ ID NO:11135	SEQ ID NO:19147
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYMTYPLT
			SEQ ID NO:3124	SEQ ID NO:11136	SEQ ID NO:19148
iPS:436494	21-225_221F12	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	ACTGCATCCAAATTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:3125	SEQ ID NO:11137	SEQ ID NO:19149
		AA	RASQGISSWLA	TASNLQS	QQANSFPPT
			SEQ ID NO:3126	SEQ ID NO:11138	SEQ ID NO:19150
iPS:436496	21-225_222E1	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	ACTGCATCCAAATTTGCAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGCTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:3127	SEQ ID NO:11139	SEQ ID NO:19151
		AA	RASQGISSWLA	TASNLQS	QQANSFPPT
			SEQ ID NO:3128	SEQ ID NO:11140	SEQ ID NO:19152
iPS:436500	21-225_222H3	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACACCGGGA	CAGCAATATTCTTCTATTCTG
			GAAAAAGTTCCAACCATAGGA	AACC	TGGACG
			ACTCACTTAGCT		
			SEQ ID NO:3129	SEQ ID NO:11141	SEQ ID NO:19153
		AA	KSSQSVLKSSNHRNYLA	WASTRET	QQYSSIPWT
			SEQ ID NO:3130	SEQ ID NO:11142	SEQ ID NO:19154
iPS:436502	21-225_222A11	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTATATTATCTTAATTATCTCG
			CAATTATTTGGCC	AGT	CTCACT
			SEQ ID NO:3131	SEQ ID NO:11143	SEQ ID NO:19155
		AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	LYYLNYPLT
			SEQ ID NO:3132	SEQ ID NO:11144	SEQ ID NO:19156
iPS:436504	21-225_222H4	NA	CGGGCAAGTCAGACATTAG	ACTGCATCGAGTTTGCA	CAGCAGTATTACTTTACCCC
			TAATTATCTTAAT	AAGT	ATTCACT
			SEQ ID NO:3133	SEQ ID NO:11145	SEQ ID NO:19157
		AA	RASQNISNYVN	TASSLQS	QQYYTYPPT

【図４９－２６７】

FIGURE 49

iPS:436506			NA	AGGGCCAGTCAGATGTGTTTA	SEQ ID NO:3134
				CAGCAACTACTTAGGC	SEQ ID NO:3135
		21-225_222C7	AA	TASQSVTSSNTLA	SEQ ID NO:3136
				GASSRAT	SEQ ID NO:3137
iPS:436508			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	SEQ ID NO:3138
				CAGCTGGTTAGCC	SEQ ID NO:3139
		21-225_222H7	AA	RASQGISSWLA	SEQ ID NO:3140
				TASNLQS	SEQ ID NO:3141
			AA	RASQGIRNDLG	SEQ ID NO:3142
				AASSLQS	SEQ ID NO:3143
iPS:436510			NA	CGGGTGAGTCAGGGTATTAG	SEQ ID NO:3144
				TAATTATGTTAAT	SEQ ID NO:3145
		21-225_222H8	AA	RASQNISNYVN	SEQ ID NO:3146
				IASSLQS	SEQ ID NO:3147
			AA	RASQGISSWLA	SEQ ID NO:3148
				AASSLQS	SEQ ID NO:3149
iPS:436514			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	SEQ ID NO:3150
				CAATTATTGGCC	SEQ ID NO:3151
		21-225_222D10	AA	RASQGISNYLA	SEQ ID NO:3152
				AASSLQS	SEQ ID NO:3153
iPS:436516			NA	CGGGTGAGTCAGGGTATTAG	SEQ ID NO:3154
				CAGCTGGTTAGCC	SEQ ID NO:3155
		21-225_222C12	AA	RVSQGISSWLA	SEQ ID NO:3156
				TASNLQS	SEQ ID NO:3157
iPS:436520			NA	AAGTCCAGCCAGATGTATTTT	SEQ ID NO:3158
				ACTCAGCTCCAACAATAAGA	SEQ ID NO:3159
		21-225_223G10		ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:3160
			AA	KSSQSLLSSNNKNYLA	SEQ ID NO:3161
				WASTRES	SEQ ID NO:3162

			AA	KSSQSLLSSNNKNYLA	LQYFSTPWT
				WASTRES	SEQ ID NO:3158
iPS:436522			NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	SEQ ID NO:3159
				TAATTATTTGGCC	CTCACT
		21-225_223H10	AA	RASQGISNYLA	LHYLNYPLT
				AASNLQS	SEQ ID NO:3160
iPS:436526			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTGA	SEQ ID NO:3161
				AAATGATTTAGGC	GCTCACT
		21-225_224A1	AA	RASQGIRNDLG	LQHNSYPLT
				AASSLQS	SEQ ID NO:3162
iPS:436528			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	SEQ ID NO:3163
				TAATGATTTAGGC	SEQ ID NO:3164
		21-225_224B1	AA	RASQGISNDLG	SEQ ID NO:3165
				AASSLQS	SEQ ID NO:3166
iPS:436534			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	SEQ ID NO:3167
				AGATGATTTAGGC	TCGGACG
		21-225_224F1	AA	RASQGIRDDLG	LQHYSYPRT
				AASSLQS	SEQ ID NO:3168
iPS:436536			NA	AAGTCTGGTCAGAGCCTCCT	SEQ ID NO:3169
				GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT
		21-225_224G1		TTTTGTCT	TCGGACG
			AA	KSGQSLLHSDGKTFLS	SEQ ID NO:3170
				EISNRFS	MQSTQLPRT
iPS:436538			NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	SEQ ID NO:3171
				AAATGATTTAGGC	GCTCACT

【図４９－２６８】

FIGURE 49

【図４９－２６９】

FIGURE 49

21-225_224C3				SEQ ID NO:3167	SEQ ID NO:11169	SEQ ID NO:19181
			AA	RASQDIRNDLG	ATSSLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:3168	SEQ ID NO:11170	SEQ ID NO:19182
iPS:436540			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTCCAGCATTATAATTACCCT	SEQ ID NO:19183
				AAATGATTTAGGC	AGT	SEQ ID NO:19184
		21-225_224F3		SEQ ID NO:3169	SEQ ID NO:11171	LQHYNYPRA
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	SEQ ID NO:19185
				AASSLQS	SEQ ID NO:11172	SEQ ID NO:19186
iPS:436544			NA	AAGTCCAGCCAGATGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	SEQ ID NO:19187
				ATACAGCTCCAACAATTTCA	ATCC	SEQ ID NO:19188
		21-225_224H5		ACTACTTAACT		SEQ ID NO:19189
			AA	KSSQSVLYSSNNFNYLT	WASTRES	QQYYSTPPT
				SEQ ID NO:3170	SEQ ID NO:11173	SEQ ID NO:19190
iPS:436546			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	SEQ ID NO:11174	SEQ ID NO:19191
				CAGCTGGTTAGCC	GCTGCATCTCCAGTTTGCAA	SEQ ID NO:19192
		21-225_224D6		SEQ ID NO:3171	AGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			AA	RASQGISSWLA	AASSLQS	GTGGACG
				SEQ ID NO:3172	SEQ ID NO:11175	SEQ ID NO:19193
iPS:436548			NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAATTTCCAACCGGTTC	QQANSFPWT
				GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT	SEQ ID NO:19194
		21-225_224A7		TTTTGTAT		SEQ ID NO:19195
			AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
				SEQ ID NO:3173	SEQ ID NO:11176	SEQ ID NO:19196
iPS:436550			NA	AAGTCCAGCCAGATGTTTT	TGGTCGTCTACCCGGAA	SEQ ID NO:19197
				ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC	SEQ ID NO:19198
		21-225_224B8		ACTACTTAGCT		SEQ ID NO:19199
			AA	KSSQSVLYSSNNKNYLA	WSSTRKS	QQYTSTPPT

【図４９－２７０】

FIGURE 49

iPS:436554			NA	AAGTCCAGCCAGATGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	SEQ ID NO:19200
				ATACAATTCCAACAATAAGA	GTCC	SEQ ID NO:19201
		21-225_224C10		ACTACTTAGCT		SEQ ID NO:19202
			AA	KSSQSVLYSSNNKNYLA	WASTRES	QQYYNPCS
				SEQ ID NO:3173	SEQ ID NO:11181	SEQ ID NO:19203
iPS:436556			NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCTCCAGTTTACAA	SEQ ID NO:19204
				AAATGATTTAGGC	AGT	GCTCACT
		21-225_224D10		SEQ ID NO:3174	SEQ ID NO:11182	SEQ ID NO:19205
			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPLT
				SEQ ID NO:3175	SEQ ID NO:11183	SEQ ID NO:19206
iPS:436558			NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAATTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTACACACGCTTCC
				GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT	TCGGACG
		21-225_224C11		TTTTGTAT		SEQ ID NO:19207
			AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
				SEQ ID NO:3176	SEQ ID NO:11184	SEQ ID NO:19208
iPS:436560			NA	AAGTCCAGCCAGATGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	SEQ ID NO:19209
				ATCCAGCTCCAACAATCACA	ATCC	SEQ ID NO:19210
		21-225_224F11		ACTACTTAGCT		SEQ ID NO:19211
			AA	KSSQSVLSSSNNHNYLA	WASTRES	QQYYTPPCS
				SEQ ID NO:3176	SEQ ID NO:11188	SEQ ID NO:19212
iPS:436562			NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT	GAAATTTCCAACCGGTTC	ATGCAAAGTACACACGCTTCC
				GCATAGTGATGGAAAGACCT	TCT	TCGGACG
		21-225_224H11		TTTTGTAT		SEQ ID NO:19213
			AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
				SEQ ID NO:3178	SEQ ID NO:11190	SEQ ID NO:19214

【図４９－２７１】

FIGURE 49

iPS:436564	21-225_225A1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AGATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTGCAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
			SEQ ID NO:3179	SEQ ID NO:11191	SEQ ID NO:19203
		AA	RASQGIRDDLG	AASSLQS	LQITYSYPRT
			SEQ ID NO:3180	SEQ ID NO:11192	SEQ ID NO:19204
iPS:436568	21-225_225B3	NA	AGGGCCAGTCAGAATCTTAG CAGCAGCTACTTAGGC	GATACATCCAGCAGGGC CACT	CAGGAGTATGGTAGCTCACT CATGTGCAGT
			SEQ ID NO:3181	SEQ ID NO:11193	SEQ ID NO:19205
		AA	RASQNLSSSYLG	DTSSRAT	QEYGSSLMCS
			SEQ ID NO:3182	SEQ ID NO:11194	SEQ ID NO:19206
iPS:436570	21-225_225F4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATATAGCTCCCAACAATAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CACCAATATCATAATTCTCC TCCCACT
			SEQ ID NO:3183	SEQ ID NO:11195	SEQ ID NO:19207
		AA	KSSQSVLYSSNNKNYLA	WASTRES	HQYHNSPPT
			SEQ ID NO:3184	SEQ ID NO:11196	SEQ ID NO:19208
iPS:436572	21-225_225G4	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT TTTTGTAT	GAAATTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			SEQ ID NO:3185	SEQ ID NO:11197	SEQ ID NO:19209
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3186	SEQ ID NO:11198	SEQ ID NO:19210
iPS:436574	21-225_225F5	NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT ATACAACTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTTCTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3187	SEQ ID NO:11199	SEQ ID NO:19211
		AA	KSSQNVLYNSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:3188	SEQ ID NO:11200	SEQ ID NO:19212
iPS:436576		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATGA GAAAAGATTTAGGC	GCTGCAACCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAGTTATCC ATTCACT

【図４９－２７２】

FIGURE 49

	21-225_225B6	NA	SEQ ID NO:3189	SEQ ID NO:11201	SEQ ID NO:19213
		AA	RASQGMRKDLG	AATSLQS	LQHNSYPFT
			SEQ ID NO:3190	SEQ ID NO:11202	SEQ ID NO:19214
iPS:436578	21-225_225D6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTACAA AGT	CTTCAGCATAATACTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3191	SEQ ID NO:11203	SEQ ID NO:19215
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNTYPFT
			SEQ ID NO:3192	SEQ ID NO:11204	SEQ ID NO:19216
iPS:436580	21-225_225E7	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTACCTCACC TCGGACG
			SEQ ID NO:3193	SEQ ID NO:11205	SEQ ID NO:19217
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QQYGTSPRT
			SEQ ID NO:3194	SEQ ID NO:11206	SEQ ID NO:19218
iPS:436582	21-225_225F8	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCTA GGT	CTACAACATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3195	SEQ ID NO:11207	SEQ ID NO:19219
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLLG	LQHNSYPFT
			SEQ ID NO:3196	SEQ ID NO:11208	SEQ ID NO:19220
iPS:436584	21-225_225B9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACACTCCAAGAGTATTCC TGGTAAG
			SEQ ID NO:3197	SEQ ID NO:11209	SEQ ID NO:19221
		AA	KSSQSVLYSSNNNNYLA	WASTRES	QHSKSIPGK
			SEQ ID NO:3198	SEQ ID NO:11210	SEQ ID NO:19222
iPS:436586	21-225_225F11	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCTTCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATACTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3199	SEQ ID NO:11211	SEQ ID NO:19223
		AA	KSSQSVLYSSNNNYNYLA	WASTRES	QQYYTTPPT
			SEQ ID NO:3200	SEQ ID NO:11212	SEQ ID NO:19224

【図４９－２７３】

FIGURE 49

iPS:436588	21-225_225F12	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCAACAATCAGA ACTACTTAGCT	TGGACATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:3201	SEQ ID NO:11213	SEQ ID NO:19225
		AA	KSSQSVLYSSNNQNYLA	WTSTRES	QQYYTPCS
			SEQ ID NO:3202	SEQ ID NO:11214	SEQ ID NO:19226
iPS:436590	21-225_225H12	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAACTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATATTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:3203	SEQ ID NO:11215	SEQ ID NO:19227
		AA	KSSQSVLYNSNNNNYLA	WASTRES	QQYYTPCS
			SEQ ID NO:3204	SEQ ID NO:11216	SEQ ID NO:19228
iPS:436592	21-225_226B1	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAAGACCT ATTTGTAT	GAAGTTTCCATCCCGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGATTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:3205	SEQ ID NO:11217	SEQ ID NO:19229
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSQGIPWT
			SEQ ID NO:3206	SEQ ID NO:11218	SEQ ID NO:19230
iPS:436594	21-225_226A5	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT ACATGGTGATGGAAAAGACCT ATTTGTAT	GAAGTTTCCAAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGATTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:3207	SEQ ID NO:11219	SEQ ID NO:19231
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSQGIPWT
			SEQ ID NO:3208	SEQ ID NO:11220	SEQ ID NO:19232
iPS:436596	21-225_226C6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAAGTTTGCAA AGT	CTACAGCAATTATAATTACCC TCGGGCG
			SEQ ID NO:3209	SEQ ID NO:11221	SEQ ID NO:19233
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYNYPRA
			SEQ ID NO:3210	SEQ ID NO:11222	SEQ ID NO:19234

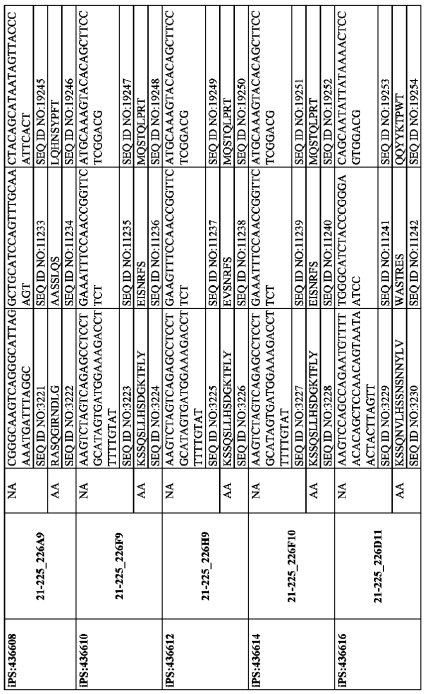
【図４９－２７４】

FIGURE 49

iPS:436598	21-225_226D6	NA	AGGTCCAGCCAGAGTATTTT ATACATCTCCAACAATAAGA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTTCTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:3211	SEQ ID NO:11223	SEQ ID NO:19235
		AA	RSSQSILYSSNNKNYLA	WASTRES	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:3212	SEQ ID NO:11224	SEQ ID NO:19236
iPS:436600	21-225_226F6	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ATACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCTCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATACTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3213	SEQ ID NO:11225	SEQ ID NO:19237
		AA	KSSQSILYSSNNYNYLA	WASTRES	QQYYTTPPT
			SEQ ID NO:3214	SEQ ID NO:11226	SEQ ID NO:19238
iPS:436602	21-225_226E7	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATGGTGATGGAAAAGACCT ATTTGTAT	GAAGTTTCCAAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTATACAGGTTCC GTGGACG
			SEQ ID NO:3215	SEQ ID NO:11227	SEQ ID NO:19239
		AA	KSSQSLLHGDGKTYLY	EVSNRFS	MQSIQVPWT
			SEQ ID NO:3216	SEQ ID NO:11228	SEQ ID NO:19240
iPS:436604	21-225_226F7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTGG GAATGATTTAGGC	GCTGCCTCCAGTTTGCAA AGT	CTACATCCATTATAGTTACCCT CGGACG
			SEQ ID NO:3217	SEQ ID NO:11229	SEQ ID NO:19241
		AA	RASQGIGNDLG	AASSLQS	LHHYSYPRT
			SEQ ID NO:3218	SEQ ID NO:11230	SEQ ID NO:19242
iPS:436606	21-225_226G8	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATAGTGATGGAAAAGACCT TTTTGTAT	GAAATTTCCAAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3219	SEQ ID NO:11231	SEQ ID NO:19243
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3220	SEQ ID NO:11232	SEQ ID NO:19244

【図４９－２７５】

FIGURE 49



iPS:436608	21-225_226A9	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3241	SEQ ID NO:11233	SEQ ID NO:19245
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:3242	SEQ ID NO:11234	SEQ ID NO:19246
iPS:436610	21-225_226B9	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATTAGTGATGGAAAGACCT	GAAATTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			TTTTGTAT		
			SEQ ID NO:3243	SEQ ID NO:11235	SEQ ID NO:19247
		AA	KSSQNLVSSNNNYLA	WASTRKS	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:3244	SEQ ID NO:11236	SEQ ID NO:19248
iPS:436612	21-225_226H9	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATTAGTGATGGAAAGACCT	GAAGTTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			TTTTGTAT		
			SEQ ID NO:3245	SEQ ID NO:11237	SEQ ID NO:19249
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EVSNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3246	SEQ ID NO:11238	SEQ ID NO:19250
iPS:436614	21-225_226F10	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATTAGTGATGGAAAGACCT	GAAATTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			TTTTGTAT		
			SEQ ID NO:3247	SEQ ID NO:11239	SEQ ID NO:19251
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3248	SEQ ID NO:11240	SEQ ID NO:19252
iPS:436616	21-225_226D11	NA	AAGTCCACGCCAGAATGTTTT ACACAGCTCCAACAGTAATA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAAAACTCC GTGGACG
			ACTACTTAGTT		
			SEQ ID NO:3249	SEQ ID NO:11241	SEQ ID NO:19253
		AA	KSSQNVLYSSNNNYLA	WASTRES	QQYYKTPWT
			SEQ ID NO:3250	SEQ ID NO:11242	SEQ ID NO:19254

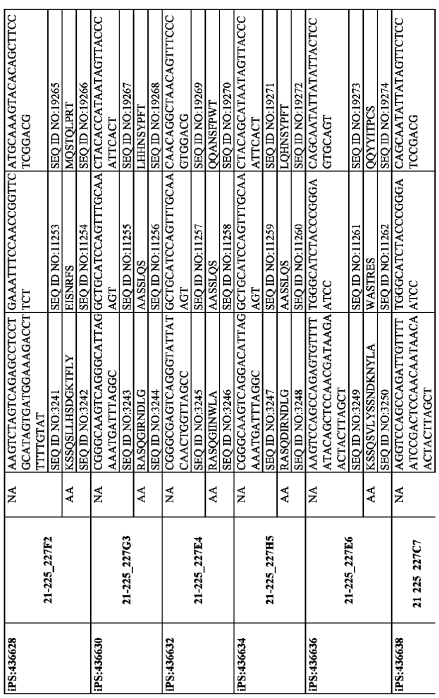
【図４９－２７６】

FIGURE 49

iPS:436618	21-225_226E11	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATTAGTGATGGAAAGACCT	GAAATTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			TTTTGTAT		
			SEQ ID NO:3251	SEQ ID NO:11243	SEQ ID NO:19255
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3252	SEQ ID NO:11244	SEQ ID NO:19256
iPS:436620	21-225_226H11	NA	CGGACAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
			SEQ ID NO:3253	SEQ ID NO:11245	SEQ ID NO:19257
		AA	RTSQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3254	SEQ ID NO:11246	SEQ ID NO:19258
iPS:436622	21-225_226A12	NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT ATACAGTTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGAA ATCC	CAGCAATATTATAGTAGTCC TCCGACG
			ACTACTTAGCT		
			SEQ ID NO:3255	SEQ ID NO:11247	SEQ ID NO:19259
		AA	KSSQNVLYSSNNNYLA	WASTRKS	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:3256	SEQ ID NO:11248	SEQ ID NO:19260
iPS:436624	21-225_226H12	NA	AAGTCTAGTCAAGACCCTCCT GCATTAGTGATGGAAAGACCT	GAAATTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			TTTTGTAT		
			SEQ ID NO:3257	SEQ ID NO:11249	SEQ ID NO:19261
		AA	KSSKTLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3258	SEQ ID NO:11250	SEQ ID NO:19262
iPS:436626	21-225_227C1	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATTAGTGATGGAAAGACCT	GAAATTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			TTTTGTAT		
			SEQ ID NO:3259	SEQ ID NO:11251	SEQ ID NO:19263
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3260	SEQ ID NO:11252	SEQ ID NO:19264

【図４９－２７７】

FIGURE 49



iPS:436628	21-225_227F2	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATTAGTGATGGAAAGACCT	GAAATTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			TTTTGTAT		
			SEQ ID NO:3241	SEQ ID NO:11253	SEQ ID NO:19265
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3242	SEQ ID NO:11254	SEQ ID NO:19266
iPS:436630	21-225_227G3	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTGCAA AGT	CTACACCATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3243	SEQ ID NO:11255	SEQ ID NO:19267
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LHHNSYPPT
			SEQ ID NO:3244	SEQ ID NO:11256	SEQ ID NO:19268
iPS:436632	21-225_227E4	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAT CAACTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC GTGGACG
			SEQ ID NO:3245	SEQ ID NO:11257	SEQ ID NO:19269
		AA	RASQGIINWLA	AASSLQS	QQANSPPWT
			SEQ ID NO:3246	SEQ ID NO:11258	SEQ ID NO:19270
iPS:436634	21-225_227H5	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3247	SEQ ID NO:11259	SEQ ID NO:19271
		AA	RASQDIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPPT
			SEQ ID NO:3248	SEQ ID NO:11260	SEQ ID NO:19272
iPS:436636	21-225_227B6	NA	AAGTCCAGCCAGAATGTTTT ATACAGCTCCAACGATAAGA ACTACTTAGCT	TGGGGCATCTACCCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATATTACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:3249	SEQ ID NO:11261	SEQ ID NO:19273
		AA	KSSQSVLYSSNDKNYLA	WASTRES	QQYYITPCS
			SEQ ID NO:3250	SEQ ID NO:11262	SEQ ID NO:19274
iPS:436638	21 225 227C7	NA	AGGTCCAGCCAGATTGTTTT ATCCGACTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTTCTCC TCCGACG

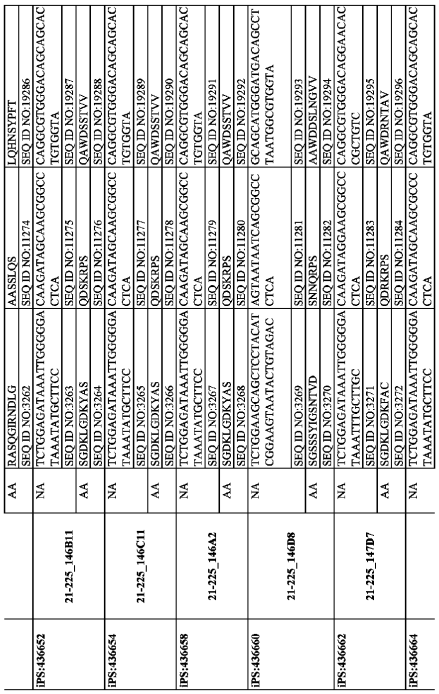
【図４９－２７８】

FIGURE 49

	21-225_227C7	AA	SEQ ID NO:3251	SEQ ID NO:11263	SEQ ID NO:19275
			RSSQIVLSDSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSSPPT
			SEQ ID NO:3252	SEQ ID NO:11264	SEQ ID NO:19276
iPS:436640	21-225_227A8	NA	AAGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATTAGTGATGGAAAGACCT	GAAATTTCCAACCGGTTC TCT	ATGCAAAGTACACAGCTTCC TCGGACG
			TTTTGTAT		
			SEQ ID NO:3253	SEQ ID NO:11265	SEQ ID NO:19277
		AA	KSSQSLLHSDGKTFLY	EISNRFS	MQSTQLPRT
			SEQ ID NO:3254	SEQ ID NO:11266	SEQ ID NO:19278
iPS:436644	21-225_227C9	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGGATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTGCTCC GTACAGT
			SEQ ID NO:3255	SEQ ID NO:11267	SEQ ID NO:19279
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA	WGSTRES	QQYYSAPYS
			SEQ ID NO:3256	SEQ ID NO:11268	SEQ ID NO:19280
iPS:436646	21-225_227D11	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGTTCCAACAATAATA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATACTCC GTGCAGT
			SEQ ID NO:3257	SEQ ID NO:11269	SEQ ID NO:19281
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNTPCS
			SEQ ID NO:3258	SEQ ID NO:11270	SEQ ID NO:19282
iPS:436648	21-225_227F11	NA	TGGTCTAGTCAGAGCCTCCT GCATTAGTAATGGATACAACT ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCCGGGCC TCC	ATGCAAGCTCTACAAACTCC TCCTCACC
			SEQ ID NO:3259	SEQ ID NO:11271	SEQ ID NO:19283
		AA	WSSQSLLHSNGYNYLD	LGSNRAS	MQALQTPLT
			SEQ ID NO:3260	SEQ ID NO:11272	SEQ ID NO:19284
iPS:436650	21-225_227C12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3261	SEQ ID NO:11273	SEQ ID NO:19285

【図４９－２７９】

FIGURE 49



			AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHNSYPFT	
				SEQ ID NO:3262	SEQ ID NO:11274	SEQ ID NO:19286	
iPS:436652	21-225_146B11		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA	
				SEQ ID NO:3263	SEQ ID NO:11275	SEQ ID NO:19287	
			AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV	
				SEQ ID NO:3264	SEQ ID NO:11276	SEQ ID NO:19288	
iPS:436654	21-225_146C11		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA	
				SEQ ID NO:3265	SEQ ID NO:11277	SEQ ID NO:19289	
			AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV	
				SEQ ID NO:3266	SEQ ID NO:11278	SEQ ID NO:19290	
iPS:436658	21-225_146A2		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA	
				SEQ ID NO:3267	SEQ ID NO:11279	SEQ ID NO:19291	
			AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV	
				SEQ ID NO:3268	SEQ ID NO:11280	SEQ ID NO:19292	
iPS:436660	21-225_146D8		NA	TCTGGAAGCAGCTCCTCACAT	AGTAATAATCAGCGGCC	GCAGCATGGGATGACAGCCT	
				CGGAAGTTAATCTGTAGAC	CTCA	TAATGGCGTGGTA	
				SEQ ID NO:3269	SEQ ID NO:11281	SEQ ID NO:19293	
			AA	SGSSSYIGSNTVD	SNNQRPS	AAWDDSLNGVV	
				SEQ ID NO:3270	SEQ ID NO:11282	SEQ ID NO:19294	
iPS:436662	21-225_147D7		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGGAACAC	
				TAAATTTGCTTGC	CTCA	CGCCTGTC	
				SEQ ID NO:3271	SEQ ID NO:11283	SEQ ID NO:19295	
			AA	SGDKLGDKFAC	QDRKRPS	QAWDRNTAV	
				SEQ ID NO:3272	SEQ ID NO:11284	SEQ ID NO:19296	
iPS:436664			NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGCCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA	

【図４９－２８０】

FIGURE 49

				SEQ ID NO:3273	SEQ ID NO:11285	SEQ ID NO:19297	
			AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV	
				SEQ ID NO:3274	SEQ ID NO:11286	SEQ ID NO:19298	
iPS:436666	21-225_147B8		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGGCAGTAACAC	
				TAAATATGTTTGC	CTCA	TGCTGTGGTA	
				SEQ ID NO:3275	SEQ ID NO:11287	SEQ ID NO:19299	
			AA	SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	QAWGSNTAVV	
				SEQ ID NO:3276	SEQ ID NO:11288	SEQ ID NO:19300	
iPS:436668	21-225_147B9		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CTGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGTTTCC	CTCA	TTTTGTGGTA	
				SEQ ID NO:3277	SEQ ID NO:11289	SEQ ID NO:19301	
			AA	SGDKLGDKYVS	QDRKRPS	LAWDSSTFVV	
				SEQ ID NO:3278	SEQ ID NO:11290	SEQ ID NO:19302	
iPS:436670	21-225_147D9		NA	TCTGGAGATAAATTGGGTAA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGGAACAC	
				TAAATATGTTTGC	CTCA	TTATGTTGGTG	
				SEQ ID NO:3279	SEQ ID NO:11291	SEQ ID NO:19303	
			AA	SGDKLGNKYVC	QDSKRPS	QAWDRNTVVV	
				SEQ ID NO:3280	SEQ ID NO:11292	SEQ ID NO:19304	
iPS:436672	21-225_147E9		NA	TCTGGAGATGAATTGGGGAAA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGCACAGCAGCAC	
				CTCA	CTCA	TCGTGGTA	
				SEQ ID NO:3281	SEQ ID NO:11293	SEQ ID NO:19305	
			AA	SGDELGNKYAC	QDSKRPS	QAWHSSTVV	
				SEQ ID NO:3282	SEQ ID NO:11294	SEQ ID NO:19306	
iPS:436674	21-225_147G9		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGCACAGCAGTAC	
				TAAATATGCTTGC	CTCA	TCGTGGTA	
				SEQ ID NO:3283	SEQ ID NO:11295	SEQ ID NO:19307	
			AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWHSSTVV	
				SEQ ID NO:3284	SEQ ID NO:11296	SEQ ID NO:19308	
iPS:436676			NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGCTTCC	CTCA	TCGTGGTA	

【図４９－２８１】

FIGURE 49

	21-225_147E11			SEQ ID NO:3285	SEQ ID NO:11297	SEQ ID NO:19309	
			AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV	
iPS:436678	21-225_147B12		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA	
				SEQ ID NO:3287	SEQ ID NO:11299	SEQ ID NO:19311	
			AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV	
				SEQ ID NO:3288	SEQ ID NO:11300	SEQ ID NO:19312	
iPS:436680	21-225_147B12		NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATAATCACCGGCC	GAAGCATGGGATGACAGCCT	
				CGGAAGTTATGCTGTAAAC	CTCA	GAATGGTCCGGTA	
				SEQ ID NO:3289	SEQ ID NO:11301	SEQ ID NO:19313	
			AA	SGSSSNNGSYAVN	SNNTRPS	EAWDDSLNGPV	
				SEQ ID NO:3290	SEQ ID NO:11302	SEQ ID NO:19314	
iPS:436682	21-225_146A8		NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATGATCAGCGGCC	GCAGCAATGGGATGACAGCCT	
				CGGAAGTAATTCTATAAAC	CTCA	GAACGGCGTGGTA	
				SEQ ID NO:3291	SEQ ID NO:11303	SEQ ID NO:19315	
			AA	SGSSSNIGSNSIN	SNDQRPS	AAWDDSLNGVV	
				SEQ ID NO:3292	SEQ ID NO:11304	SEQ ID NO:19316	
iPS:436684	21-225_146B6		NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATAATCAGCGGCC	GCAGCAATGGGATGACAGCCT	
				CGGAAGTAATGCTGTAAAC	CTCA	GAATGGCGTGGTA	
				SEQ ID NO:3293	SEQ ID NO:11305	SEQ ID NO:19317	
			AA	SGSSSNIGSNAVN	SNNQRPS	AAWDDSLNGVV	
				SEQ ID NO:3294	SEQ ID NO:11306	SEQ ID NO:19318	
iPS:436686	21-225_148G6		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGCGCTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGTTTGC	CTCA	TGTGGTA	
				SEQ ID NO:3295	SEQ ID NO:11307	SEQ ID NO:19319	
			AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV	

【図４９－２８２】

FIGURE 49

	21-225_148C8		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CTGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGTTTGC	CTCA	TTTTGTGGTA	
				SEQ ID NO:3297	SEQ ID NO:11309	SEQ ID NO:19321	
			AA	SGDKLGDKYVS	QDRKRPS	LAWDSSTFVV	
				SEQ ID NO:3298	SEQ ID NO:11310	SEQ ID NO:19322	
iPS:436690	21-225_148A9		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGCGTGGCACAGCAGCAC	CAGCCGTGGCACAGCAGCAC	
				TAAATATGTTTGC	CTCA	TGTGGTA	
				SEQ ID NO:3299	SEQ ID NO:11311	SEQ ID NO:19323	
			AA	SGDKLGNKYVC	QDSKRPS	QAWHSSTVV	
				SEQ ID NO:3300	SEQ ID NO:11312	SEQ ID NO:19324	
iPS:436694	21-225_148G11		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATTTGCTTCC	CTCA	TGTGGTA	
				SEQ ID NO:3301	SEQ ID NO:11313	SEQ ID NO:19325	
			AA	SGDKLGDKFAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV	
				SEQ ID NO:3302	SEQ ID NO:11314	SEQ ID NO:19326	
iPS:436696	21-225_149A1		NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATAATCAGCGGCC	GCAGCATGGGATGACAGCCT	
				CGGAAGTAATGCTGTAAAC	CTCA	GAATGGCGTGGTA	
				SEQ ID NO:3303	SEQ ID NO:11315	SEQ ID NO:19327	
			AA	SGSSSNIGSNAVN	SNNQRPS	AAWDDSLNGVV	
				SEQ ID NO:3304	SEQ ID NO:11316	SEQ ID NO:19328	
iPS:436698	21-225_149B5		NA	TCTGGATATAAATTGGGGTA	CAAAATACCAGCGGCC	CAGCGCTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGTTTGC	CTCA	TGTGGTA	
				SEQ ID NO:3305	SEQ ID NO:11317	SEQ ID NO:19329	
			AA	SGYKLGYKYVC	QNNQRPS	QAWDSSTVV	
				SEQ ID NO:3306	SEQ ID NO:11318	SEQ ID NO:19330	
iPS:436700	21-225_149C7		NA	TCTGGAAATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGCGCTGGGACAGCAGCAC	
				TAAATATGCTTCC	CTCA	TCGTGGTA	
				SEQ ID NO:3307	SEQ ID NO:11319	SEQ ID NO:19331	

【図４９－２８３】

FIGURE 49

iPS:436702	21-225_149E8	NA	SGNKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3308	SEQ ID NO:11320	SEQ ID NO:19332
		NA	ACCTTACGCAGTGGCATCAC	TACACATCAGACTCAGA	ATGATTTGGCACAGCAGCGC
			TGTTACTACCTATAGGATAT	TAAACACCAGGGCTCT	TTGGGTG
			AC		
		AA	SEQ ID NO:3309	SEQ ID NO:11321	SEQ ID NO:19333
		AA	TLRSGITVTTYRHY	YTSDSDKHQGS	MIWHSSSAWV
			SEQ ID NO:3310	SEQ ID NO:11322	SEQ ID NO:19334
iPS:436704	21-225_149C10	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3311	SEQ ID NO:11323	SEQ ID NO:19335
		AA	SGDKLGDKYAS	QDNKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3312	SEQ ID NO:11324	SEQ ID NO:19336
iPS:436706	21-225_149A11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGCAGGCGGCC	CTGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGTTTCC	CTCA	TTTTGTGGTC
			SEQ ID NO:3313	SEQ ID NO:11325	SEQ ID NO:19337
		AA	SGDKLGNKYVS	QDSRRPS	LAWDSSTFVV
			SEQ ID NO:3314	SEQ ID NO:11326	SEQ ID NO:19338
iPS:436708	21-225_150D3	NA	TCTGGAGATGAATTGGGGAA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGCACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3315	SEQ ID NO:11327	SEQ ID NO:19339
		AA	SGDELGNKYAC	QDNKRPS	QAWHSSTVV
			SEQ ID NO:3316	SEQ ID NO:11328	SEQ ID NO:19340
iPS:436710	21-225_150F6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3317	SEQ ID NO:11329	SEQ ID NO:19341
		AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3318	SEQ ID NO:11330	SEQ ID NO:19342

【図４９－２８４】

FIGURE 49

iPS:436712	21-225_150F9	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATAGTCAGCGGCC	GCAGCATGGGATGACAGCCT
			CGGAAGTAATGCTGTAAAC	CTCA	GAATGGCGTGGTA
			SEQ ID NO:3319	SEQ ID NO:11331	SEQ ID NO:19343
		AA	SGSSSNIGSNAVN	SNSQRPS	AAWDDSLNGVV
			SEQ ID NO:3320	SEQ ID NO:11332	SEQ ID NO:19344
iPS:436714	21-225_150H11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3321	SEQ ID NO:11333	SEQ ID NO:19345
		AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3322	SEQ ID NO:11334	SEQ ID NO:19346
iPS:436716	21-225_151F3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGCACAGCAGCAC
			TAAATATGTTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3323	SEQ ID NO:11335	SEQ ID NO:19347
		AA	SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	QAWHSSTVV
			SEQ ID NO:3324	SEQ ID NO:11336	SEQ ID NO:19348
iPS:436718	21-225_151H5	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3325	SEQ ID NO:11337	SEQ ID NO:19349
		AA	SGDKLGDKYAS	QDSCRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3326	SEQ ID NO:11338	SEQ ID NO:19350
iPS:436720	21-225_151H6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATACCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TTAAATGTCTTCC	CTCA	TTATGTC
			SEQ ID NO:3327	SEQ ID NO:11339	SEQ ID NO:19351
		AA	SGDKLGDKYAC	QDTKRPS	QAWDSSTYV
			SEQ ID NO:3328	SEQ ID NO:11340	SEQ ID NO:19352
iPS:436722	21-225_151H7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3329	SEQ ID NO:11341	SEQ ID NO:19353
		AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV

【図４９－２８５】

FIGURE 49

iPS:436724	21-225_151B9	NA	TCTGGAGATAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3331	SEQ ID NO:11343	SEQ ID NO:19355
		AA	SGDNLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3332	SEQ ID NO:11344	SEQ ID NO:19356
iPS:436726	21-225_152G5	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATTCCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TTATGTC
			SEQ ID NO:3333	SEQ ID NO:11345	SEQ ID NO:19357
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTYV
			SEQ ID NO:3334	SEQ ID NO:11346	SEQ ID NO:19358
iPS:436728	21-225_152G6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3335	SEQ ID NO:11347	SEQ ID NO:19359
		AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3336	SEQ ID NO:11348	SEQ ID NO:19360
iPS:436730	21-225_152D7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3337	SEQ ID NO:11349	SEQ ID NO:19361
		AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3338	SEQ ID NO:11350	SEQ ID NO:19362
iPS:436732	21-225_152B12	NA	TCTGGCGATAAATTGGGAAA	CAAGCGTGGGACAGCAGCAC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TTATGTC
			SEQ ID NO:3339	SEQ ID NO:11351	SEQ ID NO:19363
		AA	SGDKLGNKYAC	QDTKRPS	QAWDSSTYV
			SEQ ID NO:3340	SEQ ID NO:11352	SEQ ID NO:19364
iPS:436734	21-225_153A8	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATACCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TTATGTC
			SEQ ID NO:3341	SEQ ID NO:11353	SEQ ID NO:19365
		AA	SGDKLGDKYAC	QDTKRPS	QAWDSSTYV

【図４９－２８６】

FIGURE 49

iPS:436736	21-225_153E8	NA	TCTGGAAGTAAATTGGGTAA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGTTTGC	CTCA	TTATGTGATA
			SEQ ID NO:3343	SEQ ID NO:11355	SEQ ID NO:19367
		AA	SGSKLGNKYVC	QDNKRPS	QAWDSSTYV
			SEQ ID NO:3344	SEQ ID NO:11356	SEQ ID NO:19368
iPS:436738	21-225_153D9	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGCGTGGCACAGCAGTAC	
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3345	SEQ ID NO:11357	SEQ ID NO:19369
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWHSSTVV
			SEQ ID NO:3346	SEQ ID NO:11358	SEQ ID NO:19370
iPS:436740	21-225_154C3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGCACAGCAGCAC
			TAAATATGTTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3347	SEQ ID NO:11359	SEQ ID NO:19371
		AA	SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	QAWHSSTVV
			SEQ ID NO:3348	SEQ ID NO:11360	SEQ ID NO:19372
iPS:436742	21-225_154C4	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3349	SEQ ID NO:11361	SEQ ID NO:19373
		AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3350	SEQ ID NO:11362	SEQ ID NO:19374
iPS:436744	21-225_154F4	NA	TCTGGAGATAAATTGGGAAA	AAAGATAGTAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGTAC
			TAAATATGTTTGT	CTCA	TTTAGTA
			SEQ ID NO:3351	SEQ ID NO:11363	SEQ ID NO:19375
		AA	SGDKLGNKYVC	KDSKRPS	QDTKRPS
			SEQ ID NO:3352	SEQ ID NO:11364	SEQ ID NO:19376
iPS:436746	21-225_154E10	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3353	SEQ ID NO:11365	SEQ ID NO:19377
		AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDNSTVV

【図４９－２８７】

FIGURE 49

iPS:436748	21-225_154D11	NA	SEQ ID NO:3354	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	SEQ ID NO:11366	CAAGATAAGAAGCGGCC	SEQ ID NO:19378
			TAAATATGTTTGC	CTCA	SEQ ID NO:3355	TAAATATGCTTGC	SEQ ID NO:19379
		AA	SGDKLGDKYVC	QDSKRPS	SEQ ID NO:11367	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3356	CAAGATAACAAGCGGCC	SEQ ID NO:11368	QDRKRPS	SEQ ID NO:19380
iPS:436750	21-225_154G12	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATGATCACCGGCC	QAWFHSSTVV	SEQ ID NO:19381
			CGGGAAATAATGCTGTAAGC	CTCA	SEQ ID NO:11369	GCAGCATGGGATGACAGCCT	SEQ ID NO:19382
		AA	SGSSSNIGNNAVS	SNDRRPS	SEQ ID NO:11370	GAAGGGTCCGGTA	AAWDDSLKGPV
			SEQ ID NO:3358	CAGTCCTATGACAGCAGCCT	SEQ ID NO:11371	CAGTCCTATGACAGCAGCCT	SEQ ID NO:19383
iPS:436752	21-225_155H11	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAATAT	GGTAACAGCAATCCGGCC	SEQ ID NO:11372	GAGTCGTCCTGTGATA	QSYDSSLSGPVI
			CGGGGCAGGTTATGATGTAC	CTCA	SEQ ID NO:11373	GNSNRPS	SEQ ID NO:19384
		AA	AC		SEQ ID NO:11374	TGSSSNIGAGYDVH	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			SEQ ID NO:3359	SEQ ID NO:11375	CAAGATAGAAAGCGGCC	QDRKRPS	SEQ ID NO:19385
iPS:436754	21-225_155G3	NA	TCTGGAGATAAGTTGGGGGA	CTCA	SEQ ID NO:11376	TTTGTGTA	SEQ ID NO:19386
			TAAATATGTTTGC	SGDKLGDKYVC	SEQ ID NO:11377	CAAGATAGAAAGCGGCC	SEQ ID NO:19387
		AA	SEQ ID NO:3360	QDSKRPS	SEQ ID NO:11378	CTCA	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3361	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	SEQ ID NO:11379	TGTGGTG	SEQ ID NO:19388
iPS:436756	21-225_146A10	NA	SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	SEQ ID NO:11380	QAWDSSTVV	SEQ ID NO:19389
			SEQ ID NO:3362	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	SEQ ID NO:11381	LAWDSSTFVV	SEQ ID NO:19390
		AA	CAAGATAGAAAGCGGCC	CTCA	SEQ ID NO:11382	QDSKRPS	SEQ ID NO:19391
			SEQ ID NO:3363	SEQ ID NO:11383	SSNQRPS	QAWDDSLNGVV	SEQ ID NO:19392
		NA	SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	SEQ ID NO:11384	AAWDDSLNGVV	SEQ ID NO:19393
			SEQ ID NO:3364	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	SEQ ID NO:11385	QAWGNSSFVV	SEQ ID NO:19394
iPS:436758		AA	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	CAAGATAGAAAGCGGCC	SEQ ID NO:11386	CTCA	SEQ ID NO:19395
			TAAATATGTTTCC	CTCA	SEQ ID NO:11387	QDSKRPS	SEQ ID NO:19396
				SGDKLGDKYVC	SEQ ID NO:11388	QAWDNSSFVL	SEQ ID NO:19397
				QDRKRPS		QAWDNSSFVV	SEQ ID NO:19398
				SEQ ID NO:11389		QAWDSSTVV	SEQ ID NO:19399
				SEQ ID NO:11390		LAWDSSTFVV	SEQ ID NO:19400

【図４９－２８８】

FIGURE 49

	21-225_155C10	AA	SEQ ID NO:3365	SEQ ID NO:11377	SEQ ID NO:19389		
			SGDKLGDKYVS	QDSKRPS	QAWDSSTVV		
iPS:436760	21-225_155E10	NA	SEQ ID NO:3366	SEQ ID NO:11378	SEQ ID NO:19390		
			TCTGGAGATAAATTGCGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CTGGCGTGGGACAGCAGCAC		
		AA	TAAATATGTTTCC	CTCA	TTTTGTGGTA		
			SEQ ID NO:3367	SEQ ID NO:11379	SEQ ID NO:19391		
		AA	SGDKLGDKYVS	QDRKRPS	LAWDSSTFVV		
			SEQ ID NO:3368	SEQ ID NO:11380	SEQ ID NO:19392		
iPS:436762	21-225_156H2	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAGTAATCAGCGGCC	GCAGCATGGGATGACAGCCT		
			CGGAAGTAAATACTGTAAAT	CTCA	GAATGGCGTGGTA		
		AA	SEQ ID NO:3369	SEQ ID NO:11381	SEQ ID NO:19393		
			SGSSSNIGSNTVN	SSNQRPS	AAWDDSLNGVV		
		AA	SEQ ID NO:3370	SEQ ID NO:11382	SEQ ID NO:19394		
iPS:436764	21-225_158E9	NA	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	CAAGATAGTAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAG		
			TAAATATGTTTGC	CTCA	CTTTGTGCTA		
		AA	SEQ ID NO:3371	SEQ ID NO:11383	SEQ ID NO:19395		
			SGDKLGDKYVC	QDSKRPS	QAWDNSSFVL		
			SEQ ID NO:3372	SEQ ID NO:11384	SEQ ID NO:19396		
iPS:436766	21-225_158D10	NA	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGGCAACAGCAG		
			TAAATATGTTTGC	CTCA	CTTTGTGGTA		
		AA	SEQ ID NO:3373	SEQ ID NO:11385	SEQ ID NO:19397		
			SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	QAWGNSSFVV		
			SEQ ID NO:3374	SEQ ID NO:11386	SEQ ID NO:19398		
iPS:436768	21-225_159H8	NA	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGCGCGTGGGGCAACAGCAG		
			TAAATATGTTTGC	CTCA	CTTTGTGCTA		
		AA	SEQ ID NO:3375	SEQ ID NO:11387	SEQ ID NO:19399		
			SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	QAWGNSSFVV		
			SEQ ID NO:3376	SEQ ID NO:11388	SEQ ID NO:19400		

【図４９－２８９】

FIGURE 49

iPS:436770	21-225_160B12	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGGCAACAGCAG		
			TAAATATGTTTGC	CTCA	CTTTGTGGTA		
		AA	SEQ ID NO:3377	SEQ ID NO:11389	SEQ ID NO:19401		
			SGDKLGDKYVC	QDSKRPS	QAWGNSSFVV		
			SEQ ID NO:3378	SEQ ID NO:11390	SEQ ID NO:19402		
iPS:436772	21-225_161H3	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAACAACAC		
			TAAATATGTTTGC	CTCA	TGCAGTGGTT		
		AA	SEQ ID NO:3379	SEQ ID NO:11391	SEQ ID NO:19403		
			SGDRLGDKYVC	QDNKRPS	QAWVNNTAVV		
			SEQ ID NO:3380	SEQ ID NO:11392	SEQ ID NO:19404		
iPS:436774	21-225_161E10	NA	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGACGTGGGACAACAGTAG		
			TAAATATGTTTGC	CTCA	TTTTGCCGCTT		
		AA	SEQ ID NO:3381	SEQ ID NO:11393	SEQ ID NO:19405		
			SGDKLGDKYVC	QDSKRPS	QTWDNSSFAL		
			SEQ ID NO:3382	SEQ ID NO:11394	SEQ ID NO:19406		
iPS:436776	21-225_161F12	NA	TCTGGAGATAAATTGCGGTGA	CAAGATACCAAGCGGCC	CAGCGCGTGGGACAGCACCAC		
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TCTGGTT		
		AA	SEQ ID NO:3383	SEQ ID NO:11395	SEQ ID NO:19407		
			SGDKLGDKYAC	QDTKRPS	QAWDSTTLV		
			SEQ ID NO:3384	SEQ ID NO:11396	SEQ ID NO:19408		
iPS:436780	21-225_165H3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGTGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCACCAC		
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TCTGGTT		
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDSTTLV		
			SEQ ID NO:3385	SEQ ID NO:11397	SEQ ID NO:19409		
			SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDSTTLV		
			SEQ ID NO:3386	SEQ ID NO:11398	SEQ ID NO:19410		
iPS:436782	21-225_166G11	NA	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC		
			TAAATATGTTTCAC	CTCA	TGTGGTA		
		AA	SEQ ID NO:3387	SEQ ID NO:11399	SEQ ID NO:19411		
			SGDKLGDKYVC	QDYKRPS	QAWDTNTVL		
		AA	SGDKLGDKYVH	QDSKRPS	QAWDNSTAV		
			SEQ ID NO:3388	SEQ ID NO:11400	SEQ ID NO:19412		

【図４９－２９０】

FIGURE 49

iPS:436784	21-225_169C1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	AAAGATATCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACACCAACAC		
			TAAATATGTTTGT	CTCA	TGTGATA		
		AA	SEQ ID NO:3389	SEQ ID NO:11401	SEQ ID NO:19413		
			SGDKLGDKYVC	KDIKRPS	QAWDTNTVI		
iPS:436786	21-225_169A6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAGGATTACAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACACCAACAC		
			TAAATATGTTTGT	CTCA	TGTGCTT		
		AA	SEQ ID NO:3390	SEQ ID NO:11402	SEQ ID NO:19414		
			SGDKLGDKYVC	QDYKRPS	QAWDTNTVV		
iPS:436788	21-225_169B7	NA	TCTGGAGATAAATTGCGGGG	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAAAGAACAC		
			AAAATATGCTTCC	CTCA	TGTGGTA		
		AA	SEQ ID NO:3393	SEQ ID NO:11405	SEQ ID NO:19417		
			SGDKLGDKYAS	QDRKRPS	QAWDKNTVV		
			SEQ ID NO:3394	SEQ ID NO:11406	SEQ ID NO:19418		
iPS:436790	21-225_169G11	NA	TCTGGAGATAAATTGCGGGA	CAAGATAGTAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAAACAGCAC		
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCGGTA		
		AA	SEQ ID NO:3395	SEQ ID NO:11407	SEQ ID NO:19419		
			SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDNSTAV		
			SEQ ID NO:3396	SEQ ID NO:11408	SEQ ID NO:19420		
iPS:436792	21-225_169D12	NA	ACCCGCAGCAGTGGCAGCAT	GAGGATAAAAAAAAGACC	CAGTCTTATTATAGCGGCAA		
			TACCGGCAACTATGTGCAG	CTCT	TTGGGTG		
		AA	SEQ ID NO:3397	SEQ ID NO:11409	SEQ ID NO:19421		
			TRSSGSIYQNYVQ	EDKKRPS	QSYYSQNWV		
			SEQ ID NO:3398	SEQ ID NO:11410	SEQ ID NO:19422		
iPS:436794	21-225_170F1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGTAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAACAC		
			TAAATATCTTGC	CTCA	TGCGGTA		
		AA	SEQ ID NO:3399	SEQ ID NO:11411	SEQ ID NO:19423		
			SGDKLGDKYSC	QDSKRPS	QAWDSNTAV		

【図４９－２９１】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:3423	SEQ ID NO:11435	SEQ ID NO:19447
21-225_179C7		AA	SGDKLGDKYVC	QDSKRPS	QAWDSNTAVV
			SEQ ID NO:3424	SEQ ID NO:11436	SEQ ID NO:19448
iPS:436820	21-225_179D10	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACTTCGGGACAGATTATGATGTACAC	GGTCACAGCAACCGGCCCTCA	CAGTCCTATGATAGAAGCCTGAATGTGGTC
			SEQ ID NO:3425	SEQ ID NO:11437	SEQ ID NO:19449
		AA	TGSSSNNFGTDYDVH	GHSNRPS	QSYDRSLNVV
			SEQ ID NO:3426	SEQ ID NO:11438	SEQ ID NO:19450
iPS:436822	21-225_180D4	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGAGTAAATATGCTTGC	GAAGATAGGAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGTAGGAAAGTGGTGTC
		AA	SGDRLGDKYAC	EDRKRPS	QAWDSRKVV
			SEQ ID NO:3427	SEQ ID NO:11439	SEQ ID NO:19451
iPS:436824	21-225_180G5	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGAAAAATATGCTTGC	CAAGATAGAAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCAGCACGGTCTATC
			SEQ ID NO:3428	SEQ ID NO:11440	SEQ ID NO:19452
		AA	SGDKLGDKYVS	QDSKRPS	QAWDITTAAV
			SEQ ID NO:3431	SEQ ID NO:11443	SEQ ID NO:19455
iPS:436826	21-225_180H11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGAGTAAATATGCTTGC	CAAGATAGCAAGCGGCCCTCA	CAGCGCTGGGACATCTCACCACTGCTATC
			SEQ ID NO:3429	SEQ ID NO:11441	SEQ ID NO:19453
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3430	SEQ ID NO:11442	SEQ ID NO:19454
iPS:436828	21-225_181H1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGAGTAAATATGTTAGC	CAAGATAGCAAGCGGCCCTCA	CAGCGCTGGGACATCTCACCACTGCTATC
			SEQ ID NO:3431	SEQ ID NO:11443	SEQ ID NO:19455
		AA	SGDKLGDKYVS	QDSKRPS	QAWDITTAAV
			SEQ ID NO:3432	SEQ ID NO:11444	SEQ ID NO:19456
iPS:436830	21-225_51F4	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTATTATTGTGACC	AGTAATGATCAGCGGCCCTCA	ACAGCATGGGATGACACGCCTGAAGTGGTTGGGTG
			SEQ ID NO:3435	SEQ ID NO:11447	SEQ ID NO:19459
		AA	SGSSSNNGSNIVT	SNDQRPS	TAWDDSLNGWV
			SEQ ID NO:3436	SEQ ID NO:11448	SEQ ID NO:19460
iPS:436832	21-225_51D8	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGCCCTCA	CAGTCCTATGACAGCAGCCTGAGTGGTTATGTC	
			SEQ ID NO:3437	SEQ ID NO:11449	SEQ ID NO:19461
		AA	TGSSSNIGAGFEVH	GNSNRPS	QSYDSSLSGYV
			SEQ ID NO:3438	SEQ ID NO:11450	SEQ ID NO:19462
iPS:436834	21-225_52F1	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTATTATTGTGACC	AGTAATGATCAGCGGCCCTCA	GCAGCATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTG
			SEQ ID NO:3439	SEQ ID NO:11451	SEQ ID NO:19463
		AA	SGSSSNIGSNIVT	SNDQRPS	AAWDDSLNGWV
			SEQ ID NO:3440	SEQ ID NO:11452	SEQ ID NO:19464
iPS:436836	21-225_52H1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGAGTAAATATGTTTCC	CAAGATAGAAAGCGGCCCTCA	CAGCGCTGGGACAACACAGCACTGTGATC
			SEQ ID NO:3441	SEQ ID NO:11453	SEQ ID NO:19465
		AA	SGDKLGDKYVS	QDRKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3442	SEQ ID NO:11454	SEQ ID NO:19466
iPS:436838	21-225_52H4	NA	ACTGGAACCAGAGTGACGTGGTGCTATAACTATGTCT CC	GAGGTCAGTAATCGGCCCTCA	AACTCATATACAAGCAACATCACTTGGGTG
			SEQ ID NO:3443	SEQ ID NO:11455	SEQ ID NO:19467
		AA	TGTNSDVGGYNYVS	EVSNRPS	NSTTSNITWV
			SEQ ID NO:3444	SEQ ID NO:11456	SEQ ID NO:19468
iPS:436796	21-225_170A5	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGATAATATGCTTGC	CAAGATTACAAGCCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAACAGCACTATGTATC
			SEQ ID NO:3400	SEQ ID NO:11412	SEQ ID NO:19424
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSRTVV
			SEQ ID NO:3401	SEQ ID NO:11413	SEQ ID NO:19425
		AA	SGDKLGDKYAC	QDYKRPS	QAWDNSTMV
			SEQ ID NO:3402	SEQ ID NO:11414	SEQ ID NO:19426
iPS:436798	21-225_171F5	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGGAAAATATGCTTGC	CAAGATAGGAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAAGAACACGGTCTATC
			SEQ ID NO:3403	SEQ ID NO:11415	SEQ ID NO:19427
		AA	SGDKLGGKYAS	QDRKRPS	QAWDKNTVV
			SEQ ID NO:3404	SEQ ID NO:11416	SEQ ID NO:19428
iPS:436800	21-225_171D12	NA	CAAGGAGACAGCCTCAGAAGCTATTATGCAAGC	GCTAAAAACAACCGGCCCTCA	AACTCCCGGGACAGCAGTGGCAGCCATGTGGTA
			SEQ ID NO:3405	SEQ ID NO:11417	SEQ ID NO:19429
		AA	QGDSLRSYYAS	AKNNRPS	NSRDSSGSHVV
			SEQ ID NO:3406	SEQ ID NO:11418	SEQ ID NO:19430
iPS:436802	21-225_171E12	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGAGTAAATATGCTTGC	CAAGATCTGCAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACATCAGCACTTATGTATC
			SEQ ID NO:3407	SEQ ID NO:11419	SEQ ID NO:19431
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWDISTYVV
			SEQ ID NO:3408	SEQ ID NO:11420	SEQ ID NO:19432
iPS:436804	21-225_172C3	NA	CAAGGAGACAGCCTCAGAAACTATTATGTAAGC	ACTAAAAACAGCCGGCCCTCA	AACTCCCGGGACAGCAGTGGCAACCATGTGGTA
			SEQ ID NO:3409	SEQ ID NO:11421	SEQ ID NO:19433
		AA	QGDSLRNYYVS	QDSRRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3410	SEQ ID NO:11422	SEQ ID NO:19434
iPS:436806	21-225_172B12	NA	CAAGGAGACAGCCTCAGAAACTATTATGCAAGC	ACTAAAAACAGCCGGCCCTCA	AACTCCCGGGACAGCAGTGGCAACCATGTGGTA
			SEQ ID NO:3411	SEQ ID NO:11423	SEQ ID NO:19435
		AA	QGDSLRNYYAS	TKNSRPS	NSRDSSGNHVV

【図４９－２９２】

FIGURE 49

			SEQ ID NO:3412	SEQ ID NO:11424	SEQ ID NO:19436
iPS:436808	21-225_173F8	NA	TCTGGAAATAAATTGGGGAATAAATATGCTTGC	CAAGATAGCAGGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCTTCACTATGTATC
			SEQ ID NO:3413	SEQ ID NO:11425	SEQ ID NO:19437
		AA	SGNKLGNKYVC	QDSRRPS	QAWDSRTVV
			SEQ ID NO:3414	SEQ ID NO:11426	SEQ ID NO:19438
iPS:436810	21-225_175F4	NA	ACTGGAACCAGACGTGATGTCCTCA	GAGGTCAGTAAGCGGCCCTGTGACGTTTTAACCTTGTCT CC	TGCTCATATGCAGGTAGTAGCACCTATGTGGTA
			SEQ ID NO:3415	SEQ ID NO:11427	SEQ ID NO:19439
		AA	TGTSSDVGRFNLVS	EVSKRPS	CSYAGSSTYVV
			SEQ ID NO:3416	SEQ ID NO:11428	SEQ ID NO:19440
iPS:436812	21-225_175C6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGAAATATGCTTGT	CAAGATTACAAGCCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAACAGCACTATGGTA
			SEQ ID NO:3417	SEQ ID NO:11429	SEQ ID NO:19441
		AA	SGDKLGDKYAC	QDYKRPS	QAWDNSTMV
			SEQ ID NO:3418	SEQ ID NO:11430	SEQ ID NO:19442
iPS:436814	21-225_178D10	NA	ACTGGAACCAGACAGTGATGTTGGCCCTCA	GAAGTCAGTAAGCGGCCCTCA	TGCTCATATGCAGGTAGTAGCACCTTTGTAGTA
			SEQ ID NO:3419	SEQ ID NO:11431	SEQ ID NO:19443
		AA	TGTSSDVGRFNLVS	EVSKCRPS	CSYAGSSTFVV
			SEQ ID NO:3420	SEQ ID NO:11432	SEQ ID NO:19444
iPS:436816	21-225_179H5	NA	CAAGGAGACAGTCTCAGAAACTATTATGCAAGC	GGTAAAAACAACCGGCCCTCA	AACTCCCGGGACAGCAGTGGTAACCATTGCGGTG
			SEQ ID NO:3421	SEQ ID NO:11433	SEQ ID NO:19445
		AA	QGDSLRNYYAS	GKNNRPS	NSRDSSGNHWV
			SEQ ID NO:3422	SEQ ID NO:11434	SEQ ID NO:19446
iPS:436818		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGAAATATGCTTGC	CAGGATAGTAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCAACACTGTGGTATC
			TAAATATGTTGTGC	CTCA	TGCAGTTGGTA

【図４９－２９３】

FIGURE 49

【図４９－２９４】

FIGURE 49

【図４９－２９５】

FIGURE 49

iPS:436840	21-225_53E9	NA	TCTGGAACTAAATTGGGGGA	CAAGATACAATGCCGGCC	CAGACGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATTATGTTTGC	CTCA	TGCGGTT
			SEQ ID NO:3445	SEQ ID NO:11457	SEQ ID NO:19469
		AA	SGTKLGDKYVC	QDTMRPS	QTWDSSTAV
			SEQ ID NO:3446	SEQ ID NO:11458	SEQ ID NO:19470
iPS:436842	21-225_54E9	NA	TCTGGAAGCAACTCCAACAT	GTTAATGATCAGCGGCC	GCAGCATGGGATGACAGCCT
			CGGAAATAATATTGTCACC	CTCA	GAATGGTTGGGGTG
			SEQ ID NO:3447	SEQ ID NO:11459	SEQ ID NO:19471
		AA	SGSSNNGNNIVT	VNDQRPS	AAWDDSLNGWV
			SEQ ID NO:3448	SEQ ID NO:11460	SEQ ID NO:19472
iPS:436844	21-225_56G1	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATGATCAGCGGCC	GCAGTATGGGATGACAGCCT
			CGGAAGTCATATTGTTACC	CTCA	GATTGGTTGGGGTG
			SEQ ID NO:3449	SEQ ID NO:11461	SEQ ID NO:19473
		AA	SGSSSNIGSNIVT	SNDQRPS	AVWDDSLIGWV
			SEQ ID NO:3450	SEQ ID NO:11462	SEQ ID NO:19474
iPS:436846	21-225_56K3	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATATCAGCGGCC	GCAGCATGGGATGACAGCCT
			CGGAAGTAATATTGTTACC	CTCA	GAATGGTTGGGGTG
			SEQ ID NO:3451	SEQ ID NO:11463	SEQ ID NO:19475
		AA	SGSSSNIGSNIVT	SNNQRPS	AAWDDSLNGWV
			SEQ ID NO:3452	SEQ ID NO:11464	SEQ ID NO:19476
iPS:436848	21-225_57F1	NA	TCTGGAGATAAACTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			AAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3453	SEQ ID NO:11465	SEQ ID NO:19477
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3454	SEQ ID NO:11466	SEQ ID NO:19478
iPS:436850		NA	TCTGGAGAGAAATTGGGGG	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			AAAAATTTGCTTGC	CTCA	TGTGGTA

【図４９－２９６】

FIGURE 49

	21-225_57D9		SEQ ID NO:3455	SEQ ID NO:11467	SEQ ID NO:19479
		AA	SGEKLGEKFAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3456	SEQ ID NO:11468	SEQ ID NO:19480
iPS:436852	21-225_57H11	NA	TCTGGAGATAAACTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			AAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3457	SEQ ID NO:11469	SEQ ID NO:19481
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3458	SEQ ID NO:11470	SEQ ID NO:19482
iPS:436854	21-225_58C1	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCA
			SEQ ID NO:3459	SEQ ID NO:11471	SEQ ID NO:19483
		AA	SGDKLGNKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTA
			SEQ ID NO:3460	SEQ ID NO:11472	SEQ ID NO:19484
iPS:436856	21-225_58C5	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATTATCAGTCT
			TGGGAATAATTATGTATCC	CTCA	GAGTGTTGGGGTA
			SEQ ID NO:3461	SEQ ID NO:11473	SEQ ID NO:19485
		AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSLSVGV
			SEQ ID NO:3462	SEQ ID NO:11474	SEQ ID NO:19486
iPS:436858	21-225_58K7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGAACAACTACAC
			TAAATATACTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3463	SEQ ID NO:11475	SEQ ID NO:19487
		AA	SGDKLGDKYTC	QDNKRPS	QAWNNYTVV
			SEQ ID NO:3464	SEQ ID NO:11476	SEQ ID NO:19488
iPS:436860	21-225_58R7	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3465	SEQ ID NO:11477	SEQ ID NO:19489
		AA	SGDKLGDKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3466	SEQ ID NO:11478	SEQ ID NO:19490

【図４９－２９７】

FIGURE 49

iPS:436862	21-225_58F8	NA	TCTGGAGATAAATTGGGAAA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3467	SEQ ID NO:11479	SEQ ID NO:19491
		AA	SGDKLGNKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3468	SEQ ID NO:11480	SEQ ID NO:19492
iPS:436864	21-225_58G11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGAACAACAACAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGTAATG
			SEQ ID NO:3469	SEQ ID NO:11481	SEQ ID NO:19493
		AA	SGDKLGDKYAS	QDNKRPS	QAWNNNTVM
			SEQ ID NO:3470	SEQ ID NO:11482	SEQ ID NO:19494
iPS:436866	21-225_59F2	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAACAC
			TAAATATGCTTCT	CTCA	TGTGGTC
			SEQ ID NO:3471	SEQ ID NO:11483	SEQ ID NO:19495
		AA	SGDKLGDKYAS	QDNKRPS	QAWDNNTVV
			SEQ ID NO:3472	SEQ ID NO:11484	SEQ ID NO:19496
iPS:436868	21-225_59H11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TTATGTGGTA
			SEQ ID NO:3473	SEQ ID NO:11485	SEQ ID NO:19497
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3474	SEQ ID NO:11486	SEQ ID NO:19498
iPS:436870	21-225_60D1	NA	TCTGGAGATAAACTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			AAAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3475	SEQ ID NO:11487	SEQ ID NO:19499
		AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3476	SEQ ID NO:11488	SEQ ID NO:19500
iPS:436872	21-225_60D2	NA	TCTGGAAAATAAATTGGGGGA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAACAC
			TAAATATGCTTCT	CTCA	TGTGGTC
			SEQ ID NO:3477	SEQ ID NO:11489	SEQ ID NO:19501
		AA	SGNKLGDKYAS	QDNKRPS	QAWDNNTVV
			SEQ ID NO:3478	SEQ ID NO:11490	SEQ ID NO:19502

【図４９－２９８】

FIGURE 49

iPS:436874	21-225_60A12	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCT
			SEQ ID NO:3479	SEQ ID NO:11491	SEQ ID NO:19503
		AA	SGDKLGNKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTA
			SEQ ID NO:3480	SEQ ID NO:11492	SEQ ID NO:19504
iPS:436876	21-225_61F5	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			AAAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTT
			SEQ ID NO:3481	SEQ ID NO:11493	SEQ ID NO:19505
		AA	SGDKLGEKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3482	SEQ ID NO:11494	SEQ ID NO:19506
iPS:436878	21-225_62E3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:3483	SEQ ID NO:11495	SEQ ID NO:19507
		AA	SGDKLGNKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3484	SEQ ID NO:11496	SEQ ID NO:19508
iPS:436880	21-225_62I8	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGA	CAGGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTCC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:3485	SEQ ID NO:11497	SEQ ID NO:19509
		AA	SGDRLGNKYAS	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3486	SEQ ID NO:11498	SEQ ID NO:19510
iPS:436882	21-225_62D10	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAG
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:3487	SEQ ID NO:11499	SEQ ID NO:19511
		AA	SGDKLGNKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3488	SEQ ID NO:11500	SEQ ID NO:19512
iPS:436884	21-225_62A12	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:3489	SEQ ID NO:11501	SEQ ID NO:19513
		AA	SGDKLGNKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3490	SEQ ID NO:11502	SEQ ID NO:19514

【図４９－２９９】

FIGURE 49

iPS:436886	21-225_62B12	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATTATCTTGC	CTCA	TCGCGTTA
		AA	SEQ ID NO:3491	SEQ ID NO:11503	SEQ ID NO:19515
			SGDKLGNKYTC	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3492	SEQ ID NO:11504	SEQ ID NO:19516
iPS:436888	21-225_63G7	NA	ACCCGCAGCAAATGGCAGCAT	GAGGATAGCCGAAGACC	CAGTCTTATGATGGCATCAA
			TGTCAGCAACTATGTGCAG	CTCT	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3493	SEQ ID NO:11505	SEQ ID NO:19517
		AA	TRSNGSIVSNYVQ	EDSKRPS	QSYDGINVV
			SEQ ID NO:3494	SEQ ID NO:11506	SEQ ID NO:19518
iPS:436890	21-225_63A10	NA	ACCCGCAGCAAATGGCAGCAT	GAGGATAAAAGAAGACC	CAGTCTTATGATAGCATCAA
			TGTCAGCAACTATGTGCAG	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3495	SEQ ID NO:11507	SEQ ID NO:19519
		AA	TRSNGSIVSNYVQ	EDKRRPS	QSYDSINVV
			SEQ ID NO:3496	SEQ ID NO:11508	SEQ ID NO:19520
iPS:436892	21-225_65E9	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGAAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGATTAC	CTCA	TCGTGGTA
			SEQ ID NO:3497	SEQ ID NO:11509	SEQ ID NO:19521
		AA	SGDKLGNKYDY	QDRKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3498	SEQ ID NO:11510	SEQ ID NO:19522
iPS:436894	21-225_66G9	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACATCAACAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TCGCGTTA
			SEQ ID NO:3499	SEQ ID NO:11511	SEQ ID NO:19523
		AA	SGDKLGNKYAC	QDRKRPS	QAWDNTAV
			SEQ ID NO:3500	SEQ ID NO:11512	SEQ ID NO:19524
iPS:436896	21-225_67F10	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGTA	GAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGCTTGG	CTCA	TCGTGGTA
			SEQ ID NO:3501	SEQ ID NO:11513	SEQ ID NO:19525

【図４９－３００】

FIGURE 49

		AA	SGDKLGYKYAW	EDRKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3502	SEQ ID NO:11514	SEQ ID NO:19526
iPS:436898	21-225_68D8	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TCGTGGTA
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3503	SEQ ID NO:11515	SEQ ID NO:19527
iPS:436900	21-225_69B9	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGAAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGATTAC	CTCA	TCGTGGTA
		AA	SGDKLGNKYDY	QDRKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3505	SEQ ID NO:11517	SEQ ID NO:19529
iPS:436902	21-225_69B11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	GAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGCTTGG	CTCA	TCGTGGTA
		AA	SGDKLGDKYAW	EDRKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3507	SEQ ID NO:11519	SEQ ID NO:19531
iPS:436904	21-225_71D4	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAACAGCAC
			TAAATATGCTTAC	CTCA	TCGTGGTA
		AA	SGDKLGDKYAY	QDRKRPS	QAWVNSTVV
			SEQ ID NO:3510	SEQ ID NO:11522	SEQ ID NO:19534
iPS:436906	21-225_72B4	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGGA	GAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
			TAAATATGCTTGG	CTCA	TCGTGGTA
		AA	SEQ ID NO:3511	SEQ ID NO:11523	SEQ ID NO:19535
			SGDKLGDKYAW	EDRKRPS	QAWDNSTVV
			SEQ ID NO:3512	SEQ ID NO:11524	SEQ ID NO:19536
iPS:436908	21-225_72D5	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TCGCGGTA
			SEQ ID NO:3513	SEQ ID NO:11525	SEQ ID NO:19537

【図４９－３０１】

FIGURE 49

		AA	SGDKLGNKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3514	SEQ ID NO:11526	SEQ ID NO:19538
iPS:436910	21-225_73G1	NA	GGCTTGAGCTCTGGCTCAGT	AACACAAACACTCGCTC	GTTCCTATATATGGGTAGTGC
			CTCTACTAGTTACTACCCCA	TTCT	CATTTGGGTG
			GC		
			SEQ ID NO:3515	SEQ ID NO:11527	SEQ ID NO:19539
		AA	GLSSGSVSTSYYPS	NTNTRSS	VLYMGSAIWV
			SEQ ID NO:3516	SEQ ID NO:11528	SEQ ID NO:19540
iPS:436912	21-225_73C4	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATATGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TCGCGGTA
			SEQ ID NO:3517	SEQ ID NO:11529	SEQ ID NO:19541
		AA	SGDKLGNKYAC	QDMKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3518	SEQ ID NO:11530	SEQ ID NO:19542
iPS:436914	21-225_76B4	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGAC	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATTTGCTTGC	CTCA	TGTA
			SEQ ID NO:3519	SEQ ID NO:11531	SEQ ID NO:19543
		AA	SGDRLGTKFAC	QDSKRPS	QAWDSSTV
			SEQ ID NO:3520	SEQ ID NO:11532	SEQ ID NO:19544
iPS:436916	21-225_74A9	NA	TCTGGAGATAAATTGGGTAA	CAAGATAACAGGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGTCC
			TAAATATGTTTGT	CTCA	TGTGATA
			SEQ ID NO:3521	SEQ ID NO:11533	SEQ ID NO:19545
		AA	SGDKLGNKYVC	QDNRRPS	QAWDSSPVI
			SEQ ID NO:3522	SEQ ID NO:11534	SEQ ID NO:19546
iPS:436918	21-225_77A2	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGTAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCGGTA
			SEQ ID NO:3523	SEQ ID NO:11535	SEQ ID NO:19547
		AA	SGDRLGDKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV
			SEQ ID NO:3524	SEQ ID NO:11536	SEQ ID NO:19548

【図４９－３０２】

FIGURE 49

iPS:436920	21-225_74E5	NA	GCTTCCAGCACTGAAACAGT	AGTACACAAGCAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTTCTTATCCGA	CTCC	TCAACTGGTA
			AC		
			SEQ ID NO:3525	SEQ ID NO:11537	SEQ ID NO:19549
		AA	ASSTIETVTSGSYPN	STSNKHS	LLYYGGAQLV
			SEQ ID NO:3526	SEQ ID NO:11538	SEQ ID NO:19550
iPS:436922	21-225_78E9	NA	TCAGGAGATAAATTGGGGA	CAAGATAACAGGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCCC
			ATAAATATGTTTCC	GTCA	TGTGATA
			SEQ ID NO:3527	SEQ ID NO:11539	SEQ ID NO:19551
		AA	SGDKLGNKYVS	QDNRRPS	QAWDSSPVI
			SEQ ID NO:3528	SEQ ID NO:11540	SEQ ID NO:19552
iPS:436924	21-225_74B3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCACCAC
			TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3529	SEQ ID NO:11541	SEQ ID NO:19553
		AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3530	SEQ ID NO:11542	SEQ ID NO:19554
iPS:436926	21-225_78D10	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAGACAACAAACA	CTCCTCTACTATGGTGGTGCT
			CACCAGTGGTTACTTTCCAA	CTCC	CAGCTGATG
			AC		
			SEQ ID NO:3531	SEQ ID NO:11543	SEQ ID NO:19555
		AA	ASSTGAVTSGYFPN	STDNKHS	LLYYGGAQLM
			SEQ ID NO:3532	SEQ ID NO:11544	SEQ ID NO:19556
iPS:436928	21-225_79B7	NA	TCAGGAGATAAATTGGGGA	CAAGATAACAGGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCCC
			ATAAATATGTTTCC	CTCA	TGTGATA
			SEQ ID NO:3533	SEQ ID NO:11545	SEQ ID NO:19557
		AA	SGDKLGNKYVS	QDNRRPS	QAWDSSPVI
			SEQ ID NO:3534	SEQ ID NO:11546	SEQ ID NO:19558
iPS:436932	21-225_92A4	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAACAGGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCCC
			TAAATTATGTTGC	CTCA	TCGTGATA
			SEQ ID NO:3535	SEQ ID NO:11547	SEQ ID NO:19559

【図４９－３０３】

361/4125

FIGURE 49

21-225_186H6		SEQ ID NO:3559	SEQ ID NO:11571	SEQ ID NO:19583	
	AA	SGDMAGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV	
		SEQ ID NO:3560	SEQ ID NO:11572	SEQ ID NO:19584	
iPS:436958	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAGTAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
21-225_190D1		CACCAGTGGTTCCTATCCAA AC	CTCC	TCAGGTGGCA
		SEQ ID NO:3561	SEQ ID NO:11573	SEQ ID NO:19585
	AA	ASSTGAVTSGSYPN	STSNGHS	LLYYGGAQVA
		SEQ ID NO:3562	SEQ ID NO:11574	SEQ ID NO:19586
iPS:436960	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGACT
21-225_198D2		TGGGAGTAATTATGTTTCC	CTCA	GAATGTTGGGGTA
	AA	SGSSSNIGSNYVS	DNNKRPS	GTWDSRLNVGV
		SEQ ID NO:3563	SEQ ID NO:11575	SEQ ID NO:19587
iPS:436962	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGCATAGCAAGCGGCC	AAGGCGTGGGACAGCAGCAC
21-225_190H1		TAGATTTGCTTAC	CTCA	TGTGGTA
	AA	SGDKLGDRFAY	QDSKRPS	KAWDSSTVV
		SEQ ID NO:3565	SEQ ID NO:11577	SEQ ID NO:19589
iPS:436964	NA	CAAGGAGACAAACTCAGAA	GGAAAAAACAACCGGCC	AACTCCCGGGACAGCAGTGG
21-225_190H3		CCTATTATGCAAGC	CTCA	TAACCATCTTGTTACTA
	AA	QGDKLRTYYAS	GKNNRPS	NSRDSSGNHLVL
		SEQ ID NO:3567	SEQ ID NO:11579	SEQ ID NO:19591
iPS:436966	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAGTAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCCT
21-225_190C3		TGGAAATAATTATGTATCC	CTCA	GAGTACTGTGGTA
		SEQ ID NO:3569	SEQ ID NO:11581	SEQ ID NO:19593
	AA	SGSSSNIGNNYVS	DSNKRPS	GTWDSSLSTVV
		SEQ ID NO:3570	SEQ ID NO:11582	SEQ ID NO:19594

【図４９－３０４】

362/4125

FIGURE 49

	AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSRTAV	
		SEQ ID NO:3548	SEQ ID NO:11560	SEQ ID NO:19572	
iPS:436946	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAAGAAACGGCC	CAGGCGTGGGACAACAGCAC
21-225_183F4		TAAATATGCTTGT	CTCA	TGCTGTGGTA
	AA	SGDKLGDKYAC	QDKKRPS	QAWDNSTAVV
		SEQ ID NO:3550	SEQ ID NO:11562	SEQ ID NO:19574
iPS:436948	NA	GGCTTGAGCTCTGGCTCAGT	AACACAAACACTCGCTC	GTGCTTTATATGGGTAGTGG
21-225_183F5		CTCTACTACTTTCTACCCCA GC	TTCT	CATTTGGGTG
		SEQ ID NO:3551	SEQ ID NO:11563	SEQ ID NO:19575
	AA	GLSSGSVSTTFYPS	NTNTRSS	VLYMGSGHWV
		SEQ ID NO:3552	SEQ ID NO:11564	SEQ ID NO:19576
iPS:436950	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	GAAGATACGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCCGCAC
21-225_184G4		TAAATTTGCTTGC	CTCA	TCTGGTA
	AA	SEQ ID NO:3553	SEQ ID NO:11565	SEQ ID NO:19577
		SGDKLGDKFAC	EDRKRPS	QAWDSRTVV
		SEQ ID NO:3554	SEQ ID NO:11566	SEQ ID NO:19578
iPS:436952	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	GAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGGA
21-225_185D2		TAAATATGCTTGC	CTCA	AAGTGGTA
	AA	SEQ ID NO:3555	SEQ ID NO:11567	SEQ ID NO:19579
		SGDKLGDKYAC	EDRKRPS	QAWDSRKVV
		SEQ ID NO:3556	SEQ ID NO:11568	SEQ ID NO:19580
iPS:436954	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGCA	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
21-225_185G7		TAAATTTGTTGC	CTCA	GGTA
		SEQ ID NO:3557	SEQ ID NO:11569	SEQ ID NO:19581
	AA	SGDKLGHKFVC	QDRKRPS	QAWDSSTV
		SEQ ID NO:3558	SEQ ID NO:11570	SEQ ID NO:19582
iPS:436956	NA	TCTGGAGATAAAATGGGGG AAAAATATGCTTGC	CAAGATAGAAAGCGGCC CTCA	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC TGCGGTA

【図４９－３０５】

363/4125

FIGURE 49

21-225_186H6		SEQ ID NO:3559	SEQ ID NO:11571	SEQ ID NO:19583	
	AA	SGDMAGEKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTAV	
		SEQ ID NO:3560	SEQ ID NO:11572	SEQ ID NO:19584	
iPS:436958	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAGTAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
21-225_190D1		CACCAGTGGTTCCTATCCAA AC	CTCC	TCAGGTGGCA
		SEQ ID NO:3561	SEQ ID NO:11573	SEQ ID NO:19585
	AA	ASSTGAVTSGSYPN	STSNGHS	LLYYGGAQVA
		SEQ ID NO:3562	SEQ ID NO:11574	SEQ ID NO:19586
iPS:436960	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGACT
21-225_198D2		TGGGAGTAATTATGTTTCC	CTCA	GAATGTTGGGGTA
	AA	SGSSSNIGSNYVS	DNNKRPS	GTWDSRLNVGV
		SEQ ID NO:3563	SEQ ID NO:11575	SEQ ID NO:19587
iPS:436962	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGCATAGCAAGCGGCC	AAGGCGTGGGACAGCAGCAC
21-225_190H1		TAGATTTGCTTAC	CTCA	TGTGGTA
	AA	SGDKLGDRFAY	QDSKRPS	KAWDSSTVV
		SEQ ID NO:3565	SEQ ID NO:11577	SEQ ID NO:19589
iPS:436964	NA	CAAGGAGACAAACTCAGAA	GGAAAAAACAACCGGCC	AACTCCCGGGACAGCAGTGG
21-225_190H3		CCTATTATGCAAGC	CTCA	TAACCATCTTGTTACTA
	AA	QGDKLRTYYAS	GKNNRPS	NSRDSSGNHLVL
		SEQ ID NO:3567	SEQ ID NO:11579	SEQ ID NO:19591
iPS:436966	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAGTAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCCT
21-225_190C3		TGGAAATAATTATGTATCC	CTCA	GAGTACTGTGGTA
		SEQ ID NO:3569	SEQ ID NO:11581	SEQ ID NO:19593
	AA	SGSSSNIGNNYVS	DSNKRPS	GTWDSSLSTVV
		SEQ ID NO:3570	SEQ ID NO:11582	SEQ ID NO:19594

【図４９－３０６】

364/4125

FIGURE 49

iPS:436968	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCCT
21-225_190B10		TGGGAATAATTATGTATCC	CTCA	GAGTGCTGGGTGT
		SEQ ID NO:3571	SEQ ID NO:11583	SEQ ID NO:19595
	AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAGV
		SEQ ID NO:3572	SEQ ID NO:11584	SEQ ID NO:19596
iPS:436970	NA	CAAGGAGACACCCTCAGACC	GGTAAAAACAACCGGCC	AACTCCCGGGACAGCAGTGG
21-225_190B8		CTATTATGTAAGC	CTCA	TAACCATCTTGTTGGTA
	AA	QGDTLRPYYVS	GKNNRPS	NSRDSSGNHLVV
		SEQ ID NO:3574	SEQ ID NO:11586	SEQ ID NO:19598
iPS:436972	NA	TCTGGAGGCAGCTCCAACAT	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATCGCAGCCCT
21-225_190C7		TGGGAAATAATTATGTATCC	CTCA	GAGTGATTGGGTA
		SEQ ID NO:3575	SEQ ID NO:11587	SEQ ID NO:19599
	AA	SGSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDRTLSDWV
		SEQ ID NO:3576	SEQ ID NO:11588	SEQ ID NO:19600
iPS:436974	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATGGCAGACT
21-225_190H7		TGGGAGTAATTATGTTTCC	CTCA	GAATGTTGGGGTA
	AA	SEQ ID NO:3577	SEQ ID NO:11589	SEQ ID NO:19601
		SGSSSNIGSNYVS	DNNKRPS	GTWDGRLNVGV
		SEQ ID NO:3578	SEQ ID NO:11590	SEQ ID NO:19602
iPS:436976	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAGTAGTAAGCGACC	GGAACATGGGATAGTAGTCT
21-225_190D8		TGGGAATCATTATGTCTCC	CTCA	GAGTACTGTGGTA
		SEQ ID NO:3579	SEQ ID NO:11591	SEQ ID NO:19603
	AA	SGSSSNIGNHYVS	DSKKRPS	GTWDSSLSTVV
		SEQ ID NO:3580	SEQ ID NO:11592	SEQ ID NO:19604
iPS:436978	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
21-225_190C9		TAGATTTGCTTAC	CTCA	TCTGGTA
		SEQ ID NO:3581	SEQ ID NO:11593	SEQ ID NO:19605

	AA	SGDKLGNKYVC	QDNRRPS	QAWDSSPVI	
		SEQ ID NO:3536	SEQ ID NO:11548	SEQ ID NO:19560	
iPS:436934	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGAC	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
21-225_96B5		TAAATTTGTCTTGC	CTCA	TGTA
		SEQ ID NO:3537	SEQ ID NO:11549	SEQ ID NO:19561
	AA	SGDKLGTKFAC	QDSKRPS	QAWDSSTV
		SEQ ID NO:3538	SEQ ID NO:11550	SEQ ID NO:19562
iPS:436936	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAAA	CAAGATAACAGGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCACCCC
21-225_97T6		TAAATATGTTTCC	GTCA	TGTGATA
	AA	SEQ ID NO:3539	SEQ ID NO:11551	SEQ ID NO:19563
		SGDKLGNKYVS	QDNRRPS	QAWDSTPVI
		SEQ ID NO:3540	SEQ ID NO:11552	SEQ ID NO:19564
iPS:436938	NA	TCTGGAAATAAATTGGGGAA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
21-225_146A3		TAGATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
	AA	SEQ ID NO:3541	SEQ ID NO:11553	SEQ ID NO:19565
		SGNKLGNRYAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
		SEQ ID NO:3542	SEQ ID NO:11554	SEQ ID NO:19566
iPS:436940	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAGCGGCC	CAGGCGTGGCACAGCAGCAC
21-225_146B8		TAAATATGTTTGC	CTCA	TGTGGTA
	AA	SEQ ID NO:3543	SEQ ID NO:11555	SEQ ID NO:19567
		SGDKLGDKYVC	QDRKRPS	QAWHSSTVV
		SEQ ID NO:3544	SEQ ID NO:11556	SEQ ID NO:19568
iPS:436942	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAAGAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACATCAGAAC
21-225_146H8		TAAATATGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
	AA	SEQ ID NO:3545	SEQ ID NO:11557	SEQ ID NO:19569
		SGDKLGDKYAC	QDKKRPS	QAWDPRTVV
		SEQ ID NO:3546	SEQ ID NO:11558	SEQ ID NO:19570
iPS:436944	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGAAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGTAGAAC
21-225_182D12		GAAATATGCTTGC	CTCA	TGCGGTA
		SEQ ID NO:3547	SEQ ID NO:11559	SEQ ID NO:19571

【図４９－３０７】

FIGURE 49

iPS:436980	21-225_190C10		AA	SGDKLGDRFAY	QDNKRPS	QAWDSSTVV
		NA		CAAGGAGGACAGCCTCAGAC CCTATTATGCAAGC	SEQ ID NO:3582 GGTAAAAACAACCGGCC CTCA	SEQ ID NO:19606 AACTCCCGGGACAGCAGTGG TAACCATCTTGTGGTA
					SEQ ID NO:3583	SEQ ID NO:11595	SEQ ID NO:19607
			AA	QGDSLRPYYAS	GKNNRPS	NSRDSSGNHLVV
iPS:436982	21-225_190D10	NA		TCTGGAAGCAGCTCCAACAT TGGGAGTAATTATGTTTCC	SEQ ID NO:3584 GACAAATAATAAGCGACC CTCA	SEQ ID NO:11596 GGAACATGGGATAGCAGACT GAATGTTGGGGTA
					SEQ ID NO:3585	SEQ ID NO:11597	SEQ ID NO:19609
			AA	SGSSSNIGSNYVS	DNNKRPS	GTWDSRLNVGV
					SEQ ID NO:3586	SEQ ID NO:11598	SEQ ID NO:19610
iPS:436984	21-225_190F10	NA		GTTTTTAGCACTGGAGCAGT CACCAGTGGTTCCTTTCCAA AC	AGTACAAGCAACAAAACA CTCC	CTGCTCTACTGTGGTGGTGC TCAGCTGGTG
					SEQ ID NO:3587	SEQ ID NO:11599	SEQ ID NO:19611
			AA	VFSTGAVTSGSFPN	STSNKHS	LLYCGGAQLV
					SEQ ID NO:3588	SEQ ID NO:11600	SEQ ID NO:19612
iPS:436986	21-225_191A1	NA		TCTGGAAGCAGCTCCAACCT TGGAAATAATTTGTATCC	GACAATTATAAGCGACC CTCA	GGAACATGGGATAGCAGCCT GAATACTGGGGTA
					SEQ ID NO:3589	SEQ ID NO:11601	SEQ ID NO:19613
			AA	SGSSSNLGNNFVS	DNYKRPS	GTWDSSLNTGV
					SEQ ID NO:3590	SEQ ID NO:11602	SEQ ID NO:19614
iPS:436988	21-225_191A2	NA		GTTCTTAGCACTGGAGCAGT CACCAGTGGTTCCTTTCCAA AC	AGTACAAGCAACAAAACA CTCC	ATGCTCTACTGTGGTGGTGC TCAGCTGGTG
					SEQ ID NO:3591	SEQ ID NO:11603	SEQ ID NO:19615
			AA	VLSTGAVTSGSFPN	STSNKHS	MLYCGGAQLV
					SEQ ID NO:3592	SEQ ID NO:11604	SEQ ID NO:19616

【図４９－３０８】

FIGURE 49

iPS:436992	21-225_191B8	NA		CAAGGAGACACCCTCAGACC CTATTATGCAAGT	GGTAAAAACAACCGGCC CTCA	AACTCCCGGGACAGCAGTGG TAACCATCTTGTGGTA
					SEQ ID NO:3593	SEQ ID NO:11605	SEQ ID NO:19617
			AA	QGDTLRPYYAS	GKNNRPS	NSRDSSGNHLVV
					SEQ ID NO:3594	SEQ ID NO:11606	SEQ ID NO:19618
iPS:436994	21-225_191A9	NA		CAAGGAGACACCTCAGAC CCTATTATGCAAGC	GGTAAAAACAACCGGCC CTCA	AACTCCCGGGACAGCTGTGG TAACCATCTTGTGGTA
					SEQ ID NO:3595	SEQ ID NO:11607	SEQ ID NO:19619
			AA	QGDSLRPYYAS	GKNNRPS	NSRDSCGNHLVV
iPS:436996	21-225_191B9	NA		TCTGGAAGCAGCTCCAACAT CGGGAATAATTATGTATCC	GACAATAAAAAGCGACC CTCA	GGAACATGGGATAGCAGCCT GAGTGTTTGTGTC
					SEQ ID NO:3597	SEQ ID NO:11609	SEQ ID NO:19621
			AA	SGSSSNIGNNYVS	DNKKRPS	GTWDSSLSVCV
					SEQ ID NO:3598	SEQ ID NO:11610	SEQ ID NO:19622
iPS:437000	21-225_191G9	NA		ACCTTACGCAGTGGCATCAA TGTTGGTACCTACAGGATAT TAAGCAGCAGGGCTCT AC	TACAAATCAGACTCAGA TGTTGGTA	ATGATTTGGCACAGCAGCGC TGTGGTA
					SEQ ID NO:3599	SEQ ID NO:11611	SEQ ID NO:19623
			AA	TLRSGINVGTYRIY	YKSDSDKQGS	MIWHSSAVV
					SEQ ID NO:3600	SEQ ID NO:11612	SEQ ID NO:19624
iPS:437002	21-225_191H9	NA		GCTTCCAGCACTGGAGCAGT CACCAGTGCTTACTATCCAA AC	AGTACAAACAACAAAACA CTCC	CTGATCTCTATGGTGGTGT ACATGTGATA
					SEQ ID NO:3601	SEQ ID NO:11613	SEQ ID NO:19625
			AA	ASSTGAVTSAYYPN	STNNKHS	LIFYGGVHVI
					SEQ ID NO:3602	SEQ ID NO:11614	SEQ ID NO:19626

【図４９－３０９】

FIGURE 49

iPS:437006	21-225_192G2	NA		TCTGGAAGCAGCTCCAACAT TGGGAATAATTATGTATCC	GACAATAATAAGCGACC CTCA	GGAACATGGGATAGCAGCCT GAGTGCTGGGGTA
					SEQ ID NO:3603	SEQ ID NO:11615	SEQ ID NO:19627
			AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSRLSAGV
					SEQ ID NO:3604	SEQ ID NO:11616	SEQ ID NO:19628
iPS:437008	21-225_192E3	NA		GCTTTCAGCACTGGATCAGT CACCAGTGGTTCCTATCCAA AC	AGTACAAACAACAAAACA CTCC	CTGCTATACTATGGTGGTGC TCAGCTGGTG
					SEQ ID NO:3605	SEQ ID NO:11617	SEQ ID NO:19629
			AA	AFSTGSVTSGSYPN	STNNKHS	LLYYGGAQLV
					SEQ ID NO:3606	SEQ ID NO:11618	SEQ ID NO:19630
iPS:437010	21-225_192G3	NA		TCTGGAAGCAGCTCCAACAT CGGAAGTAATACTGTAAAAC	GGTAATAAGCAGCGCC CTCA	GCACGCTGGGAATGACAGCCT GAATGGTTGGGTG
					SEQ ID NO:3607	SEQ ID NO:11619	SEQ ID NO:19631
			AA	SGSSSNIGSNTVN	GNKQRPS	AAWDDSLNGWV
					SEQ ID NO:3608	SEQ ID NO:11620	SEQ ID NO:19632
iPS:437012	21-225_192G7	NA		GCTTCCAGCACTGGAGCAGT CACCAGTGGTTAACTATCCAC AG	AGTACACACCAACAGACA TTCC	CTGTTCTACTATGGTGGTGCT CAGGTGATA
					SEQ ID NO:3609	SEQ ID NO:11621	SEQ ID NO:19633
			AA	ASSTGAVTSGNYPQ	STTNRHS	LFYYGGAQVI
					SEQ ID NO:3610	SEQ ID NO:11622	SEQ ID NO:19634
iPS:437014	21-225_192H8	NA		GCTTTCAGCACTGGAAACAGT CACCAGTGGTTTCTATCCAA AC	AATACAAGCAAACAGACA CTCC	CTGCTGTACTATGGTGGTGC TCAGCTGATG
					SEQ ID NO:3611	SEQ ID NO:11623	SEQ ID NO:19635
			AA	AFSTGTVTSGFYPN	NTSNRHS	LLYYGGAQLM
					SEQ ID NO:3612	SEQ ID NO:11624	SEQ ID NO:19636

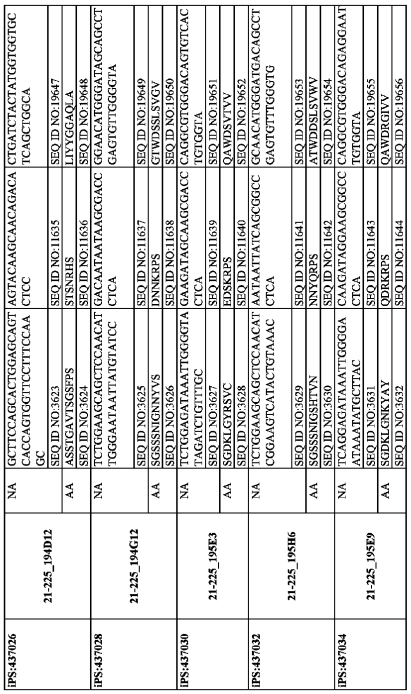
【図４９－３１０】

FIGURE 49

iPS:437016	21-225_193A6	NA		CAAGGAGACAGCCTCAGAA GCTATTATGCAAAC	GCTAAGAACAACCGGCC CTCA	AATTCCCGGGACAGCAGTGG TAACCATCTCGGTA
					SEQ ID NO:3613	SEQ ID NO:11625	SEQ ID NO:19637
		AA	QGDSLRSYYAN	AKNNRPS	NSRDSSGNHILV
					SEQ ID NO:3614	SEQ ID NO:11626	SEQ ID NO:19638
iPS:437018	21-225_193H5	NA		TCTGGAGATAAATTGGGGGGA TTAGATTTTGCTTGC	CAAGAATAGCAAGCGGCC TCCA	CAGGCGTGGGACAGACAGCAC TGCGGTA
					SEQ ID NO:3615	SEQ ID NO:11627	SEQ ID NO:19639
		AA	SGDKLGDRFAC	QDSKRPS	QAWDSSTAV
					SEQ ID NO:3616	SEQ ID NO:11628	SEQ ID NO:19640
iPS:437020	21-225_193F11	NA		TTCGGAGGCAGCTCCAACAT TGGGAATAATTATGTATCC	GACAATAATAAGCGACC CTCA	GGAACATGGGATAGCAGCCT GAGTGATTGTGGGTA
					SEQ ID NO:3617	SEQ ID NO:11629	SEQ ID NO:19641
		AA	FGSSSNIGNNYVS	DNKKRPS	GTWDRTMSDWV
					SEQ ID NO:3618	SEQ ID NO:11630	SEQ ID NO:19642
iPS:437022	21-225_194G5	NA		GCTTCCAGCACTGGAGCAGT CACCAGTGGTAACTATCCAA AC	AGTACAAGCAACAAAACA CTCC	CTGATCTACTATGGTGGTGC TCAGCTGATG
					SEQ ID NO:3619	SEQ ID NO:11631	SEQ ID NO:19643
		AA	ASSTGAVTSGNYPN	STSNKHS	LIYYGGAQLM
					SEQ ID NO:3620	SEQ ID NO:11632	SEQ ID NO:19644
iPS:437024	21-225_194F11	NA		TCTGGAAGCAGCTCCAACAT TGGGAATAATTATGTATCC	GACAATAATAAGCGACC CTCA	GGAACATGGGATAGCAGCCT GAGTGCTGGGGTT
					SEQ ID NO:3621	SEQ ID NO:11633	SEQ ID NO:19645
		AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAGV
					SEQ ID NO:3622	SEQ ID NO:11634	SEQ ID NO:19646

【図４９－３１１】

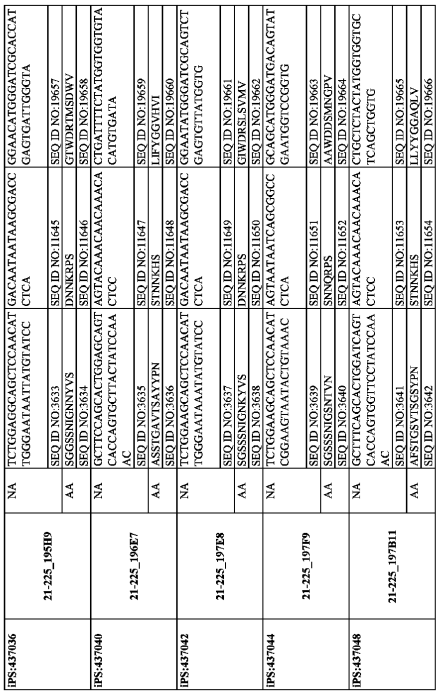
FIGURE 49



IPS:437026	21-225_194D12	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGTCACCAGTGGTTCCTTTCCAAGC	AGTACAAGCAACAGACACTCC	CTGATCTACTATGGTGGTGCTCAGCTGGCA
			SEQ ID NO:3623	SEQ ID NO:11635	SEQ ID NO:19647
		AA	ASSTGAVTSGSPPS	STSNRHS	LIYYGGAQLA
			SEQ ID NO:3624	SEQ ID NO:11636	SEQ ID NO:19648
IPS:437028	21-225_194G12	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCC	GACAATAATAAGCGACCCTCA	GCAACATGGGATAGCAGCCTGAGTGTTGGGGTA
			SEQ ID NO:3625	SEQ ID NO:11637	SEQ ID NO:19649
		AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSVGV
			SEQ ID NO:3626	SEQ ID NO:11638	SEQ ID NO:19650
IPS:437030	21-225_195E3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGTATAGATCTGTTGC	GAAGATAGCAAGCGACCCTCA	CAGGCGTGGGACAGTGTCACTGTGGTA
			SEQ ID NO:3627	SEQ ID NO:11639	SEQ ID NO:19651
		AA	SGDKLGYRSYC	EDSKRPS	QAWDSYVVV
			SEQ ID NO:3628	SEQ ID NO:11640	SEQ ID NO:19652
IPS:437032	21-225_195H6	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGGCCGGAAGTCATACTGTAAAC	AATAATTATCAGCGGCCCTCA	GCACAGTGGGATGACAGCCTGAGTGTTTGGGTG
			SEQ ID NO:3629	SEQ ID NO:11641	SEQ ID NO:19653
		AA	SGSSSNIGSHTVN	NNYQRPS	ATWDDSLSVWV
			SEQ ID NO:3630	SEQ ID NO:11642	SEQ ID NO:19654
IPS:437034	21-225_195E9	NA	TCAGGAGATAAATTGGGGAATAAATATGCTTAC	CAAGATAGGAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGAGGAATTGTGGTA
			SEQ ID NO:3631	SEQ ID NO:11643	SEQ ID NO:19655
		AA	SGDKLGNKYAY	QDRKRPS	QAWDRGIVV
			SEQ ID NO:3632	SEQ ID NO:11644	SEQ ID NO:19656

【図４９－３１２】

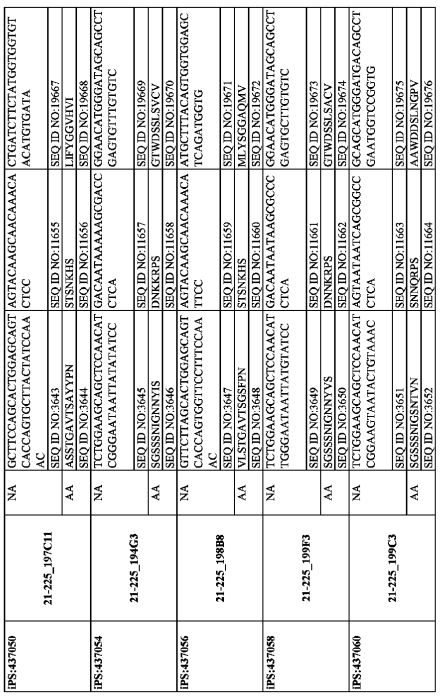
FIGURE 49



IPS:437036	21-225_195H9	NA	TCTGGAGGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCC	GACAATAATAAGCGACCCTCA	GCAACATGGGATCGCACCATGAGTGATTATGGTA
			SEQ ID NO:3633	SEQ ID NO:11645	SEQ ID NO:19657
		AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDRTMSDWV
			SEQ ID NO:3634	SEQ ID NO:11646	SEQ ID NO:19658
IPS:437040	21-225_196E7	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGTCACCAGTGCTTACTATCCAAAC	AGTACAAACAACAAACACTCC	CTGATTTTCTATGGTGGTGGTACATGTATA
			SEQ ID NO:3635	SEQ ID NO:11647	SEQ ID NO:19659
		AA	ASSTGAVTSAYYPN	STNNKHS	LIPYGGVHVI
			SEQ ID NO:3636	SEQ ID NO:11648	SEQ ID NO:19660
IPS:437042	21-225_197E8	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCC	GACAATAATAAGCGACCCTCA	GCAATATGGGATCGCAGTCTGAGTGTTATGGTG
			SEQ ID NO:3637	SEQ ID NO:11649	SEQ ID NO:19661
		AA	SGSSSNIGNKYVS	DNNKRPS	GIWDRSLSVMV
			SEQ ID NO:3638	SEQ ID NO:11650	SEQ ID NO:19662
IPS:437044	21-225_197H9	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCC	AGTAATAATCAGCGGCCCTCA	GCAGCATGGGATGACAGTATCGGAATGGTCCGGTG
			SEQ ID NO:3639	SEQ ID NO:11651	SEQ ID NO:19663
		AA	SGSSSNIGSNTVN	SNNQRPS	AAWDDSMSGPV
			SEQ ID NO:3640	SEQ ID NO:11652	SEQ ID NO:19664
IPS:437048	21-225_197B11	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGTCACCAGTGCTTACTATCCAAAC	AGTACAAACAACAAACACTCC	CTGCTCTACTATGGTGGTGCTCAGCTGGCA
			SEQ ID NO:3641	SEQ ID NO:11653	SEQ ID NO:19665
		AA	ASSTGSVTSGSYPN	STNNKHS	LIYYGGAQLV
			SEQ ID NO:3642	SEQ ID NO:11654	SEQ ID NO:19666

【図４９－３１３】

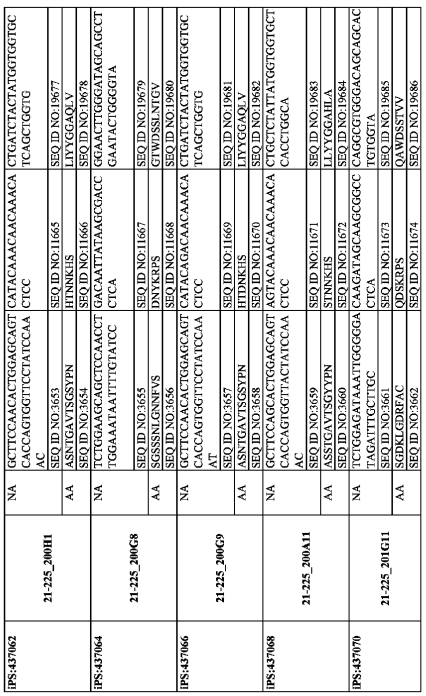
FIGURE 49



IPS:437050	21-225_197C11	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGTCACCAGTGCTTACTATCCAAAC	AGTACAACAACAAACACTCC	CTGATCTTCTATGGTGGTGTGTACATGTATA
			SEQ ID NO:3643	SEQ ID NO:11655	SEQ ID NO:19667
		AA	ASNTGAVTSAYYPN	STSNKHS	LIPYGGVHVI
			SEQ ID NO:3644	SEQ ID NO:11656	SEQ ID NO:19668
IPS:437054	21-225_194G3	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGGAATAATTATGTATCC	GACAATAAAAAGCGACCCTCA	GGAACATGGGATAGCGCTCGACTGTGGTA
			SEQ ID NO:3645	SEQ ID NO:11657	SEQ ID NO:19669
		AA	SGSSSNIGNNYIS	DNKKRPS	GTWDSSLSVCV
			SEQ ID NO:3646	SEQ ID NO:11658	SEQ ID NO:19670
IPS:437056	21-225_198B8	NA	GTTCTTAGCACTGGAGCAGTCACCAGTGCTTCCTTTCCAAAC	AGTACAAGCAACAAACACTCC	ATGCTTTACAGTGGTGTGGAGCTCAGATGGGTA
			SEQ ID NO:3647	SEQ ID NO:11659	SEQ ID NO:19671
		AA	VLSTGAVTSGSFPN	STSNKHS	MLYSGGAQMV
			SEQ ID NO:3648	SEQ ID NO:11660	SEQ ID NO:19672
IPS:437058	21-225_199F3	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATATATGTATCC	GACAATAATAAGCGCCCGAGTGCTTGTGTC	GGAACATGGGATAGCGACTCA
			SEQ ID NO:3649	SEQ ID NO:11661	SEQ ID NO:19673
		AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSACV
			SEQ ID NO:3650	SEQ ID NO:11662	SEQ ID NO:19674
IPS:437060	21-225_199C3	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAATACTGTAAAC	AGTAATAATCAGCCGCCCTCA	GCAGCAATGGGATGACAGCCTGAATGGTCCGGTG
			SEQ ID NO:3651	SEQ ID NO:11663	SEQ ID NO:19675
		AA	SGSSSNIGSNTVN	SNNQRPS	AAWDDSLNGPV
			SEQ ID NO:3652	SEQ ID NO:11664	SEQ ID NO:19676

【図４９－３１４】

FIGURE 49



IPS:437062	21-225_200H1	NA	GCTTCCAACACTGGAGCAGTCACCAGTGCTTCCTATCCAAAC	CATACAAACAACAAACACTCC	CTGATCTACTATGGTGGTGCTCAGCTGGTG
			SEQ ID NO:3653	SEQ ID NO:11665	SEQ ID NO:19677
		AA	ASNTGAVTSGSYPN	HTNNKHS	LIYYGGAQLV
			SEQ ID NO:3654	SEQ ID NO:11666	SEQ ID NO:19678
IPS:437064	21-225_200C8	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACCTTGGAAAATATTTTGTATCC	GACAATTATAAGCGACCCTCA	GGAACTTGGGATAGCAGCCTGAATACTGGCGTA
			SEQ ID NO:3655	SEQ ID NO:11667	SEQ ID NO:19679
		AA	SGSSSNLGNNFVS	DNYKRPS	GTWDSSLNTGV
			SEQ ID NO:3656	SEQ ID NO:11668	SEQ ID NO:19680
IPS:437066	21-225_200G9	NA	GCTTCCAACACTGGAGCAGTCACCAGTGCTTCCTATCCAAAC	CATACAGACAACAAACACTCC	CTGATCTACTATGGTGGTGCTCAGCTGGTG
			SEQ ID NO:3657	SEQ ID NO:11669	SEQ ID NO:19681
		AA	ASNTGAVTSGSYPN	HTDNKHS	LIYYGGAQLV
			SEQ ID NO:3658	SEQ ID NO:11670	SEQ ID NO:19682
IPS:437068	21-225_200A11	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGTCACCAGTGCTTCCTATCCAAAC	AGTACAAACAACAAACACTCC	CTGCTCTATTATGGTGGTGCTCACCTGGCA
			SEQ ID NO:3659	SEQ ID NO:11671	SEQ ID NO:19683
		AA	ASSTGAVTSGYYPN	STNNKHS	LLYYGGAHLA
			SEQ ID NO:3660	SEQ ID NO:11672	SEQ ID NO:19684
IPS:437070	21-225_201G11	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGACTATCTGGTA	CAGATACGACAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGACAGCAGCTGAGTGTTGGGTA
			SEQ ID NO:3661	SEQ ID NO:11673	SEQ ID NO:19685
		AA	SGDKLGDRYAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3662	SEQ ID NO:11674	SEQ ID NO:19686

【図４９－３１５】

FIGURE 49

iPS:437074	21-225_203B2	NA	GGGGGAAACAACATTGGAA	AGGGATAGCGACCGGCC	CAGGTGTGGGACAGCGGCAC
			GAAAAAATGTGCAC	CTCT	TGCGGTA
			SEQ ID NO:3663	SEQ ID NO:11675	SEQ ID NO:19687
		AA	GGNNGRKNVH	RDSDRPS	QVWDSGTAV
			SEQ ID NO:3664	SEQ ID NO:11676	SEQ ID NO:19688
iPS:437076	21-225_203G6	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAACAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAGATTTGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3665	SEQ ID NO:11677	SEQ ID NO:19689
		AA	SGDKLGDRFAC	QDNKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3666	SEQ ID NO:11678	SEQ ID NO:19690
iPS:437082	21-225_205E12	NA	GGGGGAAACAACATTGGAA	AGGGATAGCGACCGGCC	CAGGTGTGGGACAGCGGCAC
			GAAAAAATGTGCAC	CTCT	TGCGGTA
			SEQ ID NO:3667	SEQ ID NO:11679	SEQ ID NO:19691
		AA	GGNNGRKNVH	RDSDRPS	QVWDSGTAV
			SEQ ID NO:3668	SEQ ID NO:11680	SEQ ID NO:19692
iPS:437084	21-225_206B5	NA	GGGGGAAACAACATTGGAA	AGGGATAGCTACCGATC	CAGGATTGGGACAGCAGCAC
			GAAAAAATGTGCAC	TTCT	TGTGGTG
			SEQ ID NO:3669	SEQ ID NO:11681	SEQ ID NO:19693
		AA	GGNNGRKNVH	RDSYRSS	QDWDSSTVV
			SEQ ID NO:3670	SEQ ID NO:11682	SEQ ID NO:19694
iPS:437086	21-225_209A8	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCCT
			TGGGAGTAAATTTTTTATCC	CTCA	GAGTGCTGGGGTA
			SEQ ID NO:3671	SEQ ID NO:11683	SEQ ID NO:19695
		AA	SGSSSNIGSNFLS	DNNKRPS	GTWDSSLSAGV
			SEQ ID NO:3672	SEQ ID NO:11684	SEQ ID NO:19696
iPS:437088	21-225_209H10	NA	GGGGGAAACAACATTGGAA	AGGGATAGCTACCGGTC	CAGGATTGGGACAGCAGCAC
			GAAAAAATGTGCAC	TTCT	TGTGGTG
			SEQ ID NO:3673	SEQ ID NO:11685	SEQ ID NO:19697
		AA	GGNNGRKNVH	RDSYRSS	QDWDSSTVV
			SEQ ID NO:3674	SEQ ID NO:11686	SEQ ID NO:19698

【図４９－３１６】

FIGURE 49

iPS:437090	21-225_210F11	NA	GCTTCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAGCAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTAATTATCCAA	CTCC	TCAGCTGGTG
			AC		
			SEQ ID NO:3675	SEQ ID NO:11687	SEQ ID NO:19699
		AA	AFSTGAVTSGNYPN	STSNKHS	LLYYGGAQLV
			SEQ ID NO:3676	SEQ ID NO:11688	SEQ ID NO:19700
iPS:437092	21-225_210B12	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGGAATCGGCC	AGCTCATATACCAGCAGCCG
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTCTGGTA
			CC		
			SEQ ID NO:3677	SEQ ID NO:11689	SEQ ID NO:19701
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVRNRPS	SSYTSRTLV
			SEQ ID NO:3678	SEQ ID NO:11690	SEQ ID NO:19702
iPS:437094	21-225_210D12	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	AACTCATATACAAGCAGCAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3679	SEQ ID NO:11691	SEQ ID NO:19703
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVSNRPS	NSYTSSTWV
			SEQ ID NO:3680	SEQ ID NO:11692	SEQ ID NO:19704
iPS:437096	21-225_210E12	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	GGCTCATATGTATAAAAGGCAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			SEQ ID NO:3681	SEQ ID NO:11693	SEQ ID NO:19705
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVSNRPS	GSYVKGTWV
			SEQ ID NO:3682	SEQ ID NO:11694	SEQ ID NO:19706
iPS:437098	21-225_211C1	NA	ACTGGAACCAGTAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	AACTCATATACAAGCAGCAT
			TGGTAGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3683	SEQ ID NO:11695	SEQ ID NO:19707
		AA	TGTSSDVGSYNYVS	EVSNRPS	NSYTSSTWV
			SEQ ID NO:3684	SEQ ID NO:11696	SEQ ID NO:19708

【図４９－３１７】

FIGURE 49

iPS:437100	21-225_211H2	NA	GGGGGAAACAACATTGGAC	AGACGATCGCGACCGGCC	CAGGTGTGGGACAGCAGTAC
			GTAGAAATGTGCAC	CTCT	TGCGGTG
			SEQ ID NO:3685	SEQ ID NO:11697	SEQ ID NO:19709
		AA	GGNNGRKNVH	RDSDRPS	QVWDSGTAV
			SEQ ID NO:3686	SEQ ID NO:11698	SEQ ID NO:19710
iPS:437102	21-225_211E5	NA	TCTGGAGATGCATTGCCAAA	AAAGACAGTGCGAGGCC	CAATTAGTGTACAGCAGTGA
			GCAATATGCTTAT	CTCA	TACTTATCTC
			SEQ ID NO:3687	SEQ ID NO:11699	SEQ ID NO:19711
		AA	SGDALPKQYAY	KDSARPS	QLVYSSDTYV
			SEQ ID NO:3688	SEQ ID NO:11700	SEQ ID NO:19712
iPS:437104	21-225_211G5	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	AACTCATATACAAGAAGCAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3689	SEQ ID NO:11701	SEQ ID NO:19713
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVSNRPS	NSYTRSITWV
			SEQ ID NO:3690	SEQ ID NO:11702	SEQ ID NO:19714
iPS:437106	21-225_211H7	NA	GCTTTCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAGCAACAGACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTAACTATCCAA	CTCC	TCAGCTGGTG
			GT		
			SEQ ID NO:3691	SEQ ID NO:11703	SEQ ID NO:19715
		AA	AFSTGAVTSGNYPS	STSNRHS	LLYYGGAQLV
			SEQ ID NO:3692	SEQ ID NO:11704	SEQ ID NO:19716
iPS:437108	21-225_211C9	NA	GGTTCCAGCACTGGAATCAGT	AGTACAAACAACAAGCA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTTACTTTCCAA	CTCC	TCAGCTGGCA
			AC		
			SEQ ID NO:3693	SEQ ID NO:11705	SEQ ID NO:19717
		AA	GSSTGSVTSGTFPN	STNNKHS	LLYYGGAQLA
			SEQ ID NO:3694	SEQ ID NO:11706	SEQ ID NO:19718

【図４９－３１８】

FIGURE 49

iPS:437110	21-225_211E9	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAATCAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTAACTATCCAA	CTCC	TCAGCTGGCA
			AC		
			SEQ ID NO:3695	SEQ ID NO:11707	SEQ ID NO:19719
		AA	ASSTGAVTSGNYPN	STINKHS	LLYYGGAQLA
			SEQ ID NO:3696	SEQ ID NO:11708	SEQ ID NO:19720
iPS:437112	21-225_212C2	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGGAAATCGGCC	AGCTCATATACCAGCAGCAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3697	SEQ ID NO:11709	SEQ ID NO:19721
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVRNRPS	SSYTRSITWV
			SEQ ID NO:3698	SEQ ID NO:11710	SEQ ID NO:19722
iPS:437114	21-225_212A4	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	GGCTCATATGTAAAAAGGCAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3699	SEQ ID NO:11711	SEQ ID NO:19723
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVSNRPS	GSYVKGTWV
			SEQ ID NO:3700	SEQ ID NO:11712	SEQ ID NO:19724
iPS:437116	21-225_212F6	NA	ACTGGAACCAGTAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	AACTCATATACAAGCAGCAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3701	SEQ ID NO:11713	SEQ ID NO:19725
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	NSYTSSTWV	GSYVKGTWV
			SEQ ID NO:3702	SEQ ID NO:11714	SEQ ID NO:19726
iPS:437118	21-225_212G7	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	AACTCATATACAAGCAGCAT
			TGGTGGTTATAATTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3703	SEQ ID NO:11715	SEQ ID NO:19727
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVSNRPS	NSYTSSTWV
			SEQ ID NO:3704	SEQ ID NO:11716	SEQ ID NO:19728

【図４９－３１９】

FIGURE 49

iPS:437120	21-225_212A9	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAACAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTTACTATCCAA	CTCC	TCAGGTGGGA
			AC		
			SEQ ID NO:3705	SEQ ID NO:11717	SEQ ID NO:19729
		AA	ASSTGAVTSGYYPN	STNNKHS	LLYYGGAQVG
			SEQ ID NO:3706	SEQ ID NO:11718	SEQ ID NO:19730
iPS:437124	21-225_212H12	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAGCAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTTACTATCCAA	CTCC	TCATGTGGTA
			AC		
			SEQ ID NO:3707	SEQ ID NO:11719	SEQ ID NO:19731
		AA	ASSTGAVTSGYYPN	STSNKHS	LLYYGGAHVV
			SEQ ID NO:3708	SEQ ID NO:11720	SEQ ID NO:19732
iPS:437128	21-225_213G3	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGGAATCGGCC	AACTCATATACACGCAGCAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3709	SEQ ID NO:11721	SEQ ID NO:19733
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVRNRPS	NSYTRSTTWV
			SEQ ID NO:3710	SEQ ID NO:11722	SEQ ID NO:19734
iPS:437130	21-225_213D5	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCCGTAATCGGCC	TGCTCATATACAAGAAGAAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3711	SEQ ID NO:11723	SEQ ID NO:19735
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVRNRPS	CSYTRRTTWV
			SEQ ID NO:3712	SEQ ID NO:11724	SEQ ID NO:19736
iPS:437132	21-225_213F5	NA	GGTTCCAGCACTGGATCAGT	AGTACAAACAACAAGCA	CTGCTCTACTTTGGTGGTGCT
			CACCAGTGGTTACTTTCCAA	CTCC	CAGCTGGCA
			AC		
			SEQ ID NO:3713	SEQ ID NO:11725	SEQ ID NO:19737
		AA	GSSTGSVTSGVFPN	STNNKHS	LLYFGGAQLA
			SEQ ID NO:3714	SEQ ID NO:11726	SEQ ID NO:19738

【図４９－３２０】

FIGURE 49

iPS:437134	21-225_213A7	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGGAATCGGCC	AGCTCATATACCAGCAGCCG
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTCTGGTA
			CC		
			SEQ ID NO:3715	SEQ ID NO:11727	SEQ ID NO:19739
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVRNRPS	SSYTSSRTLV
			SEQ ID NO:3716	SEQ ID NO:11728	SEQ ID NO:19740
iPS:437136	21-225_214H3	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAGCAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTTACTATCCAA	CTCC	TCATGTGGTA
			AC		
			SEQ ID NO:3717	SEQ ID NO:11729	SEQ ID NO:19741
		AA	ASSTGAVTSGYYPN	STSNKHS	LLYYGGAHVV
			SEQ ID NO:3718	SEQ ID NO:11730	SEQ ID NO:19742
iPS:437138	21-225_214D8	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	GACAATAATAAGCGACC	GGAGCATGGGATAGCAGCCT
			TGGGAATAATTATGTATCC	CTCA	GAGTGCTGTGTGGTA
			SEQ ID NO:3719	SEQ ID NO:11731	SEQ ID NO:19743
		AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GAWDSSLSAVV
			SEQ ID NO:3720	SEQ ID NO:11732	SEQ ID NO:19744
iPS:437140	21-225_214E12	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAGCAATAAACA	CTGCTCTACTGTGATGGTGC
			CACCAGTCGGCTACTATCCAA	CTCC	CCAGCTGGTG
			AC		
			SEQ ID NO:3721	SEQ ID NO:11733	SEQ ID NO:19745
		AA	ASSTGAVTSGYYPN	STSNKHS	LLYCDGAQLV
			SEQ ID NO:3722	SEQ ID NO:11734	SEQ ID NO:19746
iPS:437142	21-225_215A3	NA	GCTTCCAGCACTGAAGCGGT	AGTACAAGCAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGCGC
			CACCAGTGGTTACTATCCAA	CTCC	TCAGCTGGCA
			GC		
			SEQ ID NO:3723	SEQ ID NO:11735	SEQ ID NO:19747
		AA	ASSTEAVTSGNYPS	STSNKHS	LLYYGGAQLA
			SEQ ID NO:3724	SEQ ID NO:11736	SEQ ID NO:19748

【図４９－３２１】

FIGURE 49

iPS:437144	21-225_215B3	NA	TCTGGACATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
			TAAATTTGCTTGC	CTCA	TGTGGTA
			SEQ ID NO:3725	SEQ ID NO:11737	SEQ ID NO:19749
		AA	SGDKLGDKFAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
			SEQ ID NO:3726	SEQ ID NO:11738	SEQ ID NO:19750
iPS:437146	21-225_215D3	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACAT	GAGGTCAGTAATCGGCC	AACTCATATAAAAGGGGCAG
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3727	SEQ ID NO:11739	SEQ ID NO:19751
		AA	TGTSSDIGGYNYVS	EVSNRPS	NSYKRGSTWV
			SEQ ID NO:3728	SEQ ID NO:11740	SEQ ID NO:19752
iPS:437148	21-225_215H3	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAACAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTTACTATCCAA	CTCC	TCAGGTGGGA
			AC		
			SEQ ID NO:3729	SEQ ID NO:11741	SEQ ID NO:19753
		AA	ASSTGAVTSGYYPN	STNNKHS	LLYYGGAQVG
			SEQ ID NO:3730	SEQ ID NO:11742	SEQ ID NO:19754
iPS:437150	21-225_216A3	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	AACTCATATACAAGCAGCAT
			TGGTGGTTATAATTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3731	SEQ ID NO:11743	SEQ ID NO:19755
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVSNRPS	NSYTSSITWV
			SEQ ID NO:3732	SEQ ID NO:11744	SEQ ID NO:19756
iPS:437154	21-225_216A7	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAACAACAAACA	CTGCTCTACTATGGTGGTGC
			CACCAGTGGTTACTATCCAA	CTCC	TCAGGTGGGA
			AC		
			SEQ ID NO:3733	SEQ ID NO:11745	SEQ ID NO:19757
		AA	ASSTGAVTSGYYPN	STNNKHS	LLYYGGAQVG
			SEQ ID NO:3734	SEQ ID NO:11746	SEQ ID NO:19758

【図４９－３２２】

FIGURE 49

iPS:437158	21-225_216H11	NA	GCTTCCAGCACTGGAGCAGT	AGTACAAGCAATAAACA	CTGCTCTACTGTGATGGTGC
			CACCAGTGGCTACTATCCAA	CTCC	TCAGCTGGTG
			AC		
			SEQ ID NO:3735	SEQ ID NO:11747	SEQ ID NO:19759
		AA	ASSTGAVTSGYYPN	STSNKHS	LLYCDGAQLV
			SEQ ID NO:3736	SEQ ID NO:11748	SEQ ID NO:19760
iPS:437160	21-225_216B12	NA	GGGGGAGACAACATTAGAA	AGGGATAGCAACCGCGCC	CAGGTGTGGGACAGCAGCAC
			GAAGAAATGTGCAC	CTCT	TGGGGGTG
			SEQ ID NO:3737	SEQ ID NO:11749	SEQ ID NO:19761
		AA	GGDNIRRRNVH	RDSNRPS	QVWDSSTGV
			SEQ ID NO:3738	SEQ ID NO:11750	SEQ ID NO:19762
iPS:437162	21-225_217B2	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGTAATCGGCC	GGCTCATATGTAAAAGGCAT
			TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
			CC		
			SEQ ID NO:3739	SEQ ID NO:11751	SEQ ID NO:19763
		AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVSNRPS	GSYVKGHTWV
			SEQ ID NO:3740	SEQ ID NO:11752	SEQ ID NO:19764
iPS:437164	21-225_217C6	NA	TCTGGAGATGCATTGCCAAA	AAAGACAGTGAGAGGCC	CAATTAATAGTCAGCAGTGA
			GCAATATGCTTAT	CTCA	TACTTATCGTC
			SEQ ID NO:3741	SEQ ID NO:11753	SEQ ID NO:19765
		AA	SGDALPKQYAY	KDSERPS	QLIVSSDTYV
			SEQ ID NO:3742	SEQ ID NO:11754	SEQ ID NO:19766
iPS:437166	21-225_217G11	NA	TCTGGAGATGCATTGCCAAA	AAAGACAGTGAGAGGCC	CAATTAGTGTACAGCAGTGA
			ACAATATGCTTAT	CTCA	TACTTATCGTC
			SEQ ID NO:3743	SEQ ID NO:11755	SEQ ID NO:19767
		AA	SGDALPKQYAY	KDSERPS	QLVYSSDTYV
			SEQ ID NO:3744	SEQ ID NO:11756	SEQ ID NO:19768
iPS:437168	21 225 218G4	NA	TCTGGAAAGCAGCTCCAAACAT	GACAGTAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCGCCT
			TGGGAATAATTATGTATCC	CTCA	GAATACTGTGGTA

10

20

30

40

50

【図４９－３２３】

FIGURE 49

21-225_226F8	AA	SEQ ID NO:3767	SEQ ID NO:11779	SEQ ID NO:19791
		TGSSSNIGAGTDVH	GNSNRPS	QSYDNSLSGV
iPS:437200	NA	SEQ ID NO:3768	SEQ ID NO:11780	SEQ ID NO:19792
		TCTGGAGATACATTGGGGGG	CAGGATTCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAAGCGGCC
21-225_226A10		TAAATATGCTTGG	CTCA	TGCGGTT
		SEQ ID NO:3769	SEQ ID NO:11781	SEQ ID NO:19793
	AA	SGDTLGGKYAW	QDRKRPS	QAWDNGAAV
		SEQ ID NO:3770	SEQ ID NO:11782	SEQ ID NO:19794
iPS:437202	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACAT	GGTAACAGCAAATCGGCC	CAGTCCTATGACAACAGCCT
		CGGGGCAGGTTATGATGTAC	CTCA	GAGTGGTGTG
21-225_227D3		AC		
		SEQ ID NO:3771	SEQ ID NO:11783	SEQ ID NO:19795
	AA	TGSSSNIGAGYDVH	GNSNRPS	QSYDNSLSGV
		SEQ ID NO:3772	SEQ ID NO:11784	SEQ ID NO:19796
iPS:437204	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAACAACAC
		AAAATATGCTTGC	CTCA	TATGATA
21-225_227E5		SEQ ID NO:3773	SEQ ID NO:11785	SEQ ID NO:19797
	AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWVNNTMI
		SEQ ID NO:3774	SEQ ID NO:11786	SEQ ID NO:19798
iPS:437208	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACAT	GGTAACAGCAACATCGGCC	CAGTCCTATGACAACAACCT
		CGGGGCAGGTTATGATGTAC	CTCA	GAGTGGTGTG
21-225_227C10		AC		
		SEQ ID NO:3775	SEQ ID NO:11787	SEQ ID NO:19799
	AA	TGSSSNIGAGYDVH	GNSNRPS	QSYDNNLSGV
		SEQ ID NO:3776	SEQ ID NO:11788	SEQ ID NO:19800
iPS:437210	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGAACAGCAGCAA
		TAAATATGTTTGT	CTCA	TGTGGTA
21-225_227E12		SEQ ID NO:3777	SEQ ID NO:11789	SEQ ID NO:19801
	AA	SGDKLGDKYVC	QDSKRPS	QAWNSSNVV
		SEQ ID NO:3778	SEQ ID NO:11790	SEQ ID NO:19802

【図４９－３２４】

FIGURE 49

		SEQ ID NO:3745	SEQ ID NO:11757	SEQ ID NO:19769
21-225_218G4	AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLNTVV
iPS:437170		SEQ ID NO:3746	SEQ ID NO:11758	SEQ ID NO:19770
	NA	TCTAGAGATGTATTGCCGAA	AAAGACAGTGAGAGGCC	CAATTAGTTGTCAGCAGTGA
21-225_218E5		GCAATATGCTTAT	CTCA	TACTTATGTC
		SEQ ID NO:3747	SEQ ID NO:11759	SEQ ID NO:19771
	AA	SRDVLPKQYAY	KDSERPS	QLVVSSDTVV
		SEQ ID NO:3748	SEQ ID NO:11760	SEQ ID NO:19772
iPS:437172	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGAAAATCGGCC	TGCTCATATACAAGGAGCAT
		TGGTGGTTATAATTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
21-225_219A7		CC		
		SEQ ID NO:3749	SEQ ID NO:11761	SEQ ID NO:19773
	AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVRNRPS	CSYTRSITWV
		SEQ ID NO:3750	SEQ ID NO:11762	SEQ ID NO:19774
iPS:437182	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGGAAATCGGCC	AACTCATATACACGCAGCAT
		TGGTGGTTATACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
21-225_221H2		CC		
		SEQ ID NO:3751	SEQ ID NO:11763	SEQ ID NO:19775
	AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVRNRPS	NSYTRSITWV
		SEQ ID NO:3752	SEQ ID NO:11764	SEQ ID NO:19776
iPS:437184	NA	ACTGGAACCAGCAGTGACGT	GAGGTCAGGAAATCGGCC	AACTCATATACACGCAGCAT
		TGGTGGTTATAACTATGTCT	CTCA	CACTTGGGTG
21-225_221G4		CC		
		SEQ ID NO:3753	SEQ ID NO:11765	SEQ ID NO:19777
	AA	TGTSSDVGGYNYVS	EVRNRPS	NSYTRSITWV
		SEQ ID NO:3754	SEQ ID NO:11766	SEQ ID NO:19778
iPS:437186	NA	TCTGGAGATAATTGGGGGT	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC
		TAAATATACTTAC	CTCA	TGTGGTA
21-225_224H2		SEQ ID NO:3755	SEQ ID NO:11767	SEQ ID NO:19779
	AA	SGDNLGVKYTY	QDSKRPS	QAWDSSTVV
		SEQ ID NO:3756	SEQ ID NO:11768	SEQ ID NO:19780
	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACAT	GGTAACAGCAATCGGCC	CAGTCCTATGACAACAGCCT
		CGGGGCAGGTTATGATGTAC	CTCA	GAGTGGTGTG
21-225_224B11		AC		
		SEQ ID NO:3757	SEQ ID NO:11769	SEQ ID NO:19781
	AA	TGSSSNIGAGYDVH	GNSNRPS	QSYDNSLSGV
		SEQ ID NO:3758	SEQ ID NO:11770	SEQ ID NO:19782
iPS:437190	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAACAC
		TAAATATGCTTGC	CTCA	TGCATGGTC
21-225_225A9		SEQ ID NO:3759	SEQ ID NO:11771	SEQ ID NO:19783
	AA	SGDKLGNKYAC	QDSKRPS	QAWDSNTACV
		SEQ ID NO:3760	SEQ ID NO:11772	SEQ ID NO:19784
iPS:437192	NA	TCTGGAGATAATTTGGGGAA	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGAAC
		TAGATATGCTTGC	CTCA	TGCTGTTGGTA
21-225_225E9		SEQ ID NO:3761	SEQ ID NO:11773	SEQ ID NO:19785
	AA	SGDNLGNRYAC	QDRKRPS	QAWDSRTAVV
		SEQ ID NO:3762	SEQ ID NO:11774	SEQ ID NO:19786
iPS:437194	NA	TCTGGAGATACATTGGGGGG	CAAGATCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAACGGCGC
		TAAATATGCTTGG	CTCA	TCGCGTT
21-225_226B2		SEQ ID NO:3763	SEQ ID NO:11775	SEQ ID NO:19787
	AA	SGDTLGGKYAW	QDRKRPS	QAWDNGAAV
		SEQ ID NO:3764	SEQ ID NO:11776	SEQ ID NO:19788
iPS:437196	NA	TCTGGAGATCGCATTGCCAAG	AAAGACAGTGAGAGGCC	CAATCAGCAGACAGCAGTGG
		GCATTATGTTTAT	CTCA	TACTTATGTC
21-225_226B7		SEQ ID NO:3765	SEQ ID NO:11777	SEQ ID NO:19789
	AA	SGDALPRHYVY	KDSERPS	QSADSSGTVV
		SEQ ID NO:3766	SEQ ID NO:11778	SEQ ID NO:19790
iPS:437198	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACAT	GGTAACAGCAATCGGCC	CAGTCCTATGACAACAGCCT
		CGGGGCAGGTTATGATGTAC	CTCA	GAGTGGTGTG
21 225 226F8		AC		

【図４９－３２５】

FIGURE 49

		SEQ ID NO:3767	SEQ ID NO:11779	SEQ ID NO:19791
21-225_226F8	AA	TGSSSNIGAGTDVH	GNSNRPS	QSYDNSLSGV
iPS:437200	NA	SEQ ID NO:3768	SEQ ID NO:11780	SEQ ID NO:19792
		TCTGGAGATACATTGGGGGG	CAGGATTCGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAAGCGGCC
21-225_226A10		TAAATATGCTTGG	CTCA	TGCGGTT
		SEQ ID NO:3769	SEQ ID NO:11781	SEQ ID NO:19793
	AA	SGDTLGGKYAW	QDRKRPS	QAWDNGAAV
		SEQ ID NO:3770	SEQ ID NO:11782	SEQ ID NO:19794
iPS:437202	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACAT	GGTAACAGCAAATCGGCC	CAGTCCTATGACAACAGCCT
		CGGGGCAGGTTATGATGTAC	CTCA	GAGTGGTGTG
21-225_227D3		AC		
		SEQ ID NO:3771	SEQ ID NO:11783	SEQ ID NO:19795
	AA	TGSSSNIGAGYDVH	GNSNRPS	QSYDNSLSGV
		SEQ ID NO:3772	SEQ ID NO:11784	SEQ ID NO:19796
iPS:437204	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGGAAAGCGGCC	CAGGCGTGGGTCAACAACAC
		AAAATATGCTTGC	CTCA	TATGATA
21-225_227E5		SEQ ID NO:3773	SEQ ID NO:11785	SEQ ID NO:19797
	AA	SGDKLGEKYAC	QDRKRPS	QAWVNNTMI
		SEQ ID NO:3774	SEQ ID NO:11786	SEQ ID NO:19798
iPS:437208	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACAT	GGTAACAGCAACATCGGCC	CAGTCCTATGACAACAACCT
		CGGGGCAGGTTATGATGTAC	CTCA	GAGTGGTGTG
21-225_227C10		AC		
		SEQ ID NO:3775	SEQ ID NO:11787	SEQ ID NO:19799
	AA	TGSSSNIGAGYDVH	GNSNRPS	QSYDNNLSGV
		SEQ ID NO:3776	SEQ ID NO:11788	SEQ ID NO:19800
iPS:437210	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGAACAGCAGCAA
		TAAATATGTTTGT	CTCA	TGTGGTA
21-225_227E12		SEQ ID NO:3777	SEQ ID NO:11789	SEQ ID NO:19801
	AA	SGDKLGDKYVC	QDSKRPS	QAWNSSNVV
		SEQ ID NO:3778	SEQ ID NO:11790	SEQ ID NO:19802

【図４９－３２６】

FIGURE 49

		TCTGGAGATGTCATTGCCAAA	GAGGACAGCAAACGACC	AACTCAACAGAGACAGCAGTGG
21-225_48B12	NA	AAAATATGCTTAT	CTCC	TAATCATGTGGTA
		SEQ ID NO:3779	SEQ ID NO:11791	SEQ ID NO:19803
	AA	SGDALPKKYAY	EDSKRPS	NSTDSSGNEVV
		SEQ ID NO:3780	SEQ ID NO:11792	SEQ ID NO:19804
iPS:437216	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAA	GCTGCATCCAGTTTGCGA	CAACAGTATTATAGTTACCC
		CAATTATTTAGCC	AGT	ATTCACT
21-225_51D5		SEQ ID NO:3781	SEQ ID NO:11793	SEQ ID NO:19805
	AA	RASQGINNYLA	AASSLRS	QQYYSYPPT
		SEQ ID NO:3782	SEQ ID NO:11794	SEQ ID NO:19806
iPS:437220	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CTACAGCGTGATAGTTACCC
		AAACGATTTAGGC	AAGT	GTTCACT
21-225_55H6		SEQ ID NO:3783	SEQ ID NO:11795	SEQ ID NO:19807
	AA	RASQGIRNDLG	GASSLQS	LQRDSYPPT
		SEQ ID NO:3784	SEQ ID NO:11796	SEQ ID NO:19808
iPS:437224	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCGGTTTGCAA	CAACAATATCAGAATTACCC
		CCATTATTTAGCC	AGT	CTTCACT
21-225_56H1		SEQ ID NO:3785	SEQ ID NO:11797	SEQ ID NO:19809
	AA	RASQGISHYLA	AASGLQS	QQYQNYPPT
		SEQ ID NO:3786	SEQ ID NO:11798	SEQ ID NO:19810
iPS:437226	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	GAGGTTTCTAACTGGGA	GTGCAAGGTACACACTGGCC
		ATACAGTGATGGAAAACACCT	CTCT	TCGGACG
21-225_57C2		ACTTGAAT		
		SEQ ID NO:3787	SEQ ID NO:11799	SEQ ID NO:19811
	AA	RSSQSLVYSDGNTYLN	EVSNWDS	VQGTHWPRT
		SEQ ID NO:3788	SEQ ID NO:11800	SEQ ID NO:19812
iPS:437228	NA	AGGGCACAGTCAGATGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAGTAACCTGGCC
		CAACGACTTAGCC	CACT	ATTCACT
21-225_60C11		SEQ ID NO:3789	SEQ ID NO:11801	SEQ ID NO:19813
	AA	RASQSVSNDLA	GASTRAT	QQYSNWPPT

【図４９－３２７】

FIGURE 49

iPS:437230	21-225_021H10	NA	SEQ ID NO:3799	SEQ ID NO:11802	SEQ ID NO:19814
			CGGGCAAGTCAGAGCATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGAGTCACAGTTTCCC
			CAGCTATTTAAATT	AGT	ATTCACT
		AA	TAASQSTTSTLN	TASSLQS	QQSHSTPPT
			SEQ ID NO:3792	SEQ ID NO:11804	SEQ ID NO:19816
iPS:437232	21-225_63E1	NA	CGTGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGCTACTTAGCC	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:3793	SEQ ID NO:11805	SEQ ID NO:19817
			RASQGISSYLA	AASSLQS	QQANSPPLT
			SEQ ID NO:3794	SEQ ID NO:11806	SEQ ID NO:19818
iPS:437234	21-225_64E2	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
			CAGGTGGTTAGCC	AGT	ATTCACT
		AA	SEQ ID NO:3795	SEQ ID NO:11807	SEQ ID NO:19819
			RASQGISRWLA	AASSLQS	QQANSPPPT
			SEQ ID NO:3796	SEQ ID NO:11808	SEQ ID NO:19820
iPS:437248	21-225_97H3	NA	AGGGTCTAGTCAGAGCCTCCT	TTGGGTTCTAATCGGGCC	ATGCAACCTCTACAAACTCC
			GCATAGTAAATGGCACAACT	TCC	GTTCACT
			ATTTCGAAT		
		AA	SEQ ID NO:3797	SEQ ID NO:11809	SEQ ID NO:19821
			RSSQSLLHSNGHNYLD	LGSNRAS	MQPLQTPPT
			SEQ ID NO:3798	SEQ ID NO:11810	SEQ ID NO:19822
iPS:437250	21-225_148C6	NA	AGGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTACACACTGGTC
			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTCT	GCTCACT
			ACTTGAAT		
		AA	SEQ ID NO:3799	SEQ ID NO:11811	SEQ ID NO:19823
			RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS	MQGTHWSLT
			SEQ ID NO:3800	SEQ ID NO:11812	SEQ ID NO:19824

【図４９－３２８】

FIGURE 49

iPS:437252	21-225_148H11	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTACACACTGGTT
			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTCT	GCTCACT
			ACTTGAAT		
		AA	SEQ ID NO:3801	SEQ ID NO:11813	SEQ ID NO:19825
			RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS	MQGTHWLLT
			SEQ ID NO:3802	SEQ ID NO:11814	SEQ ID NO:19826
iPS:437254	21-225_149F2	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTACACACTGGCC
			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTCT	TCCCACT
			CCTTGAAT		
		AA	SEQ ID NO:3803	SEQ ID NO:11815	SEQ ID NO:19827
			RSSQSLVYSDGNTSLN	KVSNWDS	MQGTHWPPT
			SEQ ID NO:3804	SEQ ID NO:11816	SEQ ID NO:19828
iPS:437256	21-225_150F11	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTACACACTGGCC
			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTAT	TCCCACT
			CCTTGAAT		
		AA	SEQ ID NO:3805	SEQ ID NO:11817	SEQ ID NO:19829
			RSSQSLVYSDGNTSLN	KVSNWDY	MQGTHWPPT
			SEQ ID NO:3806	SEQ ID NO:11818	SEQ ID NO:19830
iPS:437258	21-225_153F9	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGTATAATAGTTACCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	GCTCAGT
		AA	SEQ ID NO:3807	SEQ ID NO:11819	SEQ ID NO:19831
			RASQGISNYLA	AASSLQS	QQYNSYPLS
			SEQ ID NO:3808	SEQ ID NO:11820	SEQ ID NO:19832
iPS:437260	21-225_170D1	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGTGTGATAGTTTCCC
			CAATTATTTAGCC	AGT	TCTCACT
		AA	SEQ ID NO:3809	SEQ ID NO:11821	SEQ ID NO:19833
			RASQDISNYLA	AASSLQS	QQCDSFPLT
			SEQ ID NO:3810	SEQ ID NO:11822	SEQ ID NO:19834
iPS:437262		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GTTGCATCCGGTTTGCAAA	CTACAGCACAATAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AGT	TCCGTGGACG

【図４９－３２９】

FIGURE 49

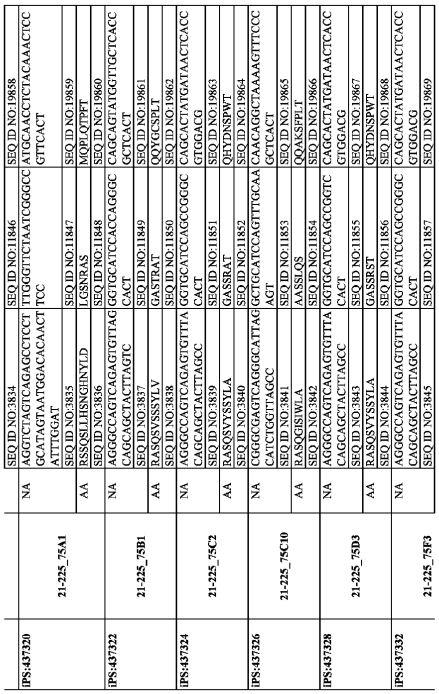
iPS:437264	21-225_170E4	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	AGAGCATCCAGTTTGCA	CTACAGCATATAAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AAGT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:3823	SEQ ID NO:11835	SEQ ID NO:19847
			RASQDIRNDLG	RASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:3824	SEQ ID NO:11836	SEQ ID NO:19848
iPS:437266	21-225_171H12	NA	CGGGCAAGTCAGAGGTTTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGAGTTACAGTATTCC
			TAACTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:3825	SEQ ID NO:11837	SEQ ID NO:19849
			RASQRPSNYLN	TASSLQS	QQSYSIPLT
			SEQ ID NO:3826	SEQ ID NO:11838	SEQ ID NO:19850
iPS:437268	21-225_177D2	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATTTATAGTTTCCCT
			ACATCATTTAGGC	AGT	CGGACG
		AA	SEQ ID NO:3827	SEQ ID NO:11839	SEQ ID NO:19851
			RASQGIRHDLG	AASSLQS	LQHYSPPRT
			SEQ ID NO:3828	SEQ ID NO:11840	SEQ ID NO:19852
iPS:437270	21-225_178H4	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCA	GTACAGCATTATAGTTTCCC
			ACATGATTTAGGC	AAGT	TCCGGACG
		AA	SEQ ID NO:3829	SEQ ID NO:11841	SEQ ID NO:19853
			RASQGIRHDLG	AASSQOS	VQHYSPPRT
			SEQ ID NO:3830	SEQ ID NO:11842	SEQ ID NO:19854
iPS:437272	21-225_179D4	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATTATAGTTTCCCT
			ACATCGATTTAGGC	AGT	CGGACG
		AA	SEQ ID NO:3831	SEQ ID NO:11843	SEQ ID NO:19855
			RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS	MQGAHWPT
			SEQ ID NO:3832	SEQ ID NO:11844	SEQ ID NO:19856
iPS:437274	21-225_196D4	NA	CGGGCGAGTCAGGACATTTT	GATGCATCCACTTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCCC
			CAACTATTTAAAT	AACA	GATCACC
		AA	SEQ ID NO:3833	SEQ ID NO:11845	SEQ ID NO:19857
			QASQDIFNYLN	DASTLET	QQYDNLPIT

【図４９－３３０】

FIGURE 49

iPS:437280	21-225_203C10	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	AGAGCATCCAGTTTGCA	CTACAGCATATAAGTTACCC
			AAATGATTTAGGC	AAGT	GTGGACG
		AA	SEQ ID NO:3823	SEQ ID NO:11835	SEQ ID NO:19847
			RASQDIRNDLG	RASSLQS	LQHNSYPWT
			SEQ ID NO:3824	SEQ ID NO:11836	SEQ ID NO:19848
iPS:437282	21-225_207C9	NA	CGGGCAAGTCAGAGGTTTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGAGTTACAGTATTCC
			TAACTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
		AA	SEQ ID NO:3825	SEQ ID NO:11837	SEQ ID NO:19849
			RASQRPSNYLN	TASSLQS	QQSYSIPLT
			SEQ ID NO:3826	SEQ ID NO:11838	SEQ ID NO:19850
iPS:437286	21-225_208F1	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA	CTACAGCATTTATAGTTTCCCT
			ACATCATTTAGGC	AGT	CGGACG
		AA	SEQ ID NO:3827	SEQ ID NO:11839	SEQ ID NO:19851
			RASQGIRHDLG	AASSLQS	LQHYSPPRT
			SEQ ID NO:3828	SEQ ID NO:11840	SEQ ID NO:19852
iPS:437290	21-225_210G6	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCA	GTACAGCATTATAGTTTCCC
			ACATGATTTAGGC	AAGT	TCCGGACG
		AA	SEQ ID NO:3829	SEQ ID NO:11841	SEQ ID NO:19853
			RASQGIRHDLG	AASSQOS	VQHYSPPRT
			SEQ ID NO:3830	SEQ ID NO:11842	SEQ ID NO:19854
iPS:437294	21-225_216D5	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTGCACACTGGTT
			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTCT	CACC
			ACTTGAAT		
		AA	SEQ ID NO:3831	SEQ ID NO:11843	SEQ ID NO:19855
			RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS	MQGAHWPT
			SEQ ID NO:3832	SEQ ID NO:11844	SEQ ID NO:19856
iPS:437302	21-225_225B11	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTTT	GATGCATCCACTTTGGA	CAACAGTATGATAATCTCCC
			CAACTATTTAAAT	AACA	GATCACC
		AA	SEQ ID NO:3833	SEQ ID NO:11845	SEQ ID NO:19857
			QASQDIFNYLN	DASTLET	QQYDNLPIT

【図４９－３３１】

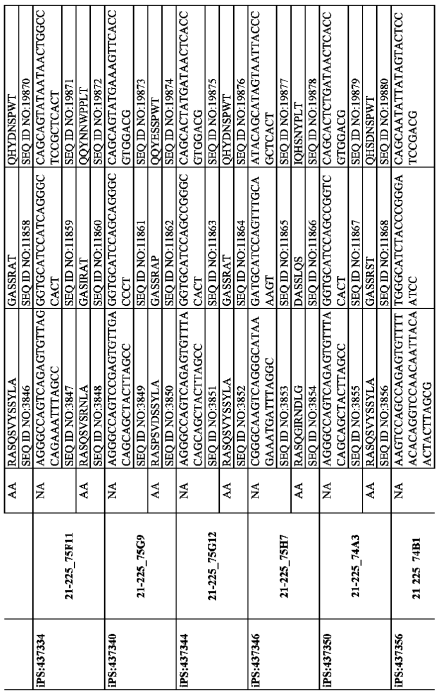


389/4125

FIGURE 49

21-225_74B1	AA	KSSQSVLHRSNNYNYLA	SEQ ID NO:11869	WASTRES	SEQ ID NO:19881
		KSSQSVLHSSNNYNYLA	SEQ ID NO:11870	QQYYSTPPT	SEQ ID NO:19882
21-225_74C1	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATTACA ATTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:11881	SEQ ID NO:19893
	AA	KSSQSVLHSSNNKNYLT	WASTRES	QQYYSTPPT	SEQ ID NO:19894
21-225_74C10	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:11880	SEQ ID NO:19892
		KSSQSVLHSSNNYNYLA	SEQ ID NO:11873	QQYYSTPCS	SEQ ID NO:19885
	AA	KSSQSVLYSSNNANYLA	WASTRES	QQYYSTPCS	SEQ ID NO:19886
21-225_74D6	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	SEQ ID NO:11874	SEQ ID NO:19887
	AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	SEQ ID NO:11875	SEQ ID NO:19888
21-225_74D8	NA	AGGTCTAGTCAGAGCCTCGT GCATAGTAGTGGATACAACT ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCC TCC	SEQ ID NO:11876	SEQ ID NO:19889
	AA	RSSQSLVHSSGYNYLD	LGSNRAS	SEQ ID NO:11877	MQALHPPLT
		KSSQSVLHSSNNKNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:11878	SEQ ID NO:19890
21-225_74G9	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGTACTTAGTC	GGTGCATCCAGCCAGGGC GCTCACT	SEQ ID NO:11882	SEQ ID NO:19894
		SEQ ID NO:3867	SEQ ID NO:11879	SEQ ID NO:19891	
	AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT	

【図４９－３３２】

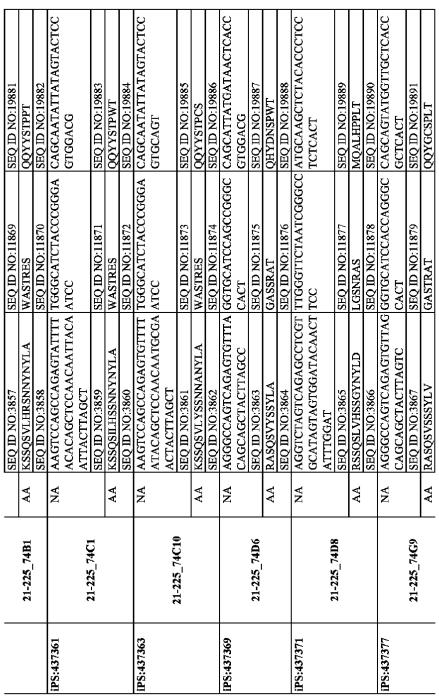


390/4125

FIGURE 49

iPS:437320	21-225_75A1	NA	AGGTCTCATCAGAGCCTCCT GCATATGTAATGGACACAACTTCC ATTTGGAT	TTGGGTTCTAATCGGGCCC TCC	ATGCAACCTCTACAAACTCC GTTCACT
		AA	RSSQSLLHSNGHNYLD	LGSNRAS	MQPLQTPFT
iPS:437322	21-225_75B1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGCAGCTACTTAGTC	GGTGCATCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTTGCTCACC GCTCACT
		AA	RASQSVSSSYLV	GASTRAT	QQYGCSPLT
iPS:437324	21-225_75C2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
iPS:437326	21-225_75C10	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG CATCTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGGCTAAAAGTTTCCC GCTCACT
		AA	RASQGISWLA	AASSLQS	QQAKSPPLT
iPS:437328	21-225_75D3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
iPS:437332	21-225_75F3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
			SEQ ID NO:3845	SEQ ID NO:11857	SEQ ID NO:19869

【図４９－３３３】

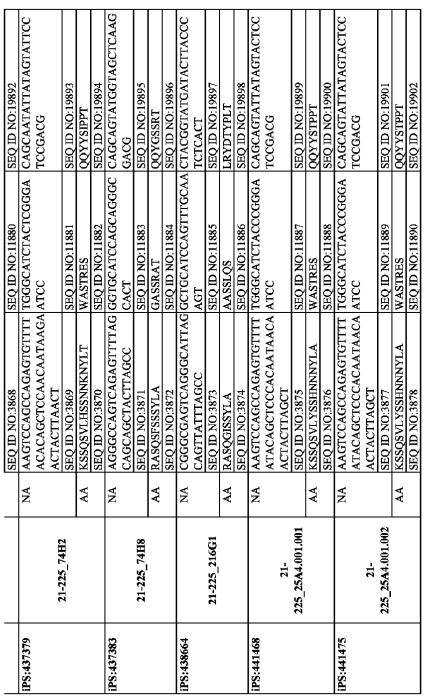


391/4125

FIGURE 49

iPS:437334	21-225_75F11	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG CAGAAATTTAGCC	GGTGCATCCATCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCC TCCGCTCACT
		AA	RASQSVSRNLA	GASIRAT	QQYNNWPPLT
iPS:437340	21-225_75G9	NA	AGGGCCAGTCCGAGTGTTGA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CCCT	CAGCAGTATGAAAGTTCACC GTGGACG
		AA	RASPSVDSSYLA	GASSRAP	QQYESSPWT
iPS:437344	21-225_75G12	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGGC CACT	CAGCACTATGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRAT	QHYDNSPWT
iPS:437346	21-225_75H7	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATAA AAGT	GATGCATCCAGTTTGCA GAATGATTTAGGC	ATACAGCATAGTAATTACCC GCTCACT
		AA	RASQGIRNDLG	DASSLQS	IQHSNTPLT
iPS:437350	21-225_74A3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTTA CAGCAGCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCCGGTC CACT	CAGCACTCTGATAACTCACC GTGGACG
		AA	RASQSVYSSYLA	GASSRST	QHYDNSPWT
iPS:437356	21 225 74B1	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGGTCCACAATTACA ACTACTTAGCG	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC GTTCACT
			SEQ ID NO:3844	SEQ ID NO:11856	SEQ ID NO:19868

【図４９－３３４】



392/4125

FIGURE 49

iPS:437379	21-225_74H2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATAAGA ACTACTTAACT	TGGGCATCTACTCGGGA ATCC	SEQ ID NO:19892 CAGCAATATTATAGTATTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLHSSNNKNYLT	WASTRES	SEQ ID NO:19893
iPS:437383	21-225_74H8	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ACACAGCTCCAACAATTACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:19892 CAGCAATATTATAGTACTCC TCCGACG
		AA	RASQSFSSSYLA	GASSRAT	QQYGSSRT
iPS:438664	21-225_216G1	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA TCTCACT	CTACGGTATGATACTTACCC GTGGACG
		AA	RASQGISSYLA	AASSLQS	LRYDTYPLT
iPS:441468	21-225_25A4.001.001	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:19898 CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLYSSHNNNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:19899
			KSSQSVLYSSHNNNYLA	QQYYSTPPT	
iPS:441475	21-225_25A4.001.002	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTACTTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	SEQ ID NO:19900 CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
		AA	KSSQSVLYSSHNNNYLA	WASTRES	SEQ ID NO:19901
			KSSQSVLYSSHNNNYLA	QQYYSTPPT	

10

20

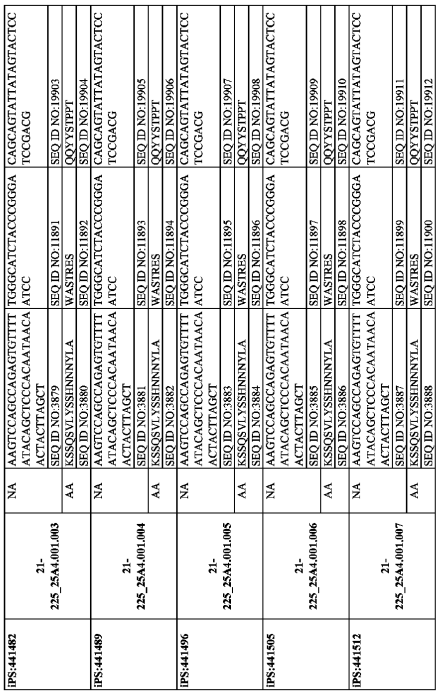
30

40

50

【図４９－３３５】

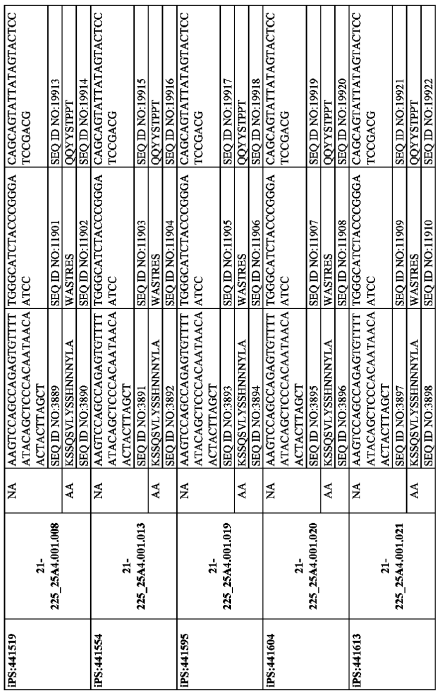
FIGURE 49



IPS:441482	21-225_25A4.001.003	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3879	SEQ ID NO:11891	SEQ ID NO:19903
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3880	SEQ ID NO:11892	SEQ ID NO:19904
IPS:441489	21-225_25A4.001.004	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3881	SEQ ID NO:11893	SEQ ID NO:19905
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3882	SEQ ID NO:11894	SEQ ID NO:19906
IPS:441496	21-225_25A4.001.005	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3883	SEQ ID NO:11895	SEQ ID NO:19907
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3884	SEQ ID NO:11896	SEQ ID NO:19908
IPS:441505	21-225_25A4.001.006	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3885	SEQ ID NO:11897	SEQ ID NO:19909
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3886	SEQ ID NO:11898	SEQ ID NO:19910
IPS:441512	21-225_25A4.001.007	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3887	SEQ ID NO:11899	SEQ ID NO:19911
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3888	SEQ ID NO:11900	SEQ ID NO:19912

【図４９－３３６】

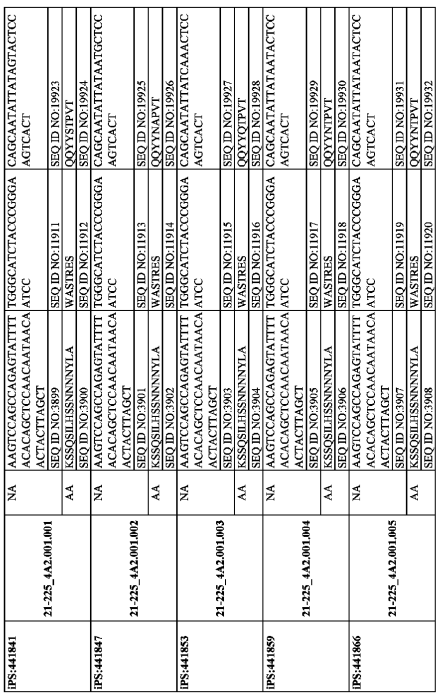
FIGURE 49



IPS:441519	21-225_25A4.001.008	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3889	SEQ ID NO:11901	SEQ ID NO:19913
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3890	SEQ ID NO:11902	SEQ ID NO:19914
IPS:441554	21-225_25A4.001.013	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3891	SEQ ID NO:11903	SEQ ID NO:19915
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3892	SEQ ID NO:11904	SEQ ID NO:19916
IPS:441595	21-225_25A4.001.019	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3893	SEQ ID NO:11905	SEQ ID NO:19917
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3894	SEQ ID NO:11906	SEQ ID NO:19918
IPS:441604	21-225_25A4.001.020	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3895	SEQ ID NO:11907	SEQ ID NO:19919
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3896	SEQ ID NO:11908	SEQ ID NO:19920
IPS:441613	21-225_25A4.001.021	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATACAGCTCCCACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAGTATTATAGTACTCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3897	SEQ ID NO:11909	SEQ ID NO:19921
		AA	KSSQSVLYSSINNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
			SEQ ID NO:3898	SEQ ID NO:11910	SEQ ID NO:19922

【図４９－３３７】

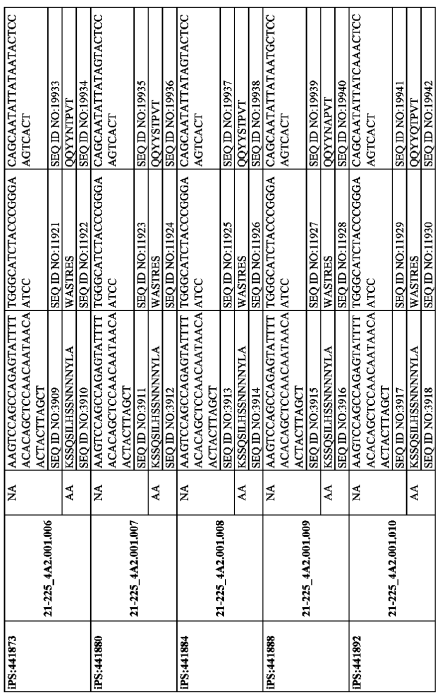
FIGURE 49



IPS:441841	21-225_4A2.001.001	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3899	SEQ ID NO:11911	SEQ ID NO:19923
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPVT
			SEQ ID NO:3900	SEQ ID NO:11912	SEQ ID NO:19924
IPS:441847	21-225_4A2.001.002	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3901	SEQ ID NO:11913	SEQ ID NO:19925
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNAPVT
			SEQ ID NO:3902	SEQ ID NO:11914	SEQ ID NO:19926
IPS:441853	21-225_4A2.001.003	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATCAAACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3903	SEQ ID NO:11915	SEQ ID NO:19927
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYQTPVT
			SEQ ID NO:3904	SEQ ID NO:11916	SEQ ID NO:19928
IPS:441859	21-225_4A2.001.004	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3905	SEQ ID NO:11917	SEQ ID NO:19929
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNTPVT
			SEQ ID NO:3906	SEQ ID NO:11918	SEQ ID NO:19930
IPS:441866	21-225_4A2.001.005	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3907	SEQ ID NO:11919	SEQ ID NO:19931
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNTPVT
			SEQ ID NO:3908	SEQ ID NO:11920	SEQ ID NO:19932

【図４９－３３８】

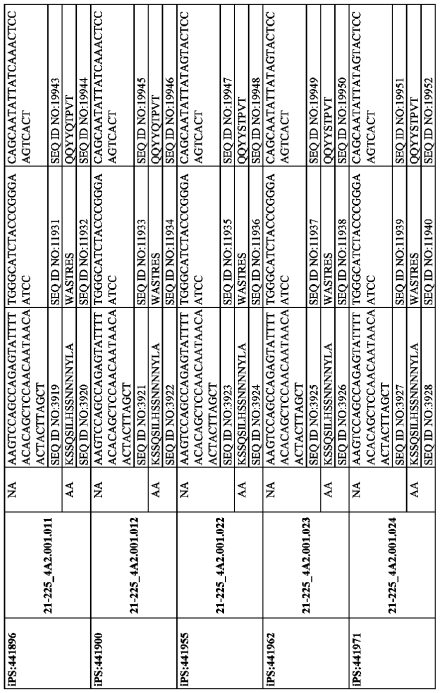
FIGURE 49



IPS:441873	21-225_4A2.001.006	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3909	SEQ ID NO:11921	SEQ ID NO:19933
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNTPVT
			SEQ ID NO:3910	SEQ ID NO:11922	SEQ ID NO:19934
IPS:441880	21-225_4A2.001.007	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3911	SEQ ID NO:11923	SEQ ID NO:19935
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPVT
			SEQ ID NO:3912	SEQ ID NO:11924	SEQ ID NO:19936
IPS:441884	21-225_4A2.001.008	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3913	SEQ ID NO:11925	SEQ ID NO:19937
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPVT
			SEQ ID NO:3914	SEQ ID NO:11926	SEQ ID NO:19938
IPS:441888	21-225_4A2.001.009	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATGCTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3915	SEQ ID NO:11927	SEQ ID NO:19939
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNAPVT
			SEQ ID NO:3916	SEQ ID NO:11928	SEQ ID NO:19940
IPS:441892	21-225_4A2.001.010	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA ACTCATTAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATCAAACTCC AGTCACT
			SEQ ID NO:3917	SEQ ID NO:11929	SEQ ID NO:19941
		AA	KSSQSILYSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYQTPVT
			SEQ ID NO:3918	SEQ ID NO:11930	SEQ ID NO:19942

【図４９－３３９】

FIGURE 49



IPS:441896	21-225_4A2.001.011	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATCAAACTCC AGTCACT
		AA	ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:11931	SEQ ID NO:19943
			KSSQSILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYQTPVT
		AA	SEQ ID NO:11932	SEQ ID NO:11944	SEQ ID NO:19944
IPS:441900	21-225_4A2.001.012	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATCAAACTCC AGTCACT
			ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:11933	SEQ ID NO:19945
		AA	KSSQSILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYQTPVT
			SEQ ID NO:11934	SEQ ID NO:11946	SEQ ID NO:19946
IPS:441955	21-225_4A2.001.022	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:11935	SEQ ID NO:19947
		AA	KSSQSILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPVT
			SEQ ID NO:11936	SEQ ID NO:11948	SEQ ID NO:19948
IPS:441962	21-225_4A2.001.023	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:11937	SEQ ID NO:19949
		AA	KSSQSILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPVT
			SEQ ID NO:11938	SEQ ID NO:11950	SEQ ID NO:19950
IPS:441971	21-225_4A2.001.024	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:11939	SEQ ID NO:19951
		AA	KSSQSILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPVT
			SEQ ID NO:11940	SEQ ID NO:11952	SEQ ID NO:19952

【図４９－３４０】

FIGURE 49

IPS:441999	21-225_4A2.001.028	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:11941	SEQ ID NO:19953
		AA	KSSQSILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPVT
			SEQ ID NO:11942	SEQ ID NO:11954	SEQ ID NO:19954
IPS:442006	21-225_4A2.001.029	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAGTACTCC AGTCACT
			ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:11943	SEQ ID NO:19955
		AA	KSSQSILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPVT
			SEQ ID NO:11944	SEQ ID NO:11956	SEQ ID NO:19956
IPS:442020	21-225_4H6.004	NA	AAGTCCAGCCAGAGTATTTT ACACAGCTCCAACAATAACA	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAGCAATATTATAATACTCC AGTCACT
			ACTACTTAGCT	SEQ ID NO:11945	SEQ ID NO:19957
		AA	KSSQSILHSSNNNNYLA	WASTRES	QQYYNTPVT
			SEQ ID NO:11946	SEQ ID NO:11958	SEQ ID NO:19958
IPS:442050	21-225_4H6.005	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:11947	SEQ ID NO:19959	
		AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:11948	SEQ ID NO:11960	
IPS:442059	21-225_4H6.005	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:11949	SEQ ID NO:19961	
		AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:11950	SEQ ID NO:19962	
IPS:442065		NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT

【図４９－３４１】

FIGURE 49

	21-225_4H6.006		SEQ ID NO:3939	SEQ ID NO:11951	SEQ ID NO:19963
		AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:3940	SEQ ID NO:11952	SEQ ID NO:19964
IPS:442071	21-225_4H6.007	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3941	SEQ ID NO:11953	SEQ ID NO:19965
		AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:3942	SEQ ID NO:11954	SEQ ID NO:19966
IPS:442078	21-225_4H6.008	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3943	SEQ ID NO:11955	SEQ ID NO:19967
		AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:3944	SEQ ID NO:11956	SEQ ID NO:19968
IPS:442085	21-225_4H6.009	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3945	SEQ ID NO:11957	SEQ ID NO:19969
		AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:3946	SEQ ID NO:11958	SEQ ID NO:19970
IPS:442089	21-225_4H6.010	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3947	SEQ ID NO:11959	SEQ ID NO:19971
		AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:3948	SEQ ID NO:11960	SEQ ID NO:19972
IPS:442093	21-225_4H6.011	NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG CAGGTGGTTAGCC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGGCTAACAGTTTCCC ATTCACT
			SEQ ID NO:3949	SEQ ID NO:11961	SEQ ID NO:19973
		AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSPPFT
			SEQ ID NO:3950	SEQ ID NO:11962	SEQ ID NO:19974
IPS:442115		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG

【図４９－３４２】

FIGURE 49

	21-225_5E5.003		SEQ ID NO:3951	SEQ ID NO:11963	SEQ ID NO:19975
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3952	SEQ ID NO:11964	SEQ ID NO:19976
IPS:442122	21-225_5E5.004	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3953	SEQ ID NO:11965	SEQ ID NO:19977
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
IPS:442129	21-225_5E5.005	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3955	SEQ ID NO:11967	SEQ ID NO:19979
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3956	SEQ ID NO:11968	SEQ ID NO:19980
IPS:442136	21-225_5E5.006	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3957	SEQ ID NO:11969	SEQ ID NO:19981
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3958	SEQ ID NO:11970	SEQ ID NO:19982
IPS:442171	21-225_5E5.011	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3959	SEQ ID NO:11971	SEQ ID NO:19983
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3960	SEQ ID NO:11972	SEQ ID NO:19984
IPS:442178	21-225_5E5.012	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG
			SEQ ID NO:3961	SEQ ID NO:11973	SEQ ID NO:19985
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3962	SEQ ID NO:11974	SEQ ID NO:19986
IPS:442199		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCCGACG

10

20

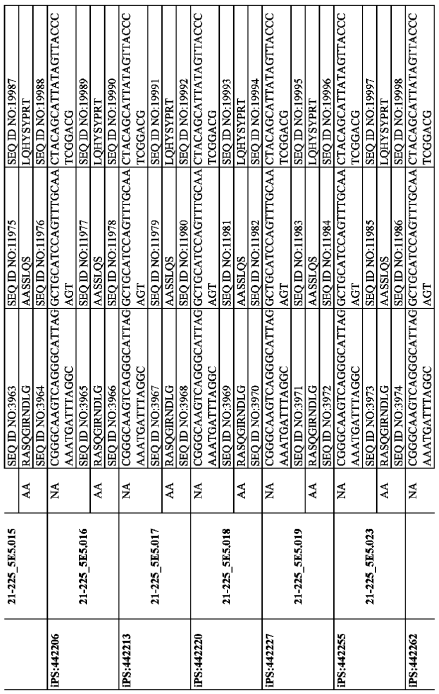
30

40

50

【図４９－３４３】

FIGURE 49



	21-225_5E5.015		SEQ ID NO:3963	SEQ ID NO:11975	SEQ ID NO:19987
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3964	SEQ ID NO:11976	SEQ ID NO:19988
iPS:442206		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AGT	GCTGCATCCAGTTTGCAA	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
	21-225_5E5.016		SEQ ID NO:3965	SEQ ID NO:11977	SEQ ID NO:19989
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3966	SEQ ID NO:11978	SEQ ID NO:19990
iPS:442213		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
	21-225_5E5.017		SEQ ID NO:3967	SEQ ID NO:11979	SEQ ID NO:19991
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3968	SEQ ID NO:11980	SEQ ID NO:19992
iPS:442220		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
	21-225_5E5.018		SEQ ID NO:3969	SEQ ID NO:11981	SEQ ID NO:19993
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3970	SEQ ID NO:11982	SEQ ID NO:19994
iPS:442227		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
	21-225_5E5.019		SEQ ID NO:3971	SEQ ID NO:11983	SEQ ID NO:19995
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3972	SEQ ID NO:11984	SEQ ID NO:19996
iPS:442255		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
	21-225_5E5.023		SEQ ID NO:3973	SEQ ID NO:11985	SEQ ID NO:19997
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3974	SEQ ID NO:11986	SEQ ID NO:19998
iPS:442262		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG

【図４９－３４４】

FIGURE 49

	21-225_5E5.024		SEQ ID NO:3975	SEQ ID NO:11987	SEQ ID NO:19999
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3976	SEQ ID NO:11988	SEQ ID NO:20000
iPS:442269		NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG AAATGATTTAGGC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATTATAGTTACCC TCGGACG
	21-225_5E5.025		SEQ ID NO:3977	SEQ ID NO:11989	SEQ ID NO:20001
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS	LQHYSYPRT
			SEQ ID NO:3978	SEQ ID NO:11990	SEQ ID NO:20002
iPS:442311		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.001		SEQ ID NO:3979	SEQ ID NO:11991	SEQ ID NO:20003
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3980	SEQ ID NO:11992	SEQ ID NO:20004
iPS:442317		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.002		SEQ ID NO:3981	SEQ ID NO:11993	SEQ ID NO:20005
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3982	SEQ ID NO:11994	SEQ ID NO:20006
iPS:442323		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.003		SEQ ID NO:3983	SEQ ID NO:11995	SEQ ID NO:20007
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3984	SEQ ID NO:11996	SEQ ID NO:20008
iPS:442330		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.004		SEQ ID NO:3985	SEQ ID NO:11997	SEQ ID NO:20009
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3986	SEQ ID NO:11998	SEQ ID NO:20010
iPS:442337		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT

【図４９－３４５】

FIGURE 49

	21-225_7E11.001.005		SEQ ID NO:3987	SEQ ID NO:11999	SEQ ID NO:20011
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3988	SEQ ID NO:12000	SEQ ID NO:20012
iPS:442344		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.006		SEQ ID NO:3989	SEQ ID NO:12001	SEQ ID NO:20013
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3990	SEQ ID NO:12002	SEQ ID NO:20014
iPS:442351		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.007		SEQ ID NO:3991	SEQ ID NO:12003	SEQ ID NO:20015
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3992	SEQ ID NO:12004	SEQ ID NO:20016
iPS:442358		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.008		SEQ ID NO:3993	SEQ ID NO:12005	SEQ ID NO:20017
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3994	SEQ ID NO:12006	SEQ ID NO:20018
iPS:442365		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.009		SEQ ID NO:3995	SEQ ID NO:12007	SEQ ID NO:20019
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3996	SEQ ID NO:12008	SEQ ID NO:20020
iPS:442372		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.010		SEQ ID NO:3997	SEQ ID NO:12009	SEQ ID NO:20021
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:3998	SEQ ID NO:12010	SEQ ID NO:20022
iPS:442379		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT

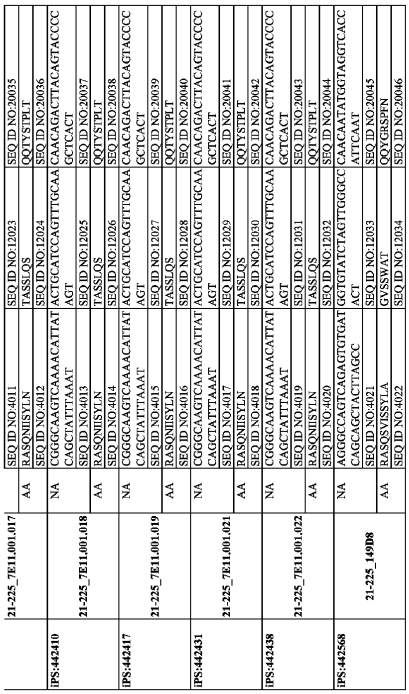
【図４９－３４６】

FIGURE 49

	21-225_7E11.001.011		SEQ ID NO:3999	SEQ ID NO:12011	SEQ ID NO:20023
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:4000	SEQ ID NO:12012	SEQ ID NO:20024
iPS:442386		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.012		SEQ ID NO:4001	SEQ ID NO:12013	SEQ ID NO:20025
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:4002	SEQ ID NO:12014	SEQ ID NO:20026
iPS:442390		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.013		SEQ ID NO:4003	SEQ ID NO:12015	SEQ ID NO:20027
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:4004	SEQ ID NO:12016	SEQ ID NO:20028
iPS:442394		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.014		SEQ ID NO:4005	SEQ ID NO:12017	SEQ ID NO:20029
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:4006	SEQ ID NO:12018	SEQ ID NO:20030
iPS:442398		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.015		SEQ ID NO:4007	SEQ ID NO:12019	SEQ ID NO:20031
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:4008	SEQ ID NO:12020	SEQ ID NO:20032
iPS:442402		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT
	21-225_7E11.001.016		SEQ ID NO:4009	SEQ ID NO:12021	SEQ ID NO:20033
		AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
			SEQ ID NO:4010	SEQ ID NO:12022	SEQ ID NO:20034
iPS:442406		NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT CAGCTATTTAAAT	ACTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTTACAGTACCCC GCTCACT

【図４９－３４７】

FIGURE 49



	21-225_7E11.001.017			SEQ ID NO:4011	SEQ ID NO:12023	SEQ ID NO:20035
			AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
iPS:442410				SEQ ID NO:4012	SEQ ID NO:12024	SEQ ID NO:20036
			NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTTACAGTACCCC
				CAGCTATTTAAAAT	AGT	GCTCACT
	21-225_7E11.001.018			SEQ ID NO:4013	SEQ ID NO:12025	SEQ ID NO:20037
			AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
				SEQ ID NO:4014	SEQ ID NO:12026	SEQ ID NO:20038
iPS:442417			NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTTACAGTACCCC
				CAGCTATTTAAAAT	AGT	GCTCACT
	21-225_7E11.001.019			SEQ ID NO:4015	SEQ ID NO:12027	SEQ ID NO:20039
			AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
				SEQ ID NO:4016	SEQ ID NO:12028	SEQ ID NO:20040
iPS:442431			NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTTACAGTACCCC
				CAGCTATTTAAAAT	AGT	GCTCACT
	21-225_7E11.001.021			SEQ ID NO:4017	SEQ ID NO:12029	SEQ ID NO:20041
			AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
				SEQ ID NO:4018	SEQ ID NO:12030	SEQ ID NO:20042
iPS:442438			NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTTACAGTACCCC
				CAGCTATTTAAAAT	AGT	GCTCACT
	21-225_7E11.001.022			SEQ ID NO:4019	SEQ ID NO:12031	SEQ ID NO:20043
			AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
				SEQ ID NO:4020	SEQ ID NO:12032	SEQ ID NO:20044
iPS:442568			NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTGAT	GGTGTATCTAGTTGGGCCC	CAACAATATGGTAGGTCACC
				CAGCAGCTACTTAGGCC	ACT	ATTCAAT
	21-225_149D8			SEQ ID NO:4021	SEQ ID NO:12033	SEQ ID NO:20045
			AA	RASQSVISSYLA	GVSSWAT	QQYGRSPFN
				SEQ ID NO:4022	SEQ ID NO:12034	SEQ ID NO:20046

【図４９－３４８】

FIGURE 49

iPS:443003			NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACAT	GGTAACAGCAATCGGCC	CAGTCCTATGACAACAGCCT
				CGGGGCAGGTTATGTACAC	CTCA	GAGTGGTTCGGTA
	21-225_43F11_LC2			AC		
			AA	SEQ ID NO:4023	SEQ ID NO:12035	SEQ ID NO:20047
				TGSSSNIGAGVDVH	GNSNRPS	QSYDNSLSGSV
			NA	SEQ ID NO:4024	SEQ ID NO:12036	SEQ ID NO:20048
iPS:443005				AGGTCTAGTCAAAGCCTCGT	AAGGTTCTAACTGGGA	ATGCAAGGTACACACTGGCC
	21-225_43F11_LC1			ATACAGTGATGGAAACACCT	CTCT	GCTCACT
				ACTTGAAT		
			AA	SEQ ID NO:4025	SEQ ID NO:12037	SEQ ID NO:20049
				RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS	MQGTHWPLT
				SEQ ID NO:4026	SEQ ID NO:12038	SEQ ID NO:20050
iPS:443006			NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAGTATTATAGTACTCC
				ATACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCGACG
	21-225_25A4.001.029			ACTACTTAGCT		
			AA	SEQ ID NO:4027	SEQ ID NO:12039	SEQ ID NO:20051
				KSSQSVLYSSHNNNYLA	WASTRES	QQYYSTPPT
				SEQ ID NO:4028	SEQ ID NO:12040	SEQ ID NO:20052
iPS:443016			NA	CGGGCGAGTCAGGGTATTAG	GGTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGGCTAACAGTTTCCC
				CAGGTGGTTAGCC	AAGT	ATTCACT
	21-225_4H6.014			SEQ ID NO:4029	SEQ ID NO:12041	SEQ ID NO:20053
			AA	RASQGISRWLA	GASSLQS	QQANSFPFT
				SEQ ID NO:4030	SEQ ID NO:12042	SEQ ID NO:20054
iPS:443027			NA	CGGGCAAGTCAAAACATTAT	ACTGCATCCAGTTTGCAAA	CAACAGACTTACAGTACCCC
				CAGCTATTTAAAT	AGT	GCTCACT
	21-225_7E11.001.023			SEQ ID NO:4031	SEQ ID NO:12043	SEQ ID NO:20055
			AA	RASQNIISYLN	TASSLQS	QQTYSTPLT
				SEQ ID NO:4032	SEQ ID NO:12044	SEQ ID NO:20056

【図４９－３４９】

FIGURE 49

iPS:446086			NA	AAGTCCAGACAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA	CAGCAATATTATAGTTCTCC
				ATACAGCTCCAACAATTACA	ATCC	TCCTACT
	21-225_94D8			ACTACTTAACT		
				SEQ ID NO:4033	SEQ ID NO:12045	SEQ ID NO:20057
			AA	KSRQSVLYSSNNYNYLT	WASTRES	QQYYSSPPT
				SEQ ID NO:4034	SEQ ID NO:12046	SEQ ID NO:20058
iPS:446094			NA	AAGTCCAGCCAGACTGTCTT	TGGACATCTACCCGGGA	CACCAATATCTTAGTAGTCC
				ACACAGCTCCAACAATTATA	ATCC	TCTGACG
	21-225_77E1			ACTACTTAGCT		
				SEQ ID NO:4035	SEQ ID NO:12047	SEQ ID NO:20059
			AA	KSSQTVLHSSNNYNYLA	WTSTRES	HQYLSSPLT
				SEQ ID NO:4036	SEQ ID NO:12048	SEQ ID NO:20060
iPS:448904			NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	GGTGCATCCACCAGGGC	CAGCAGTATAATACCTGGCC
				CATCAACTTAGCC	CACT	TCTCACT
	21-225_65C12			SEQ ID NO:4037	SEQ ID NO:12049	SEQ ID NO:20061
			AA	RASQSVSINLA	GASTRAT	QQYNTWPLT
				SEQ ID NO:4038	SEQ ID NO:12050	SEQ ID NO:20062
iPS:448906			NA	CGGGCAAGTCAGAGCATTAC	ACTGCATCCAGTTTGCAA	CAACAGAGTCACAGTTTCCC
				CAGCTATTTAAAT	AGT	ATTCACT
	21-225_72C9			SEQ ID NO:4039	SEQ ID NO:12051	SEQ ID NO:20063
			AA	RASQSITSYLN	TASSLQS	QQSHSPPFT
				SEQ ID NO:4040	SEQ ID NO:12052	SEQ ID NO:20064
iPS:448908			NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGCAAGCGGCC	CAGCCGCGGAACAGCCGCAG
				TAAATATGCTTGC	CTCA	AGGGGTA
	21-225_50G9			SEQ ID NO:4041	SEQ ID NO:12053	SEQ ID NO:20065
			AA	SGDKLGDKYAC	QDSKRPS	QARNSRRGV
				SEQ ID NO:4042	SEQ ID NO:12054	SEQ ID NO:20066
iPS:451102			NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGA	CAAGATAGTAAGCGGCC	CAGCGCGTGGGACAACAGAAC
				TAAATATGCTTCC	CTCA	TATGGTA
	21-225_45F6			SEQ ID NO:4043	SEQ ID NO:12055	SEQ ID NO:20067

【図４９－３５０】

FIGURE 49

		AA	SGDKLGDKYAS	QDSKRPS	QAWDNRTMV	
			SEQ ID NO:4044	SEQ ID NO:12056	SEQ ID NO:20068	
iPS:451104		NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACAT	AGTAATGATCAGCGGCC	ACAGCATGGGATGACAGCCT	
	21-225_49C5		CGGAAGTAATATTGTGACC	CTCA	GAATGGTTGGGTG	
			SEQ ID NO:4045	SEQ ID NO:12057	SEQ ID NO:20069	
		AA	SGSSSNIGSNIVT	SNDQRPS	TAWDDSLNGWV	
			SEQ ID NO:4046	SEQ ID NO:12058	SEQ ID NO:20070	
iPS:451106		NA	TCTGGAAGCAACTCCAACAT	AGTAATGATCAGCGGCC	GCAGCATGGGATGACAGCCT	
	21-225_49D10		CGGAAGTAATATTGTAACC	CTCA	GAATGGTTGGGTG	
			SEQ ID NO:4047	SEQ ID NO:12059	SEQ ID NO:20071	
		AA	SGSNNIGSNIVT	SNDQRPS	AAWDDSLNGWV	
			SEQ ID NO:4048	SEQ ID NO:12060	SEQ ID NO:20072	
iPS:451108		NA	TCTGGAAGCTCTCCAACAT	AGTAATGATCAGCGGCC	ACAGCATGGGATGACAGCCT	
	21-225_53B8		CGGAAGTAATATTGTGACC	CTCA	GAATGATTGGGTG	
			SEQ ID NO:4049	SEQ ID NO:12061	SEQ ID NO:20073	
		AA	SGSCSNIGSNIVT	SNDQRPS	TAWDDSLNDWV	
			SEQ ID NO:4050	SEQ ID NO:12062	SEQ ID NO:20074	
iPS:451110		NA	TCAGGAGATAAATCGGGGA	CAAGATAACAGGCGGCC	CAGCGCGTGGGACAGCACCCC	
	21-225_74C9		ATAAATATGTTTCC	GTCA	TCTGATA	
			SEQ ID NO:4051	SEQ ID NO:12063	SEQ ID NO:20075	
		AA	SGDKSGNKYVS	QDNRRPS	QAWDSTPVI	
			SEQ ID NO:4052	SEQ ID NO:12064	SEQ ID NO:20076	
iPS:451112		NA	TCTGGAGATAAATTGGGGAA	CAAGATCGGCAAGCGGCC	CAGGCGTGGGACAGCAGCAC	
	21-225_53D10		TAAATATGCTTGC	CTCA	TCTGGTA	
			SEQ ID NO:4053	SEQ ID NO:12065	SEQ ID NO:20077	
		AA	SGDKLGNKYAC	QDRKRPS	QAWDSSTVV	
			SEQ ID NO:4054	SEQ ID NO:12066	SEQ ID NO:20078	

【図４９－３５１】

FIGURE 49

iPS:451114	21-225_159A3	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA
			AAAGGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:4055	SEQ ID NO:12067
		AA	RASQDHRKDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:4056	SEQ ID NO:12068
iPS:451116	21-225_164A4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TGGGCATCTACCCGGGA
			ATACAGCTCCAACAATAAGA	ATCC
			ACTACTTAACT	
		AA	KSSQSVLYSSNNKNYLT	WASTRES
			SEQ ID NO:4057	SEQ ID NO:12069
iPS:451118	21-225_191C8	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTCG	GGTGCATCCACCAGGGC
			CAGTAACTTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:4059	SEQ ID NO:12071
		AA	RASQSVRSNLA	GASTRAT
			SEQ ID NO:4060	SEQ ID NO:12072
iPS:451120	21-225_197D3	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAAA
			AAATTATTTAGCC	AGT
			SEQ ID NO:4061	SEQ ID NO:12073
		AA	RASQGIRNYLA	AASSLQS
			SEQ ID NO:4062	SEQ ID NO:12074
iPS:451122	21-225_200A1	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAAA	GGGGCATCCAGCAGGGC
			CAGCAACTATTTAGCC	CACT
			SEQ ID NO:4063	SEQ ID NO:12075
		AA	RASQSVNSNYLA	GASSRAT
			SEQ ID NO:4064	SEQ ID NO:12076
iPS:451124	21-225_74F6	NA	AAGTCCAGTCAGAATATTTT	TGGACATCTACCCGGGA
			ATCCAGCTCCAACAATAAGA	ATCC
			ACTACTTAACT	
			SEQ ID NO:4065	SEQ ID NO:12077

	AA	KSSQNILSSNNKNYLT	WTSTRES
		SEQ ID NO:4066	SEQ ID NO:12078
iPS:451127	21-225_164A7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ACACAGCTCCAACAATAACA
			ACTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA
			SEQ ID NO:4068
iPS:451129	21-225_94D2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ACACAGCTCCAACAATAAGA
			ACTACTTAACT
		AA	KSSQSVLHSSNNKNYLT
			SEQ ID NO:4069
iPS:451131	21-225_160A7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAACTCCCACAATAACA
			ACTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLSNSHNNNYLA
			SEQ ID NO:4071
iPS:451133	21-225_95H4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATTCCAGCTCCAACAATTATA
			ATTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLFSSNNYNYLA
			SEQ ID NO:4073
iPS:437240	21-225_84H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG
			AAATTGATTTAGGC
			SEQ ID NO:4075
		AA	RASQGIRNDLG

	AA	KSSQNILSSNNKNYLT	WTSTRES
		SEQ ID NO:4066	SEQ ID NO:12078
iPS:451127	21-225_164A7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ACACAGCTCCAACAATAACA
			ACTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA
			SEQ ID NO:4068
iPS:451129	21-225_94D2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ACACAGCTCCAACAATAAGA
			ACTACTTAACT
		AA	KSSQSVLHSSNNKNYLT
			SEQ ID NO:4069
iPS:451131	21-225_160A7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAACTCCCACAATAACA
			ACTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLSNSHNNNYLA
			SEQ ID NO:4071
iPS:451133	21-225_95H4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATTCCAGCTCCAACAATTATA
			ATTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLFSSNNYNYLA
			SEQ ID NO:4073
iPS:437240	21-225_84H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG
			AAATTGATTTAGGC
			SEQ ID NO:4075
		AA	RASQGIRNDLG

	AA	KSSQNILSSNNKNYLT	WTSTRES
		SEQ ID NO:4066	SEQ ID NO:12078
iPS:451127	21-225_164A7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ACACAGCTCCAACAATAACA
			ACTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA
			SEQ ID NO:4068
iPS:451129	21-225_94D2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ACACAGCTCCAACAATAAGA
			ACTACTTAACT
		AA	KSSQSVLHSSNNKNYLT
			SEQ ID NO:4069
iPS:451131	21-225_160A7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAACTCCCACAATAACA
			ACTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLSNSHNNNYLA
			SEQ ID NO:4071
iPS:451133	21-225_95H4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATTCCAGCTCCAACAATTATA
			ATTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLFSSNNYNYLA
			SEQ ID NO:4073
iPS:437240	21-225_84H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG
			AAATTGATTTAGGC
			SEQ ID NO:4075
		AA	RASQGIRNDLG

【図４９－３５２】

FIGURE 49

iPS:451114	21-225_159A3	NA	CTACAGCATCATAGTTATCC
			TCGGACG
			SEQ ID NO:20079
		AA	LQHIHSYPRT
			SEQ ID NO:20080
iPS:451116	21-225_164A4	NA	CAGCAATATTTAGTACTCC
			GTGGACG
			SEQ ID NO:20081
		AA	QQYFSTPWT
			SEQ ID NO:20082
iPS:451118	21-225_191C8	NA	CAGCAGTCTTTTACCTGGCT
			CCGGACG
			SEQ ID NO:20083
		AA	QQSFTWLRT
			SEQ ID NO:20084
iPS:451120	21-225_197D3	NA	CAACATTATCTTACTTACCC
			GCTCACT
			SEQ ID NO:20085
		AA	QHYLTYPLT
			SEQ ID NO:20086
iPS:451122	21-225_200A1	NA	CAGCAGTATGAGATCTCACC
			GTGGACG
			SEQ ID NO:20087
		AA	QQYHSPPT
			SEQ ID NO:20088
iPS:451124	21-225_74F6	NA	CAGCAATATTTTAGTGTTCCT
			CTGACG
			SEQ ID NO:20089

	AA	KSSQNILSSNNKNYLT	QQYFSVPLT
		SEQ ID NO:4066	SEQ ID NO:20090
iPS:451127	21-225_164A7	NA	CAGCAATATTAGTATTCC
			TCTGACG
			SEQ ID NO:20091
		AA	QQYYSIPLT
			SEQ ID NO:20092
iPS:451129	21-225_94D2	NA	CAGCAATCATAGTATTCC
			TCCGACG
			SEQ ID NO:20093
		AA	QQYHSIPPT
			SEQ ID NO:20094
iPS:451131	21-225_160A7	NA	CAGCAATATTAGTACTCC
			GTGCAGT
			SEQ ID NO:20095
		AA	QQYYSTPCS
			SEQ ID NO:20096
iPS:451133	21-225_95H4	NA	CAGCAATATCATAGTTCTCC
			TCTGACG
			SEQ ID NO:20097
		AA	QQYHSPLT
			SEQ ID NO:20098
iPS:437240	21-225_84H12	NA	TTACAGCATAATGATTACCC
			ATTCACT
			SEQ ID NO:20099
		AA	LQHINSYPPT

【図４９－３５３】

FIGURE 49

iPS:434577	21-225_75C11	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	ATTCACT
			SEQ ID NO:4077	SEQ ID NO:12089
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:4078	SEQ ID NO:12090
iPS:438477	21-225_154E8	NA	CGGGCGAGTCAGTTTATTAG	ACTGCATCCAGTTTGCAA
			CAGCTGGTTAGCC	AGT
			SEQ ID NO:4079	SEQ ID NO:12091
		AA	RASQFISSWLA	TASSLQS
			SEQ ID NO:4080	SEQ ID NO:12092
iPS:434553	21-225_76H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGATTGTTCG
			AAATGATTTAGGC	AAGT
			SEQ ID NO:4081	SEQ ID NO:12093
		AA	RASQGIRNDLG	AASRLQS
			SEQ ID NO:4082	SEQ ID NO:12094
iPS:434927	21-225_86E5	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			AAATGATTTAGGC	AGT
			SEQ ID NO:4083	SEQ ID NO:12095
		AA	RASQGIRNDLG	AASSLQS
			SEQ ID NO:4084	SEQ ID NO:12096
iPS:435385	21-225_149G7	NA	CGGGCGAGTCAGTTTATTAG	GCTGCATCCAGTTTGCAA
			CAGCTGGTTAGCC	AGT
			SEQ ID NO:4085	SEQ ID NO:12097
		AA	RASQFISSWLA	AASSLQS
			SEQ ID NO:4086	SEQ ID NO:12098

Table 2B

	AA	KSSQNILSSNNKNYLT	WTSTRES
		SEQ ID NO:4066	SEQ ID NO:12078
iPS:451127	21-225_164A7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ACACAGCTCCAACAATAACA
			ACTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLHSSNNNNYLA
			SEQ ID NO:4068
iPS:451129	21-225_94D2	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ACACAGCTCCAACAATAAGA
			ACTACTTAACT
		AA	KSSQSVLHSSNNKNYLT
			SEQ ID NO:4069
iPS:451131	21-225_160A7	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAACTCCCACAATAACA
			ACTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLSNSHNNNYLA
			SEQ ID NO:4071
iPS:451133	21-225_95H4	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATTCCAGCTCCAACAATTATA
			ATTACTTAGCT
		AA	KSSQSVLFSSNNYNYLA
			SEQ ID NO:4073
iPS:437240	21-225_84H12	NA	CGGGCAAGTCAGGGCATTAG
			AAATTGATTTAGGC
			SEQ ID NO:4075
		AA	RASQGIRNDLG

【図４９－３５４】

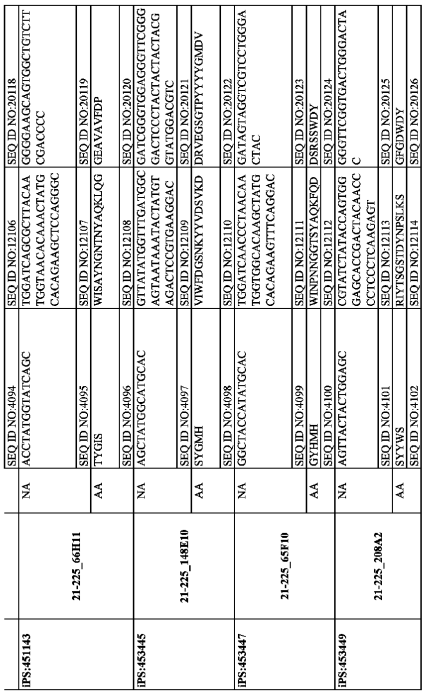
FIGURE 49

Standard IgG Antibody VH CDRs

iPS#	Ab	Type	CDR1	CDR2	CDR3
iPS:451135	21-225_64A11	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGTTGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGAGGAGCAGTGGCTCCGTA CTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:4087	SEQ ID NO:12099	SEQ ID NO:20111
		AA	NYGMH	VISYVGSNKYYADSVKG	RGAVAPYYGMDV
			SEQ ID NO:4088	SEQ ID NO:12100	SEQ ID NO:20112
iPS:451141	21-225_164B11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACATGTT TGACTAC
			SEQ ID NO:4089	SEQ ID NO:12101	SEQ ID NO:20113
		AA	NYDIN	WMTPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYMFDY
			SEQ ID NO:4090	SEQ ID NO:12102	SEQ ID NO:20114
iPS:451137	21-225_74A7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGGAACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:4091	SEQ ID NO:12103	SEQ ID NO:20115
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWNWFDP
			SEQ ID NO:4092	SEQ ID NO:12104	SEQ ID NO:20116
iPS:451139	21-225_71A6	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA AGTAATGAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCACAGATATGGGGTTCG GGGAGGCTTTGACTAC
			SEQ ID NO:4093	SEQ ID NO:12105	SEQ ID NO:20117
		AA	NYGMH	VISYDGSNEYYADSVKG	DHRYGVRGGFDY

【図４９－３５５】

FIGURE 49



IPS:451143	21-225_66H11	NA		SEQ ID NO:4094	SEQ ID NO:12106	TGGATCAGCGCTTACAA TGGTAACACAAACTATG CACAGAAGCTCCAGGGC	SEQ ID NO:20118 GCGGAAGCAGTGGCTGTCTT CGACCCC
		AA		SEQ ID NO:4095	SEQ ID NO:12107		SEQ ID NO:20119
			AA	TYGIS	WISAYNGNTNYAQKLQG		GEAVAVFDP
				SEQ ID NO:4096	SEQ ID NO:12108		SEQ ID NO:20120
IPS:453445	21-225_148E10	NA		AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGAC	GATCGGGTGGAGGGTTCGGG AGTAATAAATACTATGT AGACTCCGTGAAGGAC
		AA		SYGMH	VIWYDGSNKYYVDSVKD		DRVEGSGTPYYYYGMDV
				SEQ ID NO:4097	SEQ ID NO:12109		SEQ ID NO:20121
IPS:453447	21-225_65F10	NA		GGCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAA TGGTGGCACAAGCTATG CACAGAAGTTTCAGGAC	TGGATCAACCCTAACAA TGGTGGCACAAGCTATG CACAGAAGTTTCAGGAC	GATAGTAGGTCGTCCTGGGA CTAC
		AA		SYGMH	VIWYDGSNKYYVDSVKD		DRVEGSGTPYYYYGMDV
				SEQ ID NO:4098	SEQ ID NO:12110		SEQ ID NO:20122
IPS:453449	21-225_208A2	NA		AGTTACTACTGGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GAGCACCGACTACACAACC CCTCCCCTCAAGAGT	CGTATCTATACCAGTGG GAGCACCGACTACACAACC CCTCCCCTCAAGAGT	CGGTTTCGGTGACTGGGACTA C
		AA		SYYWS	RIYTSGSTDYNPSLKS		GFGDWDY
				SEQ ID NO:4102	SEQ ID NO:12114		SEQ ID NO:20126

【図４９－３５６】

FIGURE 49

IPS:453451	21-225_52G11	NA		GGCTACTATTTGCAC	TGGATCAACCCTAATAG AAATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GACGGTACCAGCAGCTTTGA CTAC	
		AA		GYYLH	WINPNRNGTNYAQKFQG		DGTSSFDY
				SEQ ID NO:4103	SEQ ID NO:12115		SEQ ID NO:20127
IPS:453453	21-225_53F2	NA		GGCTACTATTTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG AAATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GACGGTACCAGTAGCTTTGA CTAC	
		AA		GYYLH	WINPNRNGTNYAQNFQG		DGTSSFDY
				SEQ ID NO:4104	SEQ ID NO:12116		SEQ ID NO:20128
		NA		GGCTACTATTTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG	GACGGTACCAGTAGCTTTGA	
IPS:453453	21-225_53F2				AAATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	CTAC	
		AA		GYYLH	WINPNRNGTNYAQNFQG		DGTSSFDY
				SEQ ID NO:4105	SEQ ID NO:12117		SEQ ID NO:20129
IPS:468810	21-225_74D5	NA		GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGTGG AAGGACCAACTTCAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCCGGTATGGACGT C	
		AA		GCYWS	EINYSGRTNPNPSLKS		DYGGMDV
				SEQ ID NO:4107	SEQ ID NO:12119		SEQ ID NO:20131
				SEQ ID NO:4108	SEQ ID NO:12120		SEQ ID NO:20132
IPS:468812	21-225_48H4	NA		GACTCTCTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATA CAGACTCCGTTAAGGGC	GTACGGGTACGGTATGGACG TC	
		AA		DSLMH	VIWYDGSNKYYTDSVKG		EHYSSGWYGYGMDV
				SEQ ID NO:4109	SEQ ID NO:12121		SEQ ID NO:20133
				SEQ ID NO:4110	SEQ ID NO:12122		SEQ ID NO:20134

【図４９－３５７】

FIGURE 49

IPS:468816	21-225_52G8	NA		AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGAC	AGCGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCGGTATGGACGTC	
		AA		SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG		RYSSSWSGGMDV
				SEQ ID NO:4111	SEQ ID NO:12123	SEQ ID NO:20135	
IPS:468814	21-225_223D11	NA		AACTATGGCATGGAC	GTTATATGGTATGATGG CGATATGGACGTC	GATCGGGGGATCCGGGTACAA AAGTAATGACTACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	
		AA		NYGMD	VIWYDGSNDYYADSVKG	DRGIGYNDMDV	
				SEQ ID NO:4112	SEQ ID NO:12124	SEQ ID NO:20136	
				SEQ ID NO:4113	SEQ ID NO:12125	SEQ ID NO:20137	
				SEQ ID NO:4114	SEQ ID NO:12126	SEQ ID NO:20138	
IPS:468822	21-225_147E10	NA		AACTATGGCTTACAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCATTACGATTTTTGGAG TGGTCACTTTGACTAC	
		AA		NYGLH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DHYDFWSGHFDY	
				SEQ ID NO:4116	SEQ ID NO:12128	SEQ ID NO:20140	
IPS:468824	21-225_73G6	NA		AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA AGTAATAAATACTATGG AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGACTTCTGA CTAC	
		AA		SYGMH	VIWYDYSNKYYGDSVKG	EVGMFSDY	
				SEQ ID NO:4117	SEQ ID NO:12129	SEQ ID NO:20141	
				SEQ ID NO:4118	SEQ ID NO:12130	SEQ ID NO:20142	

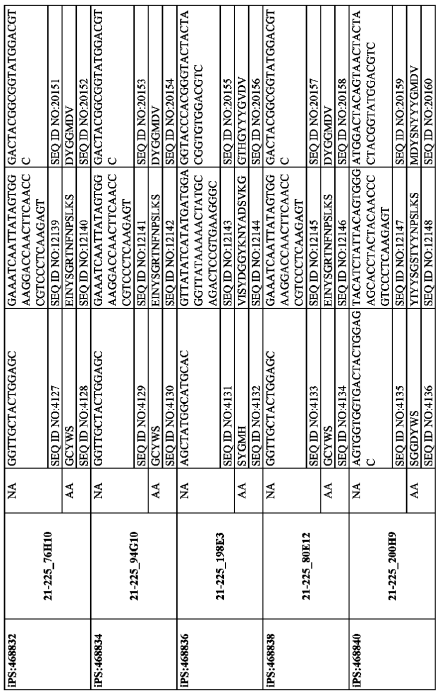
【図４９－３５８】

FIGURE 49

IPS:468818	21-225_190C8	NA		AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAAAAG GGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGAGACCCGTATAACTGGAA CTCCTACCGCTATGGACGTC	
		AA		SYDIN	WMNPKRGNTGYAQKFQG	GDPYNWNSYAMDV	
				SEQ ID NO:4119	SEQ ID NO:12131	SEQ ID NO:20143	
				SEQ ID NO:4120	SEQ ID NO:12132	SEQ ID NO:20144	
IPS:468826	21-225_201C5	NA		GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG TC	
		AA		DYVMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	ERYSSGLYDYGMDV	
				SEQ ID NO:4121	SEQ ID NO:12133	SEQ ID NO:20145	
IPS:468828	21-225_162A10	NA		AGCCTGTGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGG AAGCAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GACAAAAATATAATGGGAGA TACTTGGTTTTGACTTC	
		AA		SGDMH	AIWYDGSNKYYADSVKG	DKNIMGDTWFDF	
				SEQ ID NO:4123	SEQ ID NO:12135	SEQ ID NO:20147	
				SEQ ID NO:4124	SEQ ID NO:12136	SEQ ID NO:20148	
IPS:468830	21-225_191G11	NA		GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTTTG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGAAAGAAACTATGGCTCCTA CTTTGACTAC	
		AA		GYYMH	WINPNSGGTNPAQKFQG	GKNYGSYFDY	
				SEQ ID NO:4125	SEQ ID NO:12137	SEQ ID NO:20149	
				SEQ ID NO:4126	SEQ ID NO:12138	SEQ ID NO:20150	

【図４９－３５９】

FIGURE 49



iPS:468832	21-225_76H10	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGTGGAAGGACCAACTTCAACC
			SEQ ID NO:4127	CGTCCCTCAAGAGT
		AA	GCYWS	SEQ ID NO:20151
			SEQ ID NO:4128	EINYSGRTNFNPSLKS
			SEQ ID NO:12140	DYGGMDV
iPS:468834	21-225_94G10	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:20152
			SEQ ID NO:4129	GAAATCAATTATAGTGGAAGGACCAACTTCAACC
		AA	GCYWS	CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:4130	SEQ ID NO:20153
iPS:468836	21-225_71F3	NA	AGCTATGGCAATGCAC	EINYSGRTNFNPSLKS
			SEQ ID NO:4131	DYGGMDV
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:20154
			SEQ ID NO:4132	GGTTATATCATATGATGGAGGTTATAAAAACTATGCCGGTTGGACGTC
iPS:468838	21-225_80B12	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:20155
			SEQ ID NO:4133	VISYDGGYKNYADSVKG
		AA	GCYWS	GTHGYYYGYDV
			SEQ ID NO:4134	SEQ ID NO:20156
iPS:468840	21-225_20DB9	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGTGGAAGGACCAACTTCAACC
			SEQ ID NO:4135	CGTCCCTCAAGAGT
		AA	SGGDVWS	SEQ ID NO:20157
			SEQ ID NO:4136	EINYSGRTNFNPSLKS
				DYGGMDV
				SEQ ID NO:20158
				ATGGACTACAGTAACTACTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:20159
				YIYYSGSTYYNPSLKS
				MDYSNYYYGMDV
				SEQ ID NO:20160

【図４９－３６０】

FIGURE 49

iPS:468820	21-225_76E10	NA	GGTTCCTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGTGGAAGGACCAACTTCAACC
			SEQ ID NO:4137	CGTCCCTCAAGAGT
		AA	GSYWS	SEQ ID NO:20161
			SEQ ID NO:4138	EINYSGRTNFNPSLKS
iPS:468842	21-225_50H4	NA	AGCTATGTCATCATGCAC	DYGGMDV
			SEQ ID NO:4139	SEQ ID NO:20162
		AA	SYVMH	GCTATATGGTATGATGGAAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCTC
			SEQ ID NO:4140	SEQ ID NO:20163
iPS:468844	21-225_48E10	NA	AGCTATAACATGAAC	ELYSSNWYDYGMDV
			SEQ ID NO:4141	SEQ ID NO:20164
		AA	SYNMN	TCCATTAGTGGTAGTAGTAGTAGTTACATACTATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4142	SEQ ID NO:20165
iPS:468846	21-225_53B10	NA	AGCTATAGCAATGAAC	SLDL
			SEQ ID NO:4143	SEQ ID NO:20166
		AA	SYSMN	TCCATTAGTGGTAGTAGCAGTTACATACTATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4144	SEQ ID NO:20167
iPS:468848	21-225_54B1	NA	AGCTATGGCAATGAGC	VNSFDS
			SEQ ID NO:4145	SEQ ID NO:20168
				SEQ ID NO:20169
				GTTCCTTACGTGGTAGTAGTGGTGGATATATAGTGGGGTACTACTACTACGGTATGGACGTC

【図４９－３６１】

FIGURE 49

iPS:468850	21-225_63F4	AA	SYAMS	VLSGSGGSTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4146	SEQ ID NO:20170
		NA	AATTATGATGTCAAC	TGGATGCACCCTAACAG
				TGGTAACACAGGCTATG
				CACAGAAGTTCCGGGGC
			SEQ ID NO:4147	SEQ ID NO:20171
		AA	NYDVN	WMHPNSGNTGYAQKFRG
			SEQ ID NO:4148	SEQ ID NO:20172
iPS:468852	21-225_71F3	NA	AATTATGATGTCAAC	TGGATGCACCCTAACAG
				TGGTAACACAGGCTATG
				CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:4149	SEQ ID NO:20173
		AA	NYDVN	WMHPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:4150	SEQ ID NO:20174
iPS:468854	21-225_72C4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG
				TGGTAACACAGGCTATG
				CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:4151	SEQ ID NO:20175
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:4152	SEQ ID NO:20176
iPS:468856	21-225_77C9	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG	AGTATCTATTATAGTGGGAGCGCCTACTCCCAACCCGTCCCTCAAGAGT
			C	TGACTAC
			SEQ ID NO:4153	SEQ ID NO:20177
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSAYSNPSLKS
			SEQ ID NO:4154	SEQ ID NO:20178
				LDSNWGLDY
				SEQ ID NO:4166

【図４９－３６２】

FIGURE 49

iPS:468858	21-225_148C9	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4155	GTACGACTTACGGTTTGGACGTC
		AA	DYGMH	SEQ ID NO:20179
			SEQ ID NO:4156	VIWYDGSNKYYADSYKG
iPS:468860	21-225_224E7	NA	AGCTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:20180
			SEQ ID NO:4157	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC
		AA	SYVMH	TC
			SEQ ID NO:4158	SEQ ID NO:20181
iPS:468862	21-225_178H8	NA	GACTATTATATGCAC	VIWYDGSNKYYADSYKG
			SEQ ID NO:4159	EQYSSSWYDFGLDV
		AA	DYYMH	SEQ ID NO:20182
			SEQ ID NO:4160	GAGGAGGATCGCAGTGGCTG
iPS:468864	21-225_60D6	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG	AGGTGGCACAAACTATG
			C	GTACTACTACTACGGTATGG
			SEQ ID NO:4161	ACGTC
		AA	TSGVGVG	SEQ ID NO:20183
			SEQ ID NO:4162	EDHRSGWYYYYGMDV
iPS:468866	21 225 190C1	NA	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:20184
				GCAGTGGCTGTCTCCTTTGACTACTACTACGGTATGG
				ACGTC
				SEQ ID NO:20185
				AVAVSDY
				SEQ ID NO:20186
				GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC
				TC
				SEQ ID NO:20187
				VIWYDGSNKYYADSYKG
				EQYSSSWYDFGLDV
				SEQ ID NO:20188
				GAGGAGGATCGCAGTGGCTG
				AGGTGGCACAAACTATG
				GTACTACTACTACGGTATGG
				ACGTC
				SEQ ID NO:20189
				TGGATGCACCCTAACAG
				TGGTAACACAGGCTATG
				CACAGAAGTTTCAGGGC

10

20

30

40

50

【図４９－３６３】

FIGURE 49

IPS:473255	21-225_9F12_LC1	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTTTG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC	SEQ ID NO:4181	SEQ ID NO:20205
		AA	DYYLH	WHEPNSGGTNFAQKFQG	DGTSSFDY	SEQ ID NO:4182	SEQ ID NO:20206
IPS:473256	21-225_9F12_LC2	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTTTG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC	SEQ ID NO:4183	SEQ ID NO:20207
		AA	DYYLH	WHEPNSGGTNFAQKFQG	DGTSSFDY	SEQ ID NO:4184	SEQ ID NO:20208
IPS:472742	21-225_30D9_LC2	NA	GGCTACTATCTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GTGTATTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGAGTTTG ACAAC	SEQ ID NO:4185	SEQ ID NO:20209
		AA	GYYLH	WINPNSGGTNYAQKFQG	VYYYGSGSYYNFFDN	SEQ ID NO:4186	SEQ ID NO:20210
IPS:472741	21-225_30D9_LC1	NA	GGCTACTATCTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GTGTATTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGAGTTTG ACAAC	SEQ ID NO:4187	SEQ ID NO:20211
		AA	GYYLH	WINPNSGGTNYAQKFQG	VYYYGSGSYYNFFDN	SEQ ID NO:4188	SEQ ID NO:20212
IPS:472743	21-225_68G6	NA	GGYTACTATATGCAC	TCGATCTACCGTAACAGT GGTGGCACAAATTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GCCTTTTACTATGGTTCGGG GACTTATTATAACGAATTTG ACTAC	SEQ ID NO:4189	SEQ ID NO:20213
		AA	GYYMH	SIYPNSGGTIYYNEFDY	APYYGSGTYYNEFDY	SEQ ID NO:4190	SEQ ID NO:20214
IPS:472732	21-225_2B10_LC1	NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGTC	GAGAGATATACCAGTGGCTG GTATGACTACGGTATGGACG TC	SEQ ID NO:4173	SEQ ID NO:20197
		AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKV	ERYTSGWYDYGMDV		
IPS:472733	21-225_2B10_LC2	NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGTC	GAGAGATATACCAGTGGCTG GTATGACTACGGTATGGACG TC	SEQ ID NO:4175	SEQ ID NO:20199
		AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKV	ERYTSGWYDYGMDV		
IPS:473253	21-225_7C3_LC1	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC	SEQ ID NO:4177	SEQ ID NO:20201
		AA	DYYLH	WHEPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY	SEQ ID NO:4178	SEQ ID NO:20202
IPS:473254	21-225_7C3_LC2	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC	SEQ ID NO:4179	SEQ ID NO:20203
		AA	DYYLH	WHEPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY	SEQ ID NO:4180	SEQ ID NO:20204

【図４９－３６４】

FIGURE 49

IPS:468868	21-225_74A1	NA	GGTAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTAAGTGGG ACCACCTACCACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CATGATTTACTTTGGTCCCTT GACTTC	SEQ ID NO:4165	SEQ ID NO:20189
		AA	GSSYYWG	NIYYSGSTYYNPSLKS	HDLLWSLDF		
IPS:468870	21-225_74A8	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACAAATT TGACTAC	SEQ ID NO:4166	SEQ ID NO:20190
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYKFDY	SEQ ID NO:4167	SEQ ID NO:20191
IPS:472730	21-225_14B1_LC1	NA	AGCTATACCAATGAAC	TCCATAAGTGGTAGTAG TAGTTACTTATACTACCC AGACTCAGTGAAGGGC	GATAGAGGGCAGCAGC	SEQ ID NO:4168	SEQ ID NO:20192
		AA	SYTMN	SISGSSSSYLYYPDSVKG	DRGSS	SEQ ID NO:4169	SEQ ID NO:20193
IPS:472731	21-225_14B1_LC2	NA	AGCTATACCAATGAAC	TCCATAAGTGGTAGTAG TAGTTACTTATACTACCC AGACTCAGTGAAGGGC	GATAGAGGGCAGCAGC	SEQ ID NO:4170	SEQ ID NO:20194
		AA	SYTMN	SISGSSSSYLYYPDSVKG	DRGSS	SEQ ID NO:4171	SEQ ID NO:20195
						SEQ ID NO:4172	SEQ ID NO:20196

【図４９－３６５】

FIGURE 49

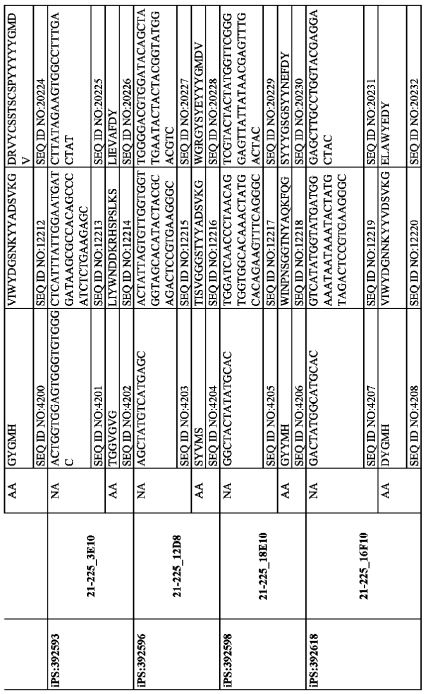
IPS:392573	21-225_15G2	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	ACCGGTGTCAGCTGCTGCTA TTTTCACTAT	SEQ ID NO:4191	SEQ ID NO:20215
		AA	TSGVGVG	LIYWNDDKRYSPSLKS	TGVSCCYFHY	SEQ ID NO:4192	SEQ ID NO:20216
IPS:392583	21-225_10B10	NA	ACTGGTGGAGTGGGTGTGGG C	TTCATTTATTGGAGTGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	ATAGCAGCAGTGTGCCTTTGA CTAC	SEQ ID NO:4193	SEQ ID NO:20217
		AA	TGGVGVG	FIYWSDDKRYSPSLKS	IAAVAFDY	SEQ ID NO:4194	SEQ ID NO:20218
IPS:392585	21-225_14H11	NA	GGCCACTATATGTGC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGATATTGTAGTAGTTCCAG CTGCTATTTGCAACCGGGTT ATTACGGTATGGACGTC	SEQ ID NO:4195	SEQ ID NO:20219
		AA	GHYMC	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYCSSSSCYLQWGYYGMDV	SEQ ID NO:4196	SEQ ID NO:20220
IPS:392587	21-225_18G5	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGAATGAT GATAAGGTCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	AGGGGACAGCAGCTGGCCCT CGACTAC	SEQ ID NO:4197	SEQ ID NO:20221
		AA	TSGVGVG	LIYWNDDKVYSPSLKS	RGQQLALDY	SEQ ID NO:4198	SEQ ID NO:20222
IPS:392589	21-225_27H2	NA	GGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGGGTATATTGTAGTAG ACTACTACTACGGTATGGAC GTC	SEQ ID NO:4199	SEQ ID NO:20223

【図４９－３６６】

FIGURE 49

【図４９－３６７】

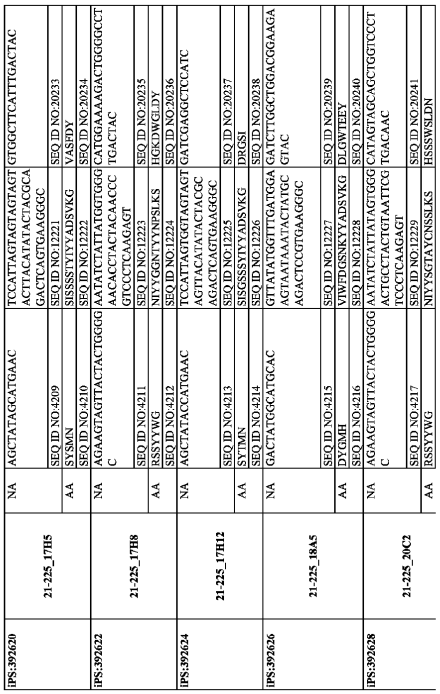
FIGURE 49



		AA	GYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRVYGSSTSCSPYYYYYGMDV
iPS:392593	21-225_3E10	NA	ACTGGTGGAGTGGGTGTGGGC	SEQ ID NO:12212	SEQ ID NO:20224
				CTCATTTATTGGAATGATGATC	CTTATAGAAGTGGCCTTTGA
				GATAAGCGCCACACAGCCC	CTAT
				ATCTCTGAAGAGC	
		AA		SEQ ID NO:12213	SEQ ID NO:20225
				TGGVGVG	LIEVADY
				SEQ ID NO:12214	SEQ ID NO:20226
iPS:392596	21-225_12D8	NA	AGCTATGTCATGAGC	ACTATTAGTGTTGGTGGT	TGGGGACGTGGATACAGCTA
				GGTAGCACATACTACGC	TGAATACTACTACGGTATGG
				AGACTCCGTGAAGGGC	ACGTC
		AA		SEQ ID NO:12215	SEQ ID NO:20227
				TISVGGGSTYYADSVKG	WGRGYSYEYYYGMDV
iPS:392598	21-225_18E10	NA	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:12216	SEQ ID NO:20228
				TCGATCAACCCTAACAG	TCGTACTACTATGGTTCGGG
				TGGTGGCACAAACTATG	GAGTTATTATAACGAGTTTG
				CACAGAAGTTTCAGGGC	ACTAC
				SEQ ID NO:12217	SEQ ID NO:20229
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	SYYYGSGSYYNEFDY
				SEQ ID NO:12218	SEQ ID NO:20230
iPS:392618	21-225_16F10	NA	GACTATGGCATGCAC	GTCATATGGTATGATGG	GAGCTTGCCTGGTACGAGGA
				AAATAATAAATACTATG	CTAC
				TAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:12219	SEQ ID NO:20231
		AA	DYGMH	VIWYDGNNKYYVDSVKG	ELAWYEDY
				SEQ ID NO:12220	SEQ ID NO:20232
				SEQ ID NO:12221	SEQ ID NO:20233
		AA	SYSMN	SISSSSTIYIYYADSVKG	VASFDY
				SEQ ID NO:12222	SEQ ID NO:20234
iPS:392620	21-225_17H5	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT	GTGGCTTCATTTGACTAC
				ACTTACATATACTACGCA	
				GACTCAGTGAAGGGC	
		AA		SEQ ID NO:12223	SEQ ID NO:20235
				NIYYGGNTYYNPSLKS	HGKDWGLDY
				SEQ ID NO:12224	SEQ ID NO:20236
iPS:392624	21-225_17H12	NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT	GATCGAGGCTCCATC
				AGTTACATATACTACGC	
				AGACTCAGTGAAGGGC	
		AA		SEQ ID NO:12225	SEQ ID NO:20237
				SISGSSSYTYYADSVKG	DRGSI
				SEQ ID NO:12226	SEQ ID NO:20238
iPS:392626	21-225_18A5	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA	GATCTTGGCTGGACGGAAGA
				AGTAATAAATACTATGC	GTAC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:12227	SEQ ID NO:20239
		AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DLGWTEEY
				SEQ ID NO:12228	SEQ ID NO:20240
iPS:392628	21-225_20C2	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG	AATATCTATTATAGTGGG	CATAGTAGCAGCTGGTCCCT
			C	ACTGCCTACTGTAATTCG	TGACAAC
				TCCCTCAAGAGT	
				SEQ ID NO:12229	SEQ ID NO:20241
		AA	RSSYYWG	NIYYSGTAYCNSSLKS	HSSSWSLDN

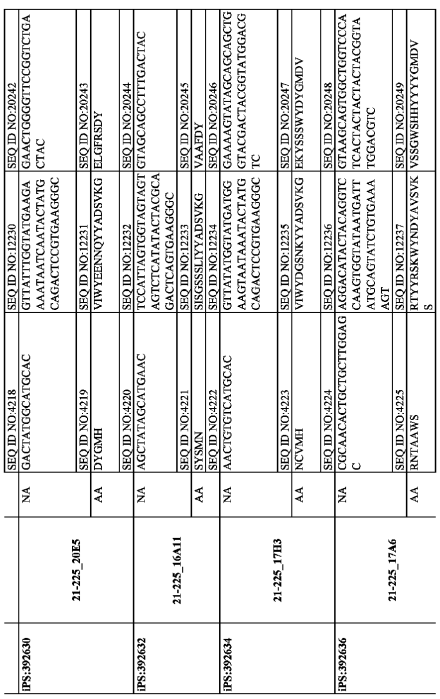
【図４９－３６８】

FIGURE 49



【図４９－３６９】

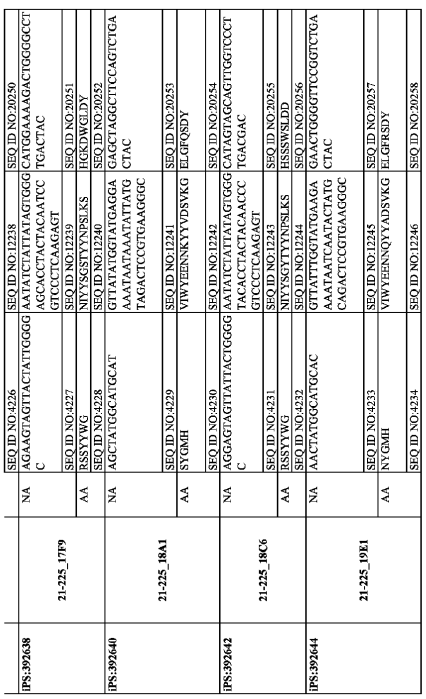
FIGURE 49



iPS:392630	21-225_20E5	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA
				AAATAATCAATACTATG	CTAC
				CAGACTCCGTGAAGGGC	
		AA		SEQ ID NO:12231	SEQ ID NO:20243
			DYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	ELGFRSDY
				SEQ ID NO:12232	SEQ ID NO:20244
iPS:392632	21-225_16A11	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT	GTAGCAGCCTTTGACTAC
				AGTCTCATATACTACGCA	
				GACTCAGTGAAGGGC	
		AA		SEQ ID NO:12233	SEQ ID NO:20245
			SYSMN	SISGSSSLLIYYADSVKG	VAAFDY
				SEQ ID NO:12234	SEQ ID NO:20246
iPS:392634	21-225_17H3	NA	AACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GAAAAGTATAGCAGCAGCTG
				AAGTAATAAATACTATG	GTACGACTACGGTATGGACG
				CAGACTCCGTGAAGGGC	TC
				SEQ ID NO:12235	SEQ ID NO:20247
		AA	NCVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSSWYDYGMDV
				SEQ ID NO:12236	SEQ ID NO:20248
iPS:392636	21-225_17A6	NA	CGCAACACTGCTGCTTGGAG	AGGACATACTACACGGTC	GTAAGCAGTGGCTGGTCCCA
			C	CAAGTGGTATAATGATT	TCACTACTACTACGGTA
				ATGCAGTATCTGTGAAA	TGGACGTC
				AGT	
				SEQ ID NO:12237	SEQ ID NO:20249
		AA	RNTAAWS	RTYYRSKWYNDYAVSVK	VSSGWSHHYYYYGMDV
				S	

【図４９－３７０】

FIGURE 49



iPS:392638	21-225_17F9	NA	AGAAGTAGTTACTATTGGGG	AATATCTATTATAGTGGG	CATGGAAAAGACTGGGGCCT
			C	AGCACCTACTACAATCC	TGACTAC
				GTCCCTCAAGAGT	
		AA		SEQ ID NO:12239	SEQ ID NO:20251
			RSSYYWG	NIYYSGSTYYNPSLKS	HGKDWGLDY
				SEQ ID NO:12240	SEQ ID NO:20252
iPS:392640	21-225_18A1	NA	AGCTATGGCATGCAT	GTTATATGGTATGAGGA	GAGCTAGGCTTCCAGTCTGA
				AAATAATAAATATTATG	CTAC
				TAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:12241	SEQ ID NO:20253
		AA	SYGMH	VIWYEENNKYYVDSVKG	ELGFQSDY
				SEQ ID NO:12242	SEQ ID NO:20254
iPS:392642	21-225_18C6	NA	AGGAGTAGTTATTACTGGGG	AATATCTATTATAGTGGG	CATAGTAGCAGTTGGTCCCT
			C	TACACCTACTACAACCC	TGACGAC
				GTCCCTCAAGAGT	
				SEQ ID NO:12243	SEQ ID NO:20255
		AA	RSSYYWG	NIYYSGTYYYNPSLKS	HSSSWSLDD
				SEQ ID NO:12244	SEQ ID NO:20256
iPS:392644	21-225_19E1	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA
				AAATAATCAATACTATG	CTAC
				CAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:12245	SEQ ID NO:20257
		AA	NYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	ELGFRSDY
				SEQ ID NO:12246	SEQ ID NO:20258

【図４９－３７１】

FIGURE 49

iPS:392646	21-225_20G2	NA	AGCGATGACATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGATAGCAGCAGCTGG TACGGTTGACTAC	
				SEQ ID NO:4235	SEQ ID NO:12247	SEQ ID NO:20259
		AA	SDDMH	VIWFDGSNKYYADSVKG	DLIAAAGTVDY	
				SEQ ID NO:4236	SEQ ID NO:12248	SEQ ID NO:20260
iPS:392648	21-225_16D11	NA	CGCAACACTGCTGCTTGGAG C	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATAATGATT ATGCAGTATCTGTGAAA AGT	GTAAACAGTGGCTGGTCCCA TCACTACTACTACTACGGTA TGGACGTC	
				SEQ ID NO:4237	SEQ ID NO:12249	SEQ ID NO:20261
		AA	RNTAAWS	RTYYRSKWYNDYAVSVK S	VNSGWSHFHYYYYGMDV	
				SEQ ID NO:4238	SEQ ID NO:12250	SEQ ID NO:20262
iPS:392650	21-225_17A4	NA	GACTACTACATGAGC	CACATTAGTAGTAGTGG TAGTACCATATATTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	TATCGGAATTAACCGGGGATA CTTCGATCTC	
				SEQ ID NO:4239	SEQ ID NO:12251	SEQ ID NO:20263
		AA	DYYMS	HISSSGSTIYYADSVKG	YRNNRGYFDL	
				SEQ ID NO:4240	SEQ ID NO:12252	SEQ ID NO:20264
iPS:392652	21-225_17C6	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTAATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
				SEQ ID NO:4241	SEQ ID NO:12253	SEQ ID NO:20265
		AA	SYAMN	VISGRGGNTFYADSVKG	RLAVAGSEATDI	
				SEQ ID NO:4242	SEQ ID NO:12254	SEQ ID NO:20266

【図４９－３７２】

FIGURE 49

iPS:392654	21-225_17A10	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4243	SEQ ID NO:12255	SEQ ID NO:20267
		AA	NYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	ELGFRSDY	
				SEQ ID NO:4244	SEQ ID NO:12256	SEQ ID NO:20268
iPS:392656	21-225_18E8	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATTTATTATAGTGGG AGCGCCTACAACAACCC GTCCCTCAAGGGT	CATGGAAAAAGACTGGGGCCT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4245	SEQ ID NO:12257	SEQ ID NO:20269
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSAYNNPSLKG	HGKDWGLDY	
				SEQ ID NO:4246	SEQ ID NO:12258	SEQ ID NO:20270
iPS:392658	21-225_19B3	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTAATTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4247	SEQ ID NO:12259	SEQ ID NO:20271
		AA	NYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	ELGFRSDY	
				SEQ ID NO:4248	SEQ ID NO:12260	SEQ ID NO:20272
iPS:392660	21-225_19B3	NA	AGTTATGACATGCAC	GTTATATGGTACGACGG AAGTGATAAATACTATG CACACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGCCTATAGCAGCTC GTCTGACTAC	
				SEQ ID NO:4249	SEQ ID NO:12261	SEQ ID NO:20273
		AA	SYDMH	VIWYDGSDKYYADSVKG	DRAYSSSSDY	
				SEQ ID NO:4250	SEQ ID NO:12262	SEQ ID NO:20274

【図４９－３７３】

FIGURE 49

iPS:392664	21-225_20F6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGAAT GGACGTC	
				SEQ ID NO:4251	SEQ ID NO:12263	SEQ ID NO:20275
		AA	SYGMH	VIWFDGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV	
				SEQ ID NO:4252	SEQ ID NO:12264	SEQ ID NO:20276
iPS:392666	21-225_16F11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTAGGCTTCCAGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4253	SEQ ID NO:12265	SEQ ID NO:20277
		AA	SYGMH	VIWYEENNKYYVDSVKG	ELGFQSDY	
				SEQ ID NO:4254	SEQ ID NO:12266	SEQ ID NO:20278
iPS:392668	21-225_17B4	NA	AGCTATGCCCATGAAC	GTTATTAGTGGCCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
				SEQ ID NO:4255	SEQ ID NO:12267	SEQ ID NO:20279
		AA	SYAMN	VISGRGGNTFYADSVKG	RLAVAGSEATDI	
				SEQ ID NO:4256	SEQ ID NO:12268	SEQ ID NO:20280
iPS:392674	21-225_18C2	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA ACTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGGCTGGTACGAGGA CTAC	
				SEQ ID NO:4257	SEQ ID NO:12269	SEQ ID NO:20281
		AA	DYGMH	VIWYDYTNKYYADSVKG	ELGWYFDY	
				SEQ ID NO:4258	SEQ ID NO:12270	SEQ ID NO:20282

【図４９－３７４】

FIGURE 49

iPS:392676	21-225_19F3	NA	GGTAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCTTCAAGAGT	CATTCCAGTAGCTGGTCCCT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4259	SEQ ID NO:12271	SEQ ID NO:20283
		AA	GSSYYWG	NIYYSGSTYYNPSFKS	HSSSWSLDY	
				SEQ ID NO:4260	SEQ ID NO:12272	SEQ ID NO:20284
iPS:392678	21-225_20F3	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGATAGCAGCAGCTGGTAC GGAGTACTTCGATCTC	
				SEQ ID NO:4261	SEQ ID NO:12273	SEQ ID NO:20285
		AA	SYAMN	VISGSGGSTYYADSVKG	RHAAAGTEYFDL	
				SEQ ID NO:4262	SEQ ID NO:12274	SEQ ID NO:20286
iPS:392680	21-225_20A7	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4263	SEQ ID NO:12275	SEQ ID NO:20287
		AA	NYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	ELGFRSDY	
				SEQ ID NO:4264	SEQ ID NO:12276	SEQ ID NO:20288
iPS:392682	21-225_16A12	NA	AGCTATAGAATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT ACTGACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	AGGGGACTTC	
				SEQ ID NO:4265	SEQ ID NO:12277	SEQ ID NO:20289
		AA	SYRMN	SISGSSTDYYADSVKG	RDF	
				SEQ ID NO:4266	SEQ ID NO:12278	SEQ ID NO:20290
iPS:392684	21 225 17F4	NA	AACTATGGCATGAAC	GTTATATGGTATGATGG AAATAATAAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGTGGGAGCTACTTCTTTGA CTAC	

【図４９－３７５】

FIGURE 49

	21-225_17F4			SEQ ID NO:12279	SEQ ID NO:20291		
			AA	NYGMN	VIWYDGNNKHYADSVKG	SGSYFFDY	
iPS:392686				SEQ ID NO:4268	SEQ ID NO:12280	SEQ ID NO:20292	
	21-225_17C7		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGGCTGGACGGAAGA ATAC	
				SEQ ID NO:4269	SEQ ID NO:12281	SEQ ID NO:20293	
			AA	DYGMH	VIWPDGSNKYYADSVKG	DLGWTEEY	
iPS:392690				SEQ ID NO:4270	SEQ ID NO:12282	SEQ ID NO:20294	
	21-225_18F2		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGGCTGGACGGAAGA GTAC	
				SEQ ID NO:4271	SEQ ID NO:12283	SEQ ID NO:20295	
			AA	DYGMH	VIWPDGSNKYYVDSVKG	DLGWTEEY	
				SEQ ID NO:4272	SEQ ID NO:12284	SEQ ID NO:20296	
iPS:392692	21-225_18G10		NA	ACCTATAGCATGAAC	TACATTAGTAGGAGTAG TAGTACCATAGACTACG CAGACTCTGTGAAGGGC	GGAGGTGGGAGCCCTTTTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4273	SEQ ID NO:12285	SEQ ID NO:20297	
			AA	TYSMN	YISRSSSTIDYADSVKG	GGGSPFDY	
				SEQ ID NO:4274	SEQ ID NO:12286	SEQ ID NO:20298	
iPS:392694	21-225_19A5		NA	AGCTATGGCCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTGATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGCCTATAGTAGCTC GTCTGACTAC	
				SEQ ID NO:4275	SEQ ID NO:12287	SEQ ID NO:20299	
			AA	SYAMH	VIWPDGSDKYYADSVKG	DRAYSSSSDY	
				SEQ ID NO:4276	SEQ ID NO:12288	SEQ ID NO:20300	

【図４９－３７６】

FIGURE 49

iPS:392696	21-225_20A4	NA	AGCTATGCCATGACC	GTTATAAGTGGTAGTGG TCGTTACACATACAACG CGGCACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
			SEQ ID NO:4277	SEQ ID NO:12289	SEQ ID NO:20301	
		AA	SYAMT	VISGSGGYTYNADSVKG	RIAVAGSEAFDI	
			SEQ ID NO:4278	SEQ ID NO:12290	SEQ ID NO:20302	
iPS:392700	21-225_16E12	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGG AAGTAATAAATATTATG TAGACTCCGTGAGGGGC	GAGCTAGGCTTCCAGTCTGA TCAC	
			SEQ ID NO:4279	SEQ ID NO:12291	SEQ ID NO:20303	
		AA	NYGMH	VIWYEGSNKYYVDSVRG	ELGFQSDH	
			SEQ ID NO:4280	SEQ ID NO:12292	SEQ ID NO:20304	
iPS:392702	21-225_17F7	NA	AGCTATGCCATGAAC	ATTAATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
			SEQ ID NO:4281	SEQ ID NO:12293	SEQ ID NO:20305	
		AA	SYAMN	IISGRGGNTFYADSVKG	RLAVAGSEAFDI	
			SEQ ID NO:4282	SEQ ID NO:12294	SEQ ID NO:20306	
iPS:392704	21-225_17H11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGAGG TCGTTAACACATACTCCG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTCATATC	
			SEQ ID NO:4283	SEQ ID NO:12295	SEQ ID NO:20307	
		AA	SYAMS	VISGRGGNTYSADSVKG	RLAVAGSEAFHI	
			SEQ ID NO:4284	SEQ ID NO:12296	SEQ ID NO:20308	
iPS:392706	21-225_18A3	NA	AGAAGTAGTTATTACTGGGG	AATACTATTATAGTGGG TATACCTACTACACTCCG C	CATTAGCACCAGCGTGGTCCCT TGACTAC	
			SEQ ID NO:4285	SEQ ID NO:12297	SEQ ID NO:20309	
		AA	ASSYYWG	NIYYSGNTYYNPSLKS	HSYSWSLDY	
			SEQ ID NO:4286	SEQ ID NO:12298	SEQ ID NO:20310	

【図４９－３７７】

FIGURE 49

iPS:392708	21-225_18D11	NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGTAGTAGTAGT GGTACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GGAGGTGGGAAGCCCTTTTGA CTAC	
			SEQ ID NO:4287	SEQ ID NO:12299	SEQ ID NO:20311	
		AA	SYSMN	YISSSSGTIYYADSVKG	GGGSPFDY	
			SEQ ID NO:4288	SEQ ID NO:12300	SEQ ID NO:20312	
iPS:392710	21-225_19A10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGCCTGGTACGAGGA CTCC	
			SEQ ID NO:4289	SEQ ID NO:12301	SEQ ID NO:20313	
		AA	SYGMH	VIWYDESNKYYADSVKG	ELAWYEDS	
			SEQ ID NO:4290	SEQ ID NO:12302	SEQ ID NO:20314	
iPS:392714	21-225_16G12	NA	AGCTATGCCATGACC	ACTATTAGTGGTCGTGGT GGTCACACATACTACGC AGACTCCGTGAGGGGC	CAGGACTGC	
			SEQ ID NO:4291	SEQ ID NO:12303	SEQ ID NO:20315	
		AA	SYAMT	IISGRGGHTYYADSVRG	QDC	
			SEQ ID NO:4292	SEQ ID NO:12304	SEQ ID NO:20316	
iPS:392716	21-225_17B5	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAACACTATA TAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTTCCGGTTTGA CTAC	
			SEQ ID NO:4293	SEQ ID NO:12305	SEQ ID NO:20317	
		AA	DYGMH	VIWYDESNKHYIDSVKG	ELGFRFDY	
			SEQ ID NO:4294	SEQ ID NO:12306	SEQ ID NO:20318	
iPS:392718		NA	AGCTATGCTATCAAC	TCGATGAACCCTAACAC TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AAGGCTGGGTTTGACTAC	

【図４９－３７８】

FIGURE 49

	21-225_17B8			SEQ ID NO:12307	SEQ ID NO:20319	
		AA	SYAIN	WMNPNTGNTGYAQKFQG	KAGFDY	
			SEQ ID NO:4296	SEQ ID NO:12308	SEQ ID NO:20320	
iPS:392720	21-225_17A12	NA	AGCTATGCCATGAGC	ATTATTAGTCGTCGTGGG GGAAACGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
			SEQ ID NO:4297	SEQ ID NO:12309	SEQ ID NO:20321	
		AA	SYAMS	IISGRGGNAFYADSVKG	RIAVAGSEAFDI	
			SEQ ID NO:4298	SEQ ID NO:12310	SEQ ID NO:20322	
iPS:392722	21-225_18E12	NA	AGCTATGCCATGAGC	ATTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTCTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
			SEQ ID NO:4299	SEQ ID NO:12311	SEQ ID NO:20323	
		AA	SYAMS	IISGRGGNTFYADSVKG	RLAVAGSEAFDI	
			SEQ ID NO:4300	SEQ ID NO:12312	SEQ ID NO:20324	
iPS:392726	21-225_20B5	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGGAGTAG TAGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGTGGGAGCTAC	
			SEQ ID NO:4301	SEQ ID NO:12313	SEQ ID NO:20325	
		AA	SYSMN	SISGSSSYIYYADSVKG	DRGSY	
			SEQ ID NO:4302	SEQ ID NO:12314	SEQ ID NO:20326	
iPS:392728	21-225_20B7	NA	GACTATTACATGAGC	CACATTAGTAGTAGTGG TACTACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	TATCGGAATAACCGGGGGTA CTTCGATCTC	
			SEQ ID NO:4303	SEQ ID NO:12315	SEQ ID NO:20327	
		AA	DYYMS	YISSSGSTIYYADSVKG	YRNNRGYFDL	
			SEQ ID NO:4304	SEQ ID NO:12316	SEQ ID NO:20328	

【図４９－３７９】

FIGURE 49

iPS:392730	21-225_17A1		NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTAGTGGT ACTTAACACATCTACGC
					AGCACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:4305	SEQ ID NO:12317
			AA	SYAMN	VISGSGSNTYYADSVKG
				SEQ ID NO:4306	SEQ ID NO:12318
iPS:392732	21-225_17E5		NA	GACTATGGCATGCAC	CTTATATGGTATGATGTA ACTAATAAATACTATGG
					AGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:4307	SEQ ID NO:12319
			AA	DYGMH	LIWYDVTNKYYGDSVKG
				SEQ ID NO:4308	SEQ ID NO:12320
iPS:392734	21-225_17D8		NA	AGCTATGGCTTGAAC	TCCATTAGTGGTAGTGGT AGTCACATATCCTACGC
					GGACTCAGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:4309	SEQ ID NO:12321
			AA	SYGLN	SISGSGSSHISYADSVKG
				SEQ ID NO:4310	SEQ ID NO:12322
iPS:392736	21-225_17H12		NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATACTACGC
					AGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:4311	SEQ ID NO:12323
			AA	SYAMN	VISGSGGSTYYADSVKG
				SEQ ID NO:4312	SEQ ID NO:12324
iPS:392738	21-225_18G4		NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG
					CAGACTCCGTGAAGGGC

				SEQ ID NO:4313	SEQ ID NO:12325
			AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG
				SEQ ID NO:4314	SEQ ID NO:12326
iPS:392740	21-225_18H12		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA ACTAATAAATACTATGC
					AGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:4315	SEQ ID NO:12327
			AA	DYGMH	VIWYDVTNKYYADSVKG
				SEQ ID NO:4316	SEQ ID NO:12328
iPS:392742	21-225_20B2		NA	AATTATGTCATTCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG
					CAGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:4317	SEQ ID NO:12329
			AA	NYVIH	VIWYDGSNKYYADSVKG
				SEQ ID NO:4318	SEQ ID NO:12330
iPS:392744	21-225_20D5		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG
					CAGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:4319	SEQ ID NO:12331
			AA	SYGMH	VIWYEHNQYYADSVKG
				SEQ ID NO:4320	SEQ ID NO:12332
iPS:392746	21 225 20H7		NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAAGTAGT GTTATCATATACTACGCA
					AGTTTCATATACTACGCA
					GACTCAGTGAAGGGC

【図４９－３８０】

FIGURE 49

【図４９－３８１】

FIGURE 49

	21-225_20H7		SEQ ID NO:4321	SEQ ID NO:12333	SEQ ID NO:20345
		AA	SYSMN	SISGSSSPIYYADSVKG	VAALDY
iPS:392748	21-225_20A8	NA	AGCTATAGCGTGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTTCCTATACTACGCA	AACTGGGACTAC
			SEQ ID NO:4322	SEQ ID NO:12334	SEQ ID NO:20346
			SEQ ID NO:4323	SEQ ID NO:12335	SEQ ID NO:20347
		AA	SYSVN	SISSSSSPLYYADSVKG	NWDY
			SEQ ID NO:4324	SEQ ID NO:12336	SEQ ID NO:20348
iPS:392750	21-225_20A10	NA	AGCGATGACATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC	GATCTAATAGCAGCAGCTGG
					AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4325	SEQ ID NO:12337	SEQ ID NO:20349
		AA	SDDMH	VIWFDGSNKYYADSVKG	DLIAAAGTVDY
			SEQ ID NO:4326	SEQ ID NO:12338	SEQ ID NO:20350
iPS:392754	21-225_21D3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA AGTAATAAATACTATGC	GGGGTATGGTTCGGGGACCT
					AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4327	SEQ ID NO:12339	SEQ ID NO:20351
		AA	SYGMH	VISYDGSNKYYADSVKG	GVWFGDL
			SEQ ID NO:4328	SEQ ID NO:12340	SEQ ID NO:20352
iPS:392758	21-225_21G11	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA ACTAATGAAATACTATGC	GAGCTTGGCTGGTACGAGGA CTAC
					AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4329	SEQ ID NO:12341	SEQ ID NO:20353
		AA	DYGMH	VIWYDVTNEYYADSVKG	ELGWYFDY
			SEQ ID NO:4330	SEQ ID NO:12342	SEQ ID NO:20354

【図４９－３８２】

FIGURE 49

	21-225_22G3		SEQ ID NO:4331	SEQ ID NO:12343	SEQ ID NO:20355
		AA	SYAMN	IISGRGVNTYYADSVKG	RLAVAGSEAFDI
iPS:392760	21-225_22G5	NA	AGCTATGCCATGAAC	ATTATTAGTGGTCGTGGT GTTAACACATCTACGCA	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC
			SEQ ID NO:4332	SEQ ID NO:12344	SEQ ID NO:20356
		NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTCGTAGTGGT GGTTACACATACTACGC	CGTTTAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC
			SEQ ID NO:4333	SEQ ID NO:12345	SEQ ID NO:20357
		AA	SYAMN	VISRSGGYTYYADSVKG	RLAVAGSEAFDI
			SEQ ID NO:4334	SEQ ID NO:12346	SEQ ID NO:20358
iPS:392764	21-225_22G10	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATCTACGC	CGTATGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC
					AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4335	SEQ ID NO:12347	SEQ ID NO:20359
		AA	SYAMN	VISGSGGNTFYADSVKG	RMAVAGSEAFDI
			SEQ ID NO:4336	SEQ ID NO:12348	SEQ ID NO:20360
iPS:392766	21-225_23H4	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTACCACATACTTCGC	AGAAATAGCAGTGGCTGGCA TGATGTTTTTGATATC
					AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4337	SEQ ID NO:12349	SEQ ID NO:20361
		AA	SYAMN	VISGSGGTYFADSVKG	RNSSGWHDVFDI
			SEQ ID NO:4338	SEQ ID NO:12350	SEQ ID NO:20362
iPS:392768	21-225_20B8	NA	AGTTATAGCATGAAC	TCCATCAGTGGCAGTGG TACTCACATACTACGC	GATCGGGGCAGTGGC
					GGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4339	SEQ ID NO:12351	SEQ ID NO:20363
		AA	SYSMN	SISGSGSHIYYADSVKG	DRGSG
			SEQ ID NO:4340	SEQ ID NO:12352	SEQ ID NO:20364

【図４９－３８３】

FIGURE 49

iPS:392770	21-225_20C10	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTACCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATACCACGTGACTGGCA TGATGCTTTTGATATC
				SEQ ID NO:4341	SEQ ID NO:20365
		AA	SYAMN	VSGSGGTTYYADSVKG	RYTSDWFDAFDI
				SEQ ID NO:4342	SEQ ID NO:20366
iPS:392772	21-225_20E12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATGTGGTATGATGA AAGTAATAAACACTATG CAGCACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCCGGTTTGA CTAC
				SEQ ID NO:4343	SEQ ID NO:20367
		AA	SYGMH	VAWYDESNKHYADSVKG	ELGFRFDY
				SEQ ID NO:4344	SEQ ID NO:20368
iPS:392774	21-225_21F3	NA	AGAAGTATGTTACTACTGTGGG C	AGCATCTATTATAGTGG GAGCACCTACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	CTTAGCAGCAGCCTGGGACTT CCAGCAC
				SEQ ID NO:4345	SEQ ID NO:20369
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSTYYNPSLKS	LSSSWDFQH
				SEQ ID NO:4346	SEQ ID NO:20370
iPS:392776	21-225_21A12	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GCGGCTGGCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:4347	SEQ ID NO:20371
		AA	SYSMN	SISGSSSYIYYADSVKG	AAGFDY
				SEQ ID NO:4348	SEQ ID NO:20372
iPS:392778	21-225_22H3	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATAGGGGCAGCCTC
				SEQ ID NO:4349	SEQ ID NO:20373

【図４９－３８４】

FIGURE 49

	21-225_22B7	AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	DRGSL
			SEQ ID NO:4350	SEQ ID NO:20374	
iPS:392780		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGCACTCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
				SEQ ID NO:4351	SEQ ID NO:20375
		AA	SYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	EVGFRSDY
				SEQ ID NO:4352	SEQ ID NO:20376
iPS:392782	21-225_22D12	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GTAGCAGCCCTTGACTCC
				SEQ ID NO:4353	SEQ ID NO:20377
		AA	SYSMN	SISGSSSYTYYADSVKG	VAALDS
				SEQ ID NO:4354	SEQ ID NO:20378
iPS:392784	21-225_23C7	NA	AGCTATGTTATGAGC	GCTATGAGTGGTAGTGG TGGTAGCACATATTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	ACTGGGGTTCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:4355	SEQ ID NO:20379
		AA	SYYMS	AMSCGSGSTYYVDSVKG	TGVFDY
				SEQ ID NO:4356	SEQ ID NO:20380
iPS:392786	21-225_24E1	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TCGTTACCACAGGCTATG CACAGAGGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGGAGGTCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:4357	SEQ ID NO:20381
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWEVFDY
				SEQ ID NO:4358	SEQ ID NO:20382

【図４９－３８５】

FIGURE 49

iPS:392788	21-225_20C8	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGCAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGCC	GACAGAGGCAGTCTC
				SEQ ID NO:4359	SEQ ID NO:20383
		AA	SYSMN	SISGSSSYTYYADSVKA	DRGSL
				SEQ ID NO:4360	SEQ ID NO:20384
iPS:392790	21-225_20D10	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTTGGCTGGACGGAAGA GTAC
				SEQ ID NO:4361	SEQ ID NO:20385
		AA	DYGMH	VIWFDGSNKYYVDSVKG	DLGWTEEY
				SEQ ID NO:4362	SEQ ID NO:20386
iPS:392792	21-225_20G12	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGCGGTAGTAGT GAGTACATCTACTACGCA GACTCACTGAAGGGC	GATCGTGGGAGCTAC
				SEQ ID NO:4363	SEQ ID NO:20387
		AA	SYSMN	SISGSSSYTYYADSLKG	DRGSY
				SEQ ID NO:4364	SEQ ID NO:20388
iPS:392794	21-225_21H3	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATTTATTATAGTGGG AGCACCTACGACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CATGGAAAAAGACTGGGGCCT
				SEQ ID NO:4365	SEQ ID NO:20389
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYDNPSLKS	HGKDWGLDY
				SEQ ID NO:4366	SEQ ID NO:20390
iPS:392796	21-225_22A4	NA	GACTATGGCATACAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTTGGCTGGACGGAAGA GTAC
				SEQ ID NO:4367	SEQ ID NO:20391

【図４９－３８６】

FIGURE 49

	21-225_22C7	AA	DYGMH	VIWFDGSNKYYADSVKG	DLGWTEEY
			SEQ ID NO:4368	SEQ ID NO:20392	
iPS:392798		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
				SEQ ID NO:4369	SEQ ID NO:20393
		AA	SYGMH	VIWHDGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV
				SEQ ID NO:4370	SEQ ID NO:20394
iPS:392800	21-225_22D12	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG ACCACCTCCTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CTCAGCAGCAGCCTGGTCCGT TGACTAC
				SEQ ID NO:4371	SEQ ID NO:20395
		AA	RSSYYWG	NIYYSGTSYNPSLKS	LSSSWSVDY
				SEQ ID NO:4372	SEQ ID NO:20396
iPS:392802	21-225_23E7	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTTTCACATACTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	ACCAGTGGCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:4373	SEQ ID NO:20397
		AA	SYAMN	AISGSGGFTYYADSVKG	TSGFDY
				SEQ ID NO:4374	SEQ ID NO:20398
iPS:392806	21-225_24H3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GTAGCAGTGGCGCAGGCGGTAT GGACGTC
				SEQ ID NO:4375	SEQ ID NO:20399
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	VAVAGGMDV
				SEQ ID NO:4376	SEQ ID NO:20400

【図４９－３８７】

FIGURE 49

iPS:392808	21-225_20F8	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT AGTACATATTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAACAGTGGCTGGCA TGATGTTTTTGATATC	
				SEQ ID NO:4377	SEQ ID NO:12389	SEQ ID NO:20401
		AA	SYAMS	VISGSGGSTYYADSVKG	RYNSGWIDVFDI	
				SEQ ID NO:4378	SEQ ID NO:12390	SEQ ID NO:20402
iPS:392810	21-225_20H12	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAGTTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4379	SEQ ID NO:12391	SEQ ID NO:20403
		AA	NYGMH	VIWYDENNKYYVDSVKG	ELGFRSDY	
				SEQ ID NO:4380	SEQ ID NO:12392	SEQ ID NO:20404
iPS:392812	21-225_21F4	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTCGTGGT AGTACACACTTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTGTGATATC	
				SEQ ID NO:4381	SEQ ID NO:12393	SEQ ID NO:20405
		AA	SYAMN	VISGRGGNTPYADSVKG	RLAVAGSEACDI	
				SEQ ID NO:4382	SEQ ID NO:12394	SEQ ID NO:20406
iPS:392814	21-225_22A1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATGTGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGGGGGAATTTTTGGAGTG GTTAGACTAC	
				SEQ ID NO:4383	SEQ ID NO:12395	SEQ ID NO:20407
		AA	SYGMH	VMWYDGSNKYYADSVK G	DGGFLEWLDY	
				SEQ ID NO:4384	SEQ ID NO:12396	SEQ ID NO:20408
iPS:392816	21 225_22E4	NA	AGCTATGCCATGAGC	ATTTATTAGTGGTCGTGGT ACTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	

【図４９－３８８】

FIGURE 49

	21-225_22E4	AA	SYAMS	SEQ ID NO:4385	SEQ ID NO:12397	SEQ ID NO:20409
				IISGRGTNTFYADSVKG	RIAVAGSEAFDI	
		NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:4386	SEQ ID NO:12398	SEQ ID NO:20410
iPS:392818	21-225_22D8			ATTATATCATATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGTTTGGTTCGGGGACTT C	
				SEQ ID NO:4387	SEQ ID NO:12399	SEQ ID NO:20411
		AA	SYGMH	IISYDGSNKYYADSVKG	GVWFGDF	
				SEQ ID NO:4388	SEQ ID NO:12400	SEQ ID NO:20412
iPS:392820	21-225_23D1	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGCGCCCAGTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CTGAGCAGCAGCTGGTCTTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4389	SEQ ID NO:12401	SEQ ID NO:20413
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSAQYNPSLKS	LSSSWSFDY	
				SEQ ID NO:4390	SEQ ID NO:12402	SEQ ID NO:20414
iPS:392822	21-225_23C8	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATTTATTATAGTGGG ACCACTTACAACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CATGGAAAAGACTGGGGCCT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4391	SEQ ID NO:12403	SEQ ID NO:20415
		AA	RSSYYWG	NIYYSGTTYNNPSLKS	HGKDWGLDY	
				SEQ ID NO:4392	SEQ ID NO:12404	SEQ ID NO:20416
iPS:392824	21-225_24E5	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGCGCCAACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CTCAGCAGCAGCTGGTCCAT TGACAAC	
				SEQ ID NO:4393	SEQ ID NO:12405	SEQ ID NO:20417
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSANYNPSLKS	LSSSWSIDN	
				SEQ ID NO:4394	SEQ ID NO:12406	SEQ ID NO:20418

【図４９－３８９】

FIGURE 49

iPS:392826	21-225_20B9	NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGTAGTAGTAGT AGTACCATATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	TCACTATGGTCCCCCTTTGAC TAC	
				SEQ ID NO:4395	SEQ ID NO:12407	SEQ ID NO:20419
		AA	SYSMN	YISSSSSTIYYADSVKG	SLWSPFDY	
				SEQ ID NO:4396	SEQ ID NO:12408	SEQ ID NO:20420
iPS:392830	21-225_21A5	NA	AGTTACTCTCTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GATCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GGCCCGACTTCGGGGTGGTT GATCACCAACTACAACC CGACCCC	
				SEQ ID NO:4397	SEQ ID NO:12409	SEQ ID NO:20421
		AA	SYFWS	RIYYSGITNYNPSLKS	GPTSGWFDP	
				SEQ ID NO:4398	SEQ ID NO:12410	SEQ ID NO:20422
iPS:392832	21-225_21H8	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTTGATGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTTGGCTGGACGGAAAGA GTTAC	
				SEQ ID NO:4399	SEQ ID NO:12411	SEQ ID NO:20423
		AA	DYGMH	VIWFDGSNKYYADSVKG	DLGWTEEY	
				SEQ ID NO:4400	SEQ ID NO:12412	SEQ ID NO:20424
iPS:392834	21-225_22C1	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG GCCACCTATTATAATTCG TCCCTCAAGAGT	CATAGCGGCAGCTGGTCCCT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4401	SEQ ID NO:12413	SEQ ID NO:20425
		AA	RSSYYWG	NIYYSGATYYNSSLKS	HSGSWSLDY	
				SEQ ID NO:4402	SEQ ID NO:12414	SEQ ID NO:20426
iPS:392836	21-225_22F4	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAAGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:4403	SEQ ID NO:12415	SEQ ID NO:20427

【図４９－３９０】

FIGURE 49

	21-225_22G8	AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	EKYSSSWYDYGMDV	
				SEQ ID NO:4404	SEQ ID NO:12416	SEQ ID NO:20428
iPS:392838		NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCGTCAAGAGT	CATGGAAAAGACTGGGGCCT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4405	SEQ ID NO:12417	SEQ ID NO:20429
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYYNPSVKS	HGKDWGLDY	
				SEQ ID NO:4406	SEQ ID NO:12418	SEQ ID NO:20430
iPS:392840	21-225_23G1	NA	AGCTATGCCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTACCACATATAACAC AGACTCCGTGAAGGGC	AGCTCCTTTGTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:4407	SEQ ID NO:12419	SEQ ID NO:20431
		AA	SYAMS	VISGSGGTTYYNTDSVKG	SSLFDY	
				SEQ ID NO:4408	SEQ ID NO:12420	SEQ ID NO:20432
iPS:392842	21-225_23G8	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTACACACATACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGCAGTGGCTGGTTCGCC	
				SEQ ID NO:4409	SEQ ID NO:12421	SEQ ID NO:20433
		AA	SYAMS	AISGSGGSTYYADSVKG	SSGWFA	
				SEQ ID NO:4410	SEQ ID NO:12422	SEQ ID NO:20434
iPS:392844	21-225_23E11	NA	TCCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATGGTATGTA GACTCAGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGTCTC	
				SEQ ID NO:4411	SEQ ID NO:12423	SEQ ID NO:20435
		AA	SYTMS	SISGSSSYIWYVDSVKG	DRGSL	
				SEQ ID NO:4412	SEQ ID NO:12424	SEQ ID NO:20436

【図４９－３９１】

FIGURE 49

iPS:392846	21-225_24B6	NA	SEQ ID NO:4430	SEQ ID NO:12442	SEQ ID NO:20454
			AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAATGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:4431	SEQ ID NO:12443	SEQ ID NO:20455
			SYGMH	VIWYDENNKYYVDSVKG	ELGFRSDY
iPS:392848	21-225_20F9	NA	SEQ ID NO:4432	SEQ ID NO:12444	SEQ ID NO:20456
			AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATGCTGGA AGTAATAAATCCTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGATACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4433	SEQ ID NO:12445	SEQ ID NO:20457
			SYGMH	IISYAGSNKSYADSVKG	RGYSYGGYGMDV
iPS:392850	21-225_20H10	NA	SEQ ID NO:4434	SEQ ID NO:12446	SEQ ID NO:20458
			AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGCGCCTCTTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CTGAGCACAGCAGCTGGTCTTT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:4435	SEQ ID NO:12447	SEQ ID NO:20459
			RSSYYWG	SIYYSGSASYNPSLKS	LSSSWSFDY
iPS:392852	21-225_21A2	NA	SEQ ID NO:4436	SEQ ID NO:12448	SEQ ID NO:20460
			AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGTC	GAGAGATATACCAGTGGCTG GTATGACTACGGTATGGACG TC
		AA	SEQ ID NO:4437	SEQ ID NO:12449	SEQ ID NO:20461
			SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKV	ERYTSGWYDYGMDV
iPS:392854	21 225_21E5	NA	SEQ ID NO:4438	SEQ ID NO:12450	SEQ ID NO:20462
			GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAATAATAAAGACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAGTTAGGTATCCAGTTCGA CTAC

【図４９－３９２】

FIGURE 49

iPS:392846	21-225_24B6	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAATATAGTAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	SEQ ID NO:4413	SEQ ID NO:12425	SEQ ID NO:20437
			NYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EEYSSGWYDYGMDV
iPS:392848	21-225_20F9	NA	SEQ ID NO:4414	SEQ ID NO:12426	SEQ ID NO:20438
			AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGTGGGAGCTGC
		AA	SEQ ID NO:4415	SEQ ID NO:12427	SEQ ID NO:20439
			SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	DRGSC
iPS:392850	21-225_20H10	NA	SEQ ID NO:4416	SEQ ID NO:12428	SEQ ID NO:20440
			ACCTATAGTAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGTGGGAGCCTC
		AA	SEQ ID NO:4417	SEQ ID NO:12429	SEQ ID NO:20441
			TYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	DRGSL
iPS:392852	21-225_21A2	NA	SEQ ID NO:4418	SEQ ID NO:12430	SEQ ID NO:20442
			AGCTATGCCATGAAC	ATTATTAGTGGTCGTGGTT GGTTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTGATATC
		AA	SEQ ID NO:4419	SEQ ID NO:12431	SEQ ID NO:20443
			SYAMN	IISGRGGNTFYADSVKG	RLAVAGSEAFDI
iPS:392854	21 225_21E5	NA	SEQ ID NO:4420	SEQ ID NO:12432	SEQ ID NO:20444
			GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA CTAT

【図４９－３９３】

FIGURE 49

iPS:392866	21-225_23H11	NA	SEQ ID NO:4430	SEQ ID NO:12442	SEQ ID NO:20454
			AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAATGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:4431	SEQ ID NO:12443	SEQ ID NO:20455
			SYGMH	VIWYDENNKYYVDSVKG	ELGFRSDY
iPS:392868	21-225_24D6	NA	SEQ ID NO:4432	SEQ ID NO:12444	SEQ ID NO:20456
			AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATGCTGGA AGTAATAAATCCTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGATACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4433	SEQ ID NO:12445	SEQ ID NO:20457
			SYGMH	IISYAGSNKSYADSVKG	RGYSYGGYGMDV
iPS:392870	21-225_20G9	NA	SEQ ID NO:4434	SEQ ID NO:12446	SEQ ID NO:20458
			AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGCGCCTCTTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CTGAGCACAGCAGCTGGTCTTT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:4435	SEQ ID NO:12447	SEQ ID NO:20459
			RSSYYWG	SIYYSGSASYNPSLKS	LSSSWSFDY
iPS:392872	21-225_20B11	NA	SEQ ID NO:4436	SEQ ID NO:12448	SEQ ID NO:20460
			AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGTC	GAGAGATATACCAGTGGCTG GTATGACTACGGTATGGACG TC
		AA	SEQ ID NO:4437	SEQ ID NO:12449	SEQ ID NO:20461
			SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKV	ERYTSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:4438	SEQ ID NO:12450	SEQ ID NO:20462

【図４９－３９４】

FIGURE 49

iPS:392874	21-225_21D2	NA	AACTATGCCATGAGC	GTTCTTAGTGGTAGTGGT AGTAGCACATCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TATTGTAGTAGTGCCAGGTG CCCTTATGATGCCTTTGATAT C
			SEQ ID NO:4439	SEQ ID NO:12451	SEQ ID NO:20463
		AA	NYAMS	VLSGSGGSTFYADSVKG	YCSSARCPYDAFDI
iPS:392876	21-225_21F7	NA	SEQ ID NO:4440	SEQ ID NO:12452	SEQ ID NO:20464
			GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AATAATAAATACTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTTGGCTGGACGGAAAGA GTAC
		AA	SEQ ID NO:4441	SEQ ID NO:12453	SEQ ID NO:20465
			DYGMH	VIWFDGNNKYYVDSVKG	DLGWTEEY
iPS:392878	21-225_22C5	NA	SEQ ID NO:4442	SEQ ID NO:12454	SEQ ID NO:20466
			AGCTATGCCATGAGC	ATTATTAGTGGTAGTGGT CGTATCACATACTACGC GGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGCTC GGATTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4443	SEQ ID NO:12455	SEQ ID NO:20467
			SYAMS	IISGSGGYTYYADSVKG	RIAVAGSEAFDI
iPS:392880	21-225_22F9	NA	SEQ ID NO:4444	SEQ ID NO:12456	SEQ ID NO:20468
			AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAATAATAAAGACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAGTTAGGTATCCAGTTCGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:4445	SEQ ID NO:12457	SEQ ID NO:20469
			SYGMH	VIWYEDNSKDYVDSVKG	ELGFQSDY
			SEQ ID NO:4446	SEQ ID NO:12458	SEQ ID NO:20470

【図４９－３９５】

FIGURE 49

iPS:392882	21-225_23A3	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGGC	AATATTTATTATAGTGGGAACCACCTACAACACCC	CATGGAAAAGACTGGGGCCTTGACTTC
			SEQ ID NO:4447	SEQ ID NO:12459	SEQ ID NO:20471
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYYNNPSLKS	HGRGWGLDF
			SEQ ID NO:4448	SEQ ID NO:12460	SEQ ID NO:20472
iPS:392884	21-225_23A10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGTATAGCAGTGGCTGGCACGACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:4449	SEQ ID NO:12461	SEQ ID NO:20473
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWHDYGMDV
			SEQ ID NO:4450	SEQ ID NO:12462	SEQ ID NO:20474
iPS:392886	21-225_23A12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAGTGGTAACAACAGGCTATGCACAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:4451	SEQ ID NO:12463	SEQ ID NO:20475
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGTYAQKFQG	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:4452	SEQ ID NO:12464	SEQ ID NO:20476
iPS:392888	21-225_25A2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTCAGGGCTGACTAC
			SEQ ID NO:4453	SEQ ID NO:12465	SEQ ID NO:20477
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGMDV
			SEQ ID NO:4454	SEQ ID NO:12466	SEQ ID NO:20478

【図４９－３９６】

FIGURE 49

iPS:392890	21-225_20I19	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTATGGTAGTGTGTGGTTACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGGTCCCTCTTCTAC
			SEQ ID NO:4455	SEQ ID NO:12467	SEQ ID NO:20479
		AA	SYAMS	AISGSGGYTYYADSVKG	GGSLFY
			SEQ ID NO:4456	SEQ ID NO:12468	SEQ ID NO:20480
iPS:392892	21-225_20C11	NA	AGCTATGCCATGAGC	ACTATTAGTGGTCGTGGTGGTAGCACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC	CAGGACTGC
			SEQ ID NO:4457	SEQ ID NO:12469	SEQ ID NO:20481
		AA	SYAMS	TISGRGGHTYYADSVKG	QDC
			SEQ ID NO:4458	SEQ ID NO:12470	SEQ ID NO:20482
iPS:392894	21-225_21G2	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGGCTGGTACGAGGACTAC
			SEQ ID NO:4459	SEQ ID NO:12471	SEQ ID NO:20483
		AA	DYGMH	VIWYDVTNKYYADSVKG	ELGWYFDY
			SEQ ID NO:4460	SEQ ID NO:12472	SEQ ID NO:20484
iPS:392896	21-225_21G7	NA	AGAAGTATGTTACTACTGGGGC	AATATCTATTATAGTGGGAACCACTACAACCCTCAAGAGT	CATAGCACCACGTGGTCCCTTATCGACTAC
			SEQ ID NO:4461	SEQ ID NO:12473	SEQ ID NO:20485
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSYSYNPSLKS	HSTSWSLDY
			SEQ ID NO:4462	SEQ ID NO:12474	SEQ ID NO:20486
iPS:392898	21 225 21H10	NA	AACGCCTGGATGAAC	CGTATTTAAAGCAAAAACTGATGGTGGAACAACCTACACGCTGCACCCGTGACTACG	GAAGGCTGGAACACGGACTAC

【図４９－３９７】

FIGURE 49

	21-225_21H10	AA	NAWMN	RIKSKTDGGTTDYAAPVKG	EGWNTDY
			SEQ ID NO:4463	SEQ ID NO:12475	SEQ ID NO:20487
iPS:392900	21-225_22F2	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGGAAGTAATAAATACTATGTAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTAGGCTTCCAGTCTGACTAC
			SEQ ID NO:4464	SEQ ID NO:12476	SEQ ID NO:20488
		AA	DYGMH	VIWYEGSNKYYVDSVRG	ELGFQSDY
			SEQ ID NO:4465	SEQ ID NO:12477	SEQ ID NO:20489
iPS:392902	21-225_22D5	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTCGTGGTGGTGGTACCACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGCTCGGACGCTTTTGATATC
			SEQ ID NO:4467	SEQ ID NO:12479	SEQ ID NO:20491
		AA	SYAMS	VISGRGGNTFYADSVKG	RIAVAGSEAFDI
			SEQ ID NO:4468	SEQ ID NO:12480	SEQ ID NO:20492
iPS:392904	21-225_22G9	NA	GGTAGTAATTACTACTGGGGC	AATATCTATTATAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGT	CATAGCAGTAGTACGTGGTCCCTTGACTAC
			SEQ ID NO:4469	SEQ ID NO:12481	SEQ ID NO:20493
		AA	GSNYYWG	NIYYSGSTYYNPSLKS	HSSSWSLDY
			SEQ ID NO:4470	SEQ ID NO:12482	SEQ ID NO:20494
iPS:392908	21-225_23F12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAACTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGGCCTGGTACGAGGACTAC
			SEQ ID NO:4471	SEQ ID NO:12483	SEQ ID NO:20495
		AA	SYGMH	VIWYDETNKYYADSVKG	ELAWYFDY

【図４９－３９８】

FIGURE 49

	21-225_25A9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTAACTATGCAGGCTTCCGTGAAGGGC	GAAATTGGCTGGTTAGATGACTAC
			SEQ ID NO:4472	SEQ ID NO:12484	SEQ ID NO:20496
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYGDSVKG	EIGWLDDY
			SEQ ID NO:4473	SEQ ID NO:12485	SEQ ID NO:20497
iPS:392912	21-225_25D12	NA	AGCGATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGCAGCTGGTACGACGTC
			SEQ ID NO:4474	SEQ ID NO:12486	SEQ ID NO:20498
iPS:392914		NA	AGCGATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGCAGCTGGTACGACGTC
			SEQ ID NO:4475	SEQ ID NO:12487	SEQ ID NO:20499
		AA	SDGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSSWYDYGMDV
			SEQ ID NO:4476	SEQ ID NO:12488	SEQ ID NO:20500
iPS:392916	21-225_27C5	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCACTAGTAGTAGTGGTACTTCAGTTATATATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC	GTGGCGTCCTTTGACTGC
			SEQ ID NO:4477	SEQ ID NO:12489	SEQ ID NO:20501
		AA	SYSMN	VISSSGSYIYYADSVKG	VASFDC
			SEQ ID NO:4478	SEQ ID NO:12490	SEQ ID NO:20502
iPS:392918	21-225_28F5	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAATTAGGCTGGTACGACGACTAC
			SEQ ID NO:4479	SEQ ID NO:12491	SEQ ID NO:20503
		AA	SYGMH	VIWYDSNKYYADSVKG	ELGWYFDDY

【図４９－３９９】

FIGURE 49

iPS:392920	21-225_29G4		NA	SEQ ID NO:4480	GACTATGCATACAC	SEQ ID NO:12492	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCATGAAGGGC	SEQ ID NO:20504	GAACTGGGAAATGACGGGTGA CTAC
			AA	SEQ ID NO:4481	DYGIH	SEQ ID NO:12493	VIWYDESNKYYADSVMKG	SEQ ID NO:20505	ELGMTGDY
iPS:392922	21-225_30G4		NA	SEQ ID NO:4482	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12494	GTTATATGGTATGATGG AACTGATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20506	GAAAATAGCAGCTCGTACTA CTTTGACTAC
			AA	SEQ ID NO:4483	SYGMH	SEQ ID NO:12495	VIWYDGTDKYYVDSVKG	SEQ ID NO:20507	ENSSSYYFDY
iPS:392924	21-225_31H2		NA	SEQ ID NO:4484	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12496	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20508	AGATATAGCAGCAGCTGGAC GCGGGGGTATGGACGTC
			AA	SEQ ID NO:4485	SYGMH	SEQ ID NO:12497	VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:20509	RYSSSWTGGMDV
iPS:392928	21-225_25A4		NA	SEQ ID NO:4486	AATTATGATATTAAT	SEQ ID NO:12498	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	SEQ ID NO:20510	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
			AA	SEQ ID NO:4487	SYGMH	SEQ ID NO:12499	VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:20511	ELGMTGDY

【図４９－４００】

FIGURE 49

iPS:392930	21-225_25H9		NA	SEQ ID NO:4488	AACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12500	ATTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20512	GAGGGATATCGATTTTTGGAG TGGCTTCTTTGACTCC
			AA	SEQ ID NO:4489	NYGMH	SEQ ID NO:12501	IIWYDGSYKYYADSVKG	SEQ ID NO:20513	EGYDFWSGFFDS
iPS:392934	21-225_27D5		NA	SEQ ID NO:4490	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12502	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20514	GAACTGGGGGTTCCTCTCTGA CTAC
			AA	SEQ ID NO:4491	SYGMH	SEQ ID NO:12503	VIWYDESNKYYGDSVKG	SEQ ID NO:20515	ELGFLSDY
iPS:392936	21-225_28B6		NA	SEQ ID NO:4492	AATTATGATATTAAT	SEQ ID NO:12504	TGGATGCACCCTGACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:20516	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
			AA	SEQ ID NO:4493	NYDIN	SEQ ID NO:12505	WMHPDSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:20517	SSGWYYFDY
iPS:392938	21-225_29H4		NA	SEQ ID NO:4494	AGCTATGGCATACAC	SEQ ID NO:12506	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20518	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC CTTTGACTAC

【図４９－４０１】

FIGURE 49

iPS:392940	21-225_29D9		NA	SEQ ID NO:4496	GACTATGGCATTCAC	SEQ ID NO:12508	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20520	GAATTGGCTGGTTAGATGA CTAC
			AA	SEQ ID NO:4497	DYGIH	SEQ ID NO:12509	VIWYDESNKYYADSVKG	SEQ ID NO:20521	EIGWLDDY
iPS:392942	21-225_30E9		NA	SEQ ID NO:4498	AGCTGTGCCATGAAC	SEQ ID NO:12510	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20522	GGGGACGCTACTAGAGGACTA CTACTACTACGGAATGGACG TC
			AA	SEQ ID NO:4499	SCAMN	SEQ ID NO:12511	AISGRGGSTFYADSVKG	SEQ ID NO:20523	GELLEDYYYYGMDV
iPS:392944	21-225_31H5		NA	SEQ ID NO:4500	AGCTATGCCCATGAGC	SEQ ID NO:12512	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGAAGCATATTCCACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20524	GGGGACGCTACTAGAGGACTA CTACTTCTACGGTATGGACG TC
			AA	SEQ ID NO:4501	SYAMS	SEQ ID NO:12513	AISGRGGSIFFADSVKG	SEQ ID NO:20525	GELLEDYYFYGMDV
iPS:392948	21-225_25G5		NA	SEQ ID NO:4502	GACTATGGCATACAC	SEQ ID NO:12514	AATAATAAATATTATGC	SEQ ID NO:20526	GTTATTTGGTATGATGGA AATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20527	GAAATTGGCTGGTTAGATGA CTAC
			AA	SEQ ID NO:4503	DYGIH	SEQ ID NO:12515	VIWYDGNKYYADSVKG	SEQ ID NO:20528	EIGWLDDY

【図４９－４０２】

FIGURE 49

iPS:392950	21-225_25C10		NA	SEQ ID NO:4505	AGCTATAGGATGAAC	SEQ ID NO:12517	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20529	ACGGCTGGTTTTGACTAC
			AA	SEQ ID NO:4506	SYRMN	SEQ ID NO:12518	SISSSSSTIYYADSVKG	SEQ ID NO:20530	TAGFDY
iPS:392952	21-225_26G1		NA	SEQ ID NO:4507	AGCTATGGCATGAAC	SEQ ID NO:12519	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC GGACTCAGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20531	CTGACTACCTTTGACTTC
			AA	SEQ ID NO:4508	SYGMN	SEQ ID NO:12520	SISGSSSYIYYADSVKG	SEQ ID NO:20532	LTFDF
iPS:392954	21-225_26A10		NA	SEQ ID NO:4509	AGCTATGCCCATGAGC	SEQ ID NO:12521	GTTATTAGTGGTAGTGGT GTTAACACATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20533	AAGATAGCAGTGGCTGGTAC TCACTACTTTGACTAC
			AA	SEQ ID NO:4510	SYAMS	SEQ ID NO:12522	VISGSGYNTFYADSVKG	SEQ ID NO:20534	KLAVAGTHYFDY
iPS:392956	21-225_27A11		NA	SEQ ID NO:4511	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12523	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20535	GATTCCTCCCCCTACGGTAT GGACGTC
			AA	SEQ ID NO:4512	SYGMH	SEQ ID NO:12524	VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:20536	DSPYGMDV
iPS:392958	21-225_28C7		NA	SEQ ID NO:4513	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12525	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20537	GAATTAGGCTGGTACGGACGA CTAC

【図４９－４０３】

FIGURE 49

	21-225_28C7			SEQ ID NO:12525	SEQ ID NO:20537		
			AA	SYGMH	VIWYDSNKYYADSVKG	ELGWYDDY	
				SEQ ID NO:4514	SEQ ID NO:12526	SEQ ID NO:20538	
iPS:392960	21-225_29G6		NA	AATTATGATATTTAAT	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
			AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:4516	SEQ ID NO:12528	SEQ ID NO:20540	
iPS:392962	21-225_30A1		NA	AGCTATGTCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATACTACGC	ACTGGGGTCTTTGACTAC	
			AA	SYVMN	AISGSGGSTYYADSVKG	TGVFDY	
				SEQ ID NO:4518	SEQ ID NO:12530	SEQ ID NO:20542	
iPS:392964	21-225_31A8		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCCACGC	GGGGAGCTACTAGAGGACTA CTACTTCTACGGTATGGACG	
			AA	SYAMS	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGLDV	
				SEQ ID NO:4520	SEQ ID NO:12532	SEQ ID NO:20544	
iPS:392966	21-225_32G3		NA	AGCTATGCCATGAAC	TCCATTATGGTGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC	GGCAATATAGCAAGGGACTA C	
			AA	SYSMN	SISGSSSYIYYADSVKG	GNIARDY	
				SEQ ID NO:4522	SEQ ID NO:12534	SEQ ID NO:20546	

【図４９－４０４】

FIGURE 49

	21-225_25B6			AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAGTAATAAATACTATA CAGAGTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCTCTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4523	SEQ ID NO:12535	SEQ ID NO:20547	
			AA	NYGMH	VIWYEGSNKYYVDSVKG	ELGFLSDY	
				SEQ ID NO:4524	SEQ ID NO:12536	SEQ ID NO:20548	
iPS:392972	21-225_26A2		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAATTAGGGCTCGTACGACGA CTAC	
				SEQ ID NO:4525	SEQ ID NO:12537	SEQ ID NO:20549	
			AA	SYGMH	VIWYEGSNKYYVDSVKG	ELGWYDDY	
				SEQ ID NO:4526	SEQ ID NO:12538	SEQ ID NO:20550	
iPS:392974	21-225_26A11		NA	AACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAGTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:4527	SEQ ID NO:12539	SEQ ID NO:20551	
			AA	NCYMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EEYSSGWYDYGMDV	
				SEQ ID NO:4528	SEQ ID NO:12540	SEQ ID NO:20552	
iPS:392976	21-225_27H12		NA	AGCTATACGCCTGAAC	TCCATTATGTGGTAGTAGT AGTTAACATATACTACAC AGACTCAGTGAAGGGC	GTGGTCGTCCTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:4529	SEQ ID NO:12541	SEQ ID NO:20553	
			AA	SYSMN	SISGSSNYIYYADSVKG	VASFDY	
				SEQ ID NO:4530	SEQ ID NO:12542	SEQ ID NO:20554	

【図４９－４０５】

FIGURE 49

iPS:392978	21-225_28B8		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAATTGGCTGGTTAGATGA CTAC	
				SEQ ID NO:4531	SEQ ID NO:12543	SEQ ID NO:20555	
			AA	DYGMH	VIWYDANNKYYADSVKG	EIGWLDDY	
				SEQ ID NO:4532	SEQ ID NO:12544	SEQ ID NO:20556	
iPS:392980	21-225_29H6		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATAATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGACGGGTGA CTCC	
				SEQ ID NO:4533	SEQ ID NO:12545	SEQ ID NO:20557	
			AA	DYGMH	VIWYNENNKYYADSVKG	ELGMTGDS	
				SEQ ID NO:4534	SEQ ID NO:12546	SEQ ID NO:20558	
iPS:392982	21-225_30D1		NA	AGCTATGCCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCCACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGAGCTACTAGAGGACTA CTACTTCTACGGTTTGGACG TC	
				SEQ ID NO:4535	SEQ ID NO:12547	SEQ ID NO:20559	
			AA	SYAMS	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGLDV	
				SEQ ID NO:4536	SEQ ID NO:12548	SEQ ID NO:20560	
iPS:392984	21-225_30E11		NA	ATCTATGCCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCTCATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGTGAAAGCTCAATGA TGGTTTTGATATC	
				SEQ ID NO:4537	SEQ ID NO:12549	SEQ ID NO:20561	
			AA	IYAMS	VISGSGGSSFYADSVKG	DRVKAHDGFDI	
				SEQ ID NO:4538	SEQ ID NO:12550	SEQ ID NO:20562	

【図４９－４０６】

FIGURE 49

iPS:392986	21-225_31B8		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCCACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGAGCTACTAGAGGACTA CTACTTCTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:4539	SEQ ID NO:12551	SEQ ID NO:20563	
			AA	SYAMS	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGLDV	
				SEQ ID NO:4540	SEQ ID NO:12552	SEQ ID NO:20564	
iPS:392988	21-225_25I6		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGACGGGTGA CTCC	
				SEQ ID NO:4541	SEQ ID NO:12553	SEQ ID NO:20565	
			AA	DYGMH	VIWYDENNKYYADSVKG	ELGMTGDS	
				SEQ ID NO:4542	SEQ ID NO:12554	SEQ ID NO:20566	
iPS:392990	21-225_25H10		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCATGAAGGGC	GAACTGGGGATGACGGGTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4543	SEQ ID NO:12555	SEQ ID NO:20567	
			AA	DYGMH	VIWYDESNKYYADSMKG	ELGMTGDY	
				SEQ ID NO:4544	SEQ ID NO:12556	SEQ ID NO:20568	
iPS:392992	21-225_26C4		NA	AATTATGATATCAAC	TCGATGCACCCTAACAG TCGTAACACAGGCTATG CACAGAGATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4545	SEQ ID NO:12557	SEQ ID NO:20569	
			AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQRFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:4546	SEQ ID NO:12558	SEQ ID NO:20570	

【図４９－４０７】

FIGURE 49

iPS:392994	21-225_26G11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4547	SEQ ID NO:12559
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4548	SEQ ID NO:12560
iPS:392996	21-225_28B1	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGG AGGTAACACATCTACG CAGCACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4549	SEQ ID NO:12561
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4550	SEQ ID NO:12562
iPS:392998	21-225_28A9	NA	AGCTATGGCATACAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4551	SEQ ID NO:12563
		AA	SYGIH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4552	SEQ ID NO:12564
iPS:393000	21-225_29D7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4553	SEQ ID NO:12565
		AA	SYGMH	VIWYDESNKYYGDSVKG
			SEQ ID NO:4554	SEQ ID NO:12566

iPS:392994	21-225_26G11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4547	SEQ ID NO:12559
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4548	SEQ ID NO:12560
iPS:392996	21-225_28B1	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGG AGGTAACACATCTACG CAGCACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4549	SEQ ID NO:12561
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4550	SEQ ID NO:12562
iPS:392998	21-225_28A9	NA	AGCTATGGCATACAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4551	SEQ ID NO:12563
		AA	SYGIH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4552	SEQ ID NO:12564
iPS:393000	21-225_29D7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4553	SEQ ID NO:12565
		AA	SYGMH	VIWYDESNKYYGDSVKG
			SEQ ID NO:4554	SEQ ID NO:12566

iPS:392994	21-225_26G11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4547	SEQ ID NO:12559
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4548	SEQ ID NO:12560
iPS:392996	21-225_28B1	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGG AGGTAACACATCTACG CAGCACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4549	SEQ ID NO:12561
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4550	SEQ ID NO:12562
iPS:392998	21-225_28A9	NA	AGCTATGGCATACAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4551	SEQ ID NO:12563
		AA	SYGIH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4552	SEQ ID NO:12564
iPS:393000	21-225_29D7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4553	SEQ ID NO:12565
		AA	SYGMH	VIWYDESNKYYGDSVKG
			SEQ ID NO:4554	SEQ ID NO:12566

iPS:392994	21-225_26G11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4547	SEQ ID NO:12559
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4548	SEQ ID NO:12560
iPS:392996	21-225_28B1	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGG AGGTAACACATCTACG CAGCACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4549	SEQ ID NO:12561
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4550	SEQ ID NO:12562
iPS:392998	21-225_28A9	NA	AGCTATGGCATACAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4551	SEQ ID NO:12563
		AA	SYGIH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4552	SEQ ID NO:12564
iPS:393000	21-225_29D7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4553	SEQ ID NO:12565
		AA	SYGMH	VIWYDESNKYYGDSVKG
			SEQ ID NO:4554	SEQ ID NO:12566

【図４９－４０８】

FIGURE 49

iPS:393002	21-225_30G1	NA	TACTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4555	SEQ ID NO:12567
		AA	YYGMH	VIWHDGSNKYYVDSVKG
			SEQ ID NO:4556	SEQ ID NO:12568
iPS:393004	21-225_30G11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCAACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4557	SEQ ID NO:12569
		AA	SYAMS	AISGRGGSTFNADSVKG
			SEQ ID NO:4558	SEQ ID NO:12570
iPS:393006	21-225_31G9	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCAATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4559	SEQ ID NO:12571
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG
			SEQ ID NO:4560	SEQ ID NO:12572
iPS:393010	21-225_25E11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4561	SEQ ID NO:12573
		AA	SYAMS	VISGGGGSTFYYADSVKG
			SEQ ID NO:4562	SEQ ID NO:12574
iPS:393012	21-225_26G7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4563	SEQ ID NO:12575

iPS:393002	21-225_30G1	NA	TACTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4555	SEQ ID NO:12567
		AA	YYGMH	VIWHDGSNKYYVDSVKG
			SEQ ID NO:4556	SEQ ID NO:12568
iPS:393004	21-225_30G11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCAACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4557	SEQ ID NO:12569
		AA	SYAMS	AISGRGGSTFNADSVKG
			SEQ ID NO:4558	SEQ ID NO:12570
iPS:393006	21-225_31G9	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCAATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4559	SEQ ID NO:12571
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG
			SEQ ID NO:4560	SEQ ID NO:12572
iPS:393010	21-225_25E11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4561	SEQ ID NO:12573
		AA	SYAMS	VISGGGGSTFYYADSVKG
			SEQ ID NO:4562	SEQ ID NO:12574
iPS:393012	21-225_26G7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4563	SEQ ID NO:12575

iPS:393002	21-225_30G1	NA	TACTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4555	SEQ ID NO:12567
		AA	YYGMH	VIWHDGSNKYYVDSVKG
			SEQ ID NO:4556	SEQ ID NO:12568
iPS:393004	21-225_30G11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCAACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4557	SEQ ID NO:12569
		AA	SYAMS	AISGRGGSTFNADSVKG
			SEQ ID NO:4558	SEQ ID NO:12570
iPS:393006	21-225_31G9	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCAATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4559	SEQ ID NO:12571
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG
			SEQ ID NO:4560	SEQ ID NO:12572
iPS:393010	21-225_25E11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4561	SEQ ID NO:12573
		AA	SYAMS	VISGGGGSTFYYADSVKG
			SEQ ID NO:4562	SEQ ID NO:12574
iPS:393012	21-225_26G7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4563	SEQ ID NO:12575

【図４９－４０９】

FIGURE 49

iPS:393014	21-225_26D12	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4564	SEQ ID NO:12576
		NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4565	SEQ ID NO:12577
		AA	SYGMH	VIWYDGSNEYYADSVKG
			SEQ ID NO:4566	SEQ ID NO:12578
iPS:393016	21-225_28F11	NA	AGCTATCGCCATGAGC	GTTACTAGTGGTAGTGGT GGTACCACATTCTACGC AGCACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4567	SEQ ID NO:12579
		AA	SYAMS	VTSGSGGTTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4568	SEQ ID NO:12580
iPS:393018	21-225_29B8	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4569	SEQ ID NO:12581
		AA	DYGMH	VIWYDENNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4570	SEQ ID NO:12582
iPS:393020	21-225_30E2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAAATCTATGC AGTCTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4571	SEQ ID NO:12583
		AA	SYGMH	VISYGGSNKFYAVSVKG
			SEQ ID NO:4572	SEQ ID NO:12584

iPS:393014	21-225_26D12	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4564	SEQ ID NO:12576
		NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4565	SEQ ID NO:12577
		AA	SYGMH	VIWYDGSNEYYADSVKG
			SEQ ID NO:4566	SEQ ID NO:12578
iPS:393016	21-225_28F11	NA	AGCTATCGCCATGAGC	GTTACTAGTGGTAGTGGT GGTACCACATTCTACGC AGCACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4567	SEQ ID NO:12579
		AA	SYAMS	VTSGSGGTTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4568	SEQ ID NO:12580
iPS:393018	21-225_29B8	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4569	SEQ ID NO:12581
		AA	DYGMH	VIWYDENNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4570	SEQ ID NO:12582
iPS:393020	21-225_30E2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAAATCTATGC AGTCTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4571	SEQ ID NO:12583
		AA	SYGMH	VISYGGSNKFYAVSVKG
			SEQ ID NO:4572	SEQ ID NO:12584

iPS:393014	21-225_26D12	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4564	SEQ ID NO:12576
		NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4565	SEQ ID NO:12577
		AA	SYGMH	VIWYDGSNEYYADSVKG
			SEQ ID NO:4566	SEQ ID NO:12578
iPS:393016	21-225_28F11	NA	AGCTATCGCCATGAGC	GTTACTAGTGGTAGTGGT GGTACCACATTCTACGC AGCACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4567	SEQ ID NO:12579
		AA	SYAMS	VTSGSGGTTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4568	SEQ ID NO:12580
iPS:393018	21-225_29B8	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4569	SEQ ID NO:12581
		AA	DYGMH	VIWYDENNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4570	SEQ ID NO:12582
iPS:393020	21-225_30E2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAAATCTATGC AGTCTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4571	SEQ ID NO:12583
		AA	SYGMH	VISYGGSNKFYAVSVKG
			SEQ ID NO:4572	SEQ ID NO:12584

【図４９－４１０】

FIGURE 49

iPS:393022	21-225_30H11	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4573	SEQ ID NO:12585
		AA	SYSMN	SISGSSSYIYYADSVKG
			SEQ ID NO:4574	SEQ ID NO:12586
iPS:393024	21-225_31H9	NA	AGCTGTGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCTCATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4575	SEQ ID NO:12587
		AA	SCAMN	AISGSGGSSFYADSVKG
			SEQ ID NO:4576	SEQ ID NO:12588
iPS:393026	21-225_32B6	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATACTAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4577	SEQ ID NO:12589
		AA	DYGMH	VIWYDENTKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4578	SEQ ID NO:12590
iPS:393028	21-225_25D7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGAGG TGCTACCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4579	SEQ ID NO:12591
		AA	SYAMS	AISGRGGTTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4580	SEQ ID NO:12592
iPS:393030	21 225 25H11	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATGAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC

iPS:393022	21-225_30H11	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4573	SEQ ID NO:12585
		AA	SYSMN	SISGSSSYIYYADSVKG
			SEQ ID NO:4574	SEQ ID NO:12586
iPS:393024	21-225_31H9	NA	AGCTGTGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCTCATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4575	SEQ ID NO:12587
		AA	SCAMN	AISGSGGSSFYADSVKG
			SEQ ID NO:4576	SEQ ID NO:12588
iPS:393026	21-225_32B6	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATACTAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4577	SEQ ID NO:12589
		AA	DYGMH	VIWYDENTKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4578	SEQ ID NO:12590
iPS:393028	21-225_25D7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGAGG TGCTACCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4579	SEQ ID NO:12591
		AA	SYAMS	AISGRGGTTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4580	SEQ ID NO:12592
iPS:393030	21 225 25H11	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATGAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC

iPS:393022	21-225_30H11	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4573	SEQ ID NO:12585
		AA	SYSMN	SISGSSSYIYYADSVKG
			SEQ ID NO:4574	SEQ ID NO:12586
iPS:393024	21-225_31H9	NA	AGCTGTGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCTCATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4575	SEQ ID NO:12587
		AA	SCAMN	AISGSGGSSFYADSVKG
			SEQ ID NO:4576	SEQ ID NO:12588
iPS:393026	21-225_32B6	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATACTAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4577	SEQ ID NO:12589
		AA	DYGMH	VIWYDENTKYYADSVKG
			SEQ ID NO:4578	SEQ ID NO:12590
iPS:393028	21-225_25D7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGAGG TGCTACCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:4579	SEQ ID NO:12591
		AA	SYAMS	AISGRGGTTFYADSVKG
			SEQ ID NO:4580	SEQ ID NO:12592
iPS:393030	21 225 25H11	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATGAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC

10

20

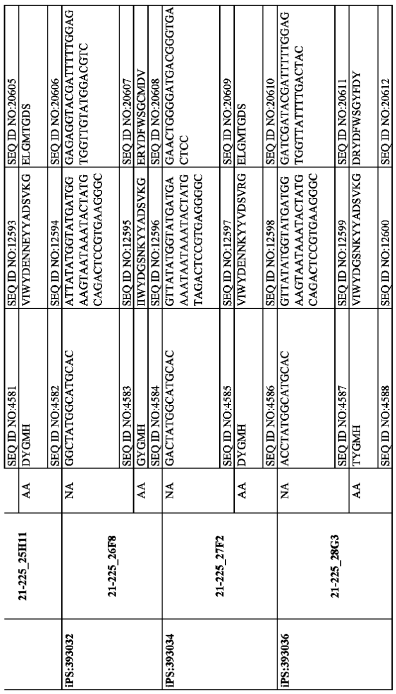
30

40

50

【図４９－４１１】

FIGURE 49



	21-225_25H11			SEQ ID NO:12593	SEQ ID NO:20605	
			AA	DYGMH	VIWYDSNEYYADSVKG	ELGMTGDS
				SEQ ID NO:4582	SEQ ID NO:12594	SEQ ID NO:20606
iPS:393032	21-225_26F8		NA	GGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGAG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTACGATTTTTGGAG TGGTTGTATGGACGTC
			AA	GYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	ERYDFWSGCMDV
				SEQ ID NO:4584	SEQ ID NO:12596	SEQ ID NO:20608
iPS:393034	21-225_27F2		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAGGGGC	GAACTGGGGATGACGGGTGA CTCC
				SEQ ID NO:4585	SEQ ID NO:12597	SEQ ID NO:20609
			AA	DYGMH	VIWYDENKKYYVDSVRG	ELGMTGDS
				SEQ ID NO:4586	SEQ ID NO:12598	SEQ ID NO:20610
iPS:393036	21-225_28G3		NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGATACGATTTTTGGAG TCGTTATTTTGACTAC
				SEQ ID NO:4587	SEQ ID NO:12599	SEQ ID NO:20611
			AA	TYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRYDFWSGYFDY
				SEQ ID NO:4588	SEQ ID NO:12600	SEQ ID NO:20612

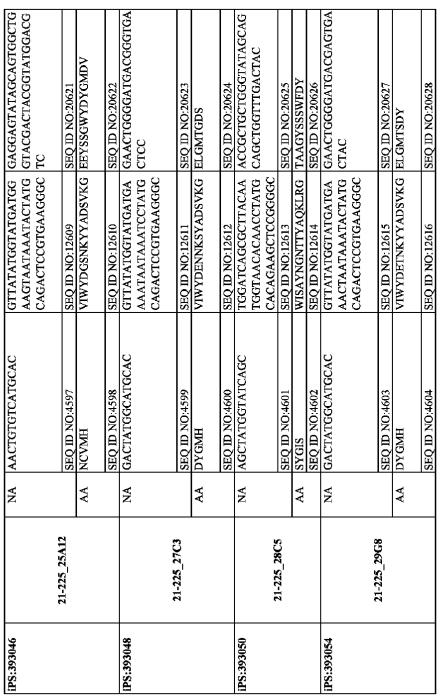
【図４９－４１２】

FIGURE 49

	21-225_29D8		NA	GACTATGGCATACAC	GTTATATGGTTTGATGGA ACTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAATTGGCTGGTTAGATGA CTAC
				SEQ ID NO:4589	SEQ ID NO:12601	SEQ ID NO:20613
			AA	DYGIH	VIWFDGTNKYYADSVKG	EIGWLDDY
				SEQ ID NO:4590	SEQ ID NO:12602	SEQ ID NO:20614
iPS:393040	21-225_30K3		NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTATGGTCCGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGAAGAGGGC	GGGGAGCTATTAGAGGACTA CTACTACTACGGAAATGGACG TC
				SYAMN	AISGRGGSTFYADSEKG	GELLEDYYYYGMDV
			AA	SYAMN	AISGRGGSTFYADSEKG	GELLEDYYYYGMDV
				SEQ ID NO:4592	SEQ ID NO:12604	SEQ ID NO:20616
iPS:393042	21-225_31F1		NA	GACTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACCAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATAGTAGCAATTTCAGCAA CTGGTAGCGATTACTACGGTA TCGGACGTC
				SEQ ID NO:4593	SEQ ID NO:12605	SEQ ID NO:20617
			AA	DYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	DSSNFSNWYDYYGMDV
				SEQ ID NO:4594	SEQ ID NO:12606	SEQ ID NO:20618
iPS:393044	21-225_25B8		NA	AGCTATGGTATCAGC	TGGATCAGCGCTTACAA TGGTAACACAACCTATG CACAGAAGCTCCGGCGC	ACCGCTGCTGGGTATAGCAG CAGCTGGTTTGACTAC
				SEQ ID NO:4595	SEQ ID NO:12607	SEQ ID NO:20619
			AA	SYGIS	WISAYNGNTTYAQKLRG	TAAGYSSSWFDY
				SEQ ID NO:4596	SEQ ID NO:12608	SEQ ID NO:20620

【図４９－４１３】

FIGURE 49



	21-225_25A12		NA	AACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGACTATACGAGTGGCTG GTACGACTACCGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:4597	SEQ ID NO:12609	SEQ ID NO:20621
			AA	NCVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EFYSSGWYDYGMDV
				SEQ ID NO:4598	SEQ ID NO:12610	SEQ ID NO:20622
iPS:393048	21-225_27C3		NA	GACTATGGTATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGACGGGTGA CTCC
				SEQ ID NO:4599	SEQ ID NO:12611	SEQ ID NO:20623
			AA	DYGMH	VIWYDENKKSYADSVKG	ELGMTGDS
				SEQ ID NO:4600	SEQ ID NO:12612	SEQ ID NO:20624
iPS:393050	21-225_28C5		NA	AGCTATGGTATCAGC	TGGATCAGCGCTTACAA TGGTAACACAACCTATG CACAGAAGCTCCGGGGC	ACCGCTGCTGGGTATAGCAG CAGCTGGTTTGACTAC
				SEQ ID NO:4601	SEQ ID NO:12613	SEQ ID NO:20625
			AA	SYGIS	WISAYNGNTTYAQKLRG	TAAGYSSSWFDY
				SEQ ID NO:4602	SEQ ID NO:12614	SEQ ID NO:20626
iPS:393054	21-225_29G8		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AACTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGACGGAGTGA CTAC
				SEQ ID NO:4603	SEQ ID NO:12615	SEQ ID NO:20627
			AA	DYGMH	VIWYDFTNKYYADSVKG	ELGMTSDY
				SEQ ID NO:4604	SEQ ID NO:12616	SEQ ID NO:20628

【図４９－４１４】

FIGURE 49

	21-225_30F3		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAATGGGCTGGTACGATGA CTAC
				SEQ ID NO:4605	SEQ ID NO:12617	SEQ ID NO:20629
			AA	SYGMH	VIWYDVSNKYYADSVKG	EMGWYDDY
				SEQ ID NO:4606	SEQ ID NO:12618	SEQ ID NO:20630
iPS:393058	21-225_31H3		NA	AGCTATGCCCATGAAC	GCTATTATGGTCCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGAGTTACTAGAGGACTA CTACTACTACGGAAATGGACG TC
				SEQ ID NO:4607	SEQ ID NO:12619	SEQ ID NO:20631
			AA	SYAMN	AISGRGGNTFYADSVKG	GHLLEDYYYYGMDV
				SEQ ID NO:4608	SEQ ID NO:12620	SEQ ID NO:20632
iPS:393060	21-225_32G12		NA	AGCTATGCCCATGAGC	TCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCCACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGAGCTACTAGAGGACTA CTACTTCTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:4609	SEQ ID NO:12621	SEQ ID NO:20633
			AA	SYAMS	SISGRGGSTFHADSVKG	GHLLEDYYFYGMDV
				SEQ ID NO:4610	SEQ ID NO:12622	SEQ ID NO:20634
iPS:393062	21-225_33H3		NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATGGTGGA AGTAATAACTTCTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	AGGGGGCTATAGCAGTGGAGG CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:4611	SEQ ID NO:12623	SEQ ID NO:20635
			AA	SYGMH	IISYGGSNNFYADSVKG	RGYSSGGYGMDV
				SEQ ID NO:4612	SEQ ID NO:12624	SEQ ID NO:20636
iPS:393064	21-225_33A9		NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AAGAAGGCTAACGACTAC
				SEQ ID NO:4613	SEQ ID NO:12625	SEQ ID NO:20637

【図４９－４１５】

FIGURE 49

		AA	SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	KKANDY
iPS:393066	21-225_34D3	NA	SEQ ID NO:4614	SEQ ID NO:12626	SEQ ID NO:20638
			TACTATGGCATGATGG	GTTATATGGCATGATGG	GAAAATAGCAGTTCGTTCTA
				AAGTAATAAATACTATG	CTTTGACTAC
				TAGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4615	SEQ ID NO:12627	SEQ ID NO:20639
			YYGMH	VIWHDGSNKYYVDSVKG	ENSSSFYFDY
iPS:393068	21-225_34G9	NA	SEQ ID NO:4616	SEQ ID NO:12628	SEQ ID NO:20640
			AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT	GGGGAGCTACTAGAGGACTA
				GGTAGCACATTCCACGC	CTACTTCTACGGTATGGACG
				AGACTCCGTGAAGGGC	TC
		AA	SEQ ID NO:4617	SEQ ID NO:12629	SEQ ID NO:20641
			SYAMS	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGMDV
iPS:393072	21-225_36C5	NA	SEQ ID NO:4618	SEQ ID NO:12630	SEQ ID NO:20642
			AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTCGTGGT	GGGGAGCTATTAGAGGACTA
				GGTAGCACATTCCACGC	CTACTTCTACGGTATGGACG
				AGACTCCGTGAAGGGC	TC
		AA	SEQ ID NO:4619	SEQ ID NO:12631	SEQ ID NO:20643
			SYAMN	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGMDV
iPS:393074	21-225_33B1	NA	SEQ ID NO:4620	SEQ ID NO:12632	SEQ ID NO:20644
			GACTATGGCATGCAC	GTTAATAGTGGTATGATAG	GAAATGGGCTGTACGATGA
				AAATAATAAATACTATG	CTAC
				CAGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4621	SEQ ID NO:12633	SEQ ID NO:20645
			DYGMH	VIWYDRNNKYYADSVKG	EMGWYDDY

【図４９－４１６】

FIGURE 49

		AA	SEQ ID NO:4622	SEQ ID NO:12634	SEQ ID NO:20646
iPS:393076	21-225_33A4	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGCGTCGTGGT	GGGGAACTACTAGAGGACTA
				GGTAGCACATTCTACGC	CTCCTACTACGGTATGGACG
				AGACTCCGTGAAGGGC	TC
		AA	SYAMN	AISRGGSTFYADSVKG	GELLEDYSYYGIDV
iPS:393078	21-225_33H11	NA	SEQ ID NO:4624	SEQ ID NO:12636	SEQ ID NO:20648
			AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT	ACAAACGGTATGGACGTC
				AGTTACATACTACGC	
				AGACTCAGTGAAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4625	SEQ ID NO:12637	SEQ ID NO:20649
			SYSMN	SISGSSSYIYYADSVKG	TNGMDV
iPS:393080	21-225_34F3	NA	SEQ ID NO:4626	SEQ ID NO:12638	SEQ ID NO:20650
			GGCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG	GACGGTACCACGCTCCTTTGA
				TGGTGGCACACAACTATG	CTAC
				CACAGAAGTTTCAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4627	SEQ ID NO:12639	SEQ ID NO:20651
			GYHMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY
iPS:393082	21-225_34C11	NA	SEQ ID NO:4628	SEQ ID NO:12640	SEQ ID NO:20652
			AGTTATACCATGAGC	TCCATTAGTGGTAGTAGTT	TTAACTGGTTTTGACTAC
				AATTACATACTACGC	
				AGACTCAGTGAAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4629	SEQ ID NO:12641	SEQ ID NO:20653
			SYTMS	SISGSSNYIYYADSVKG	LTGDFDY
iPS:393084	21-225_35C6	NA	SEQ ID NO:4630	SEQ ID NO:12642	SEQ ID NO:20654
			GGCGATTATATGCAC	TGGATCAGCCCTAAAAA	GATGGAACTGGGTCCTTTGA
				TGGTGGCACAAACTATG	CTAC
				CACAGAAGTTTCAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4631	SEQ ID NO:12643	SEQ ID NO:20655

【図４９－４１７】

FIGURE 49

		AA	GDYMH	WISPKNGGTNYAQKFQG	DGTGSFDY
iPS:393086	21-225_36H5	NA	SEQ ID NO:4632	SEQ ID NO:12644	SEQ ID NO:20656
			GACTATCATATGCAC	TGGATCAACCCTAATAG	GATGGAAACTGGGTCCTTTGA
				GGGTGGCACAAACTATG	CTAC
				CACAGAAGTTTCAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4633	SEQ ID NO:12645	SEQ ID NO:20657
			DYHMH	WINPNRGGTNYAQKFQD	DGTGSFDY
iPS:393088	21-225_33D1	NA	SEQ ID NO:4634	SEQ ID NO:12646	SEQ ID NO:20658
			AATTATGACATTAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT
				TGGTAACACAGGCTTTG	TGACTAC
				CACAGAAGTTCCGGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4635	SEQ ID NO:12647	SEQ ID NO:20659
			NYDIN	WMHPNSGNTGFAQKFRG	SSGWYFFDY
iPS:393090	21-225_33A5	NA	SEQ ID NO:4636	SEQ ID NO:12648	SEQ ID NO:20660
			AGCTATGTCATAAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT	ACTTCCCCTCTTTGACTAC
				GTTAGCACATACTACGC	
				AGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4637	SEQ ID NO:12649	SEQ ID NO:20661
			SYVIN	AISGSGVSTYYADSVKG	TSLFDY
iPS:393092	21-225_34C12	NA	SEQ ID NO:4638	SEQ ID NO:12650	SEQ ID NO:20662
			CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GAAAATAGCAGCTCGTACTA
				AAGTAATAAATACTATG	CTTTGACTAC
				CAGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4639	SEQ ID NO:12651	SEQ ID NO:20663
			HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ENSSSYYFDY
			SEQ ID NO:4640	SEQ ID NO:12652	SEQ ID NO:20664

【図４９－４１８】

FIGURE 49

		NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG	AGTATCTATTATAGTGGG	CTGAGCAGCAGCTGGTCTTT
iPS:393094	21-225_34C4		C	AGCACCGCCTACAATCC	TGACTAC
				GTCCCTCAAGAGT	
			SEQ ID NO:4641	SEQ ID NO:12653	SEQ ID NO:20665
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSTAYNPSLKS	LSSSWSFDY
iPS:393096	21-225_34D11	NA	SEQ ID NO:4642	SEQ ID NO:12654	SEQ ID NO:20666
			AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTCGTGGT	GGGGAGTTTAGTAGAGGACTA
				GGTAGCACATTCCACGC	CTACTTCTACGGTATGGACG
				AGACTCCGTGAAGGGC	TC
		AA	SEQ ID NO:4643	SEQ ID NO:12655	SEQ ID NO:20667
			SYAMN	AISGRGGSTFHADSVKG	GHLVFDYYFYGMDV
iPS:393098	21-225_35G6	NA	SEQ ID NO:4644	SEQ ID NO:12656	SEQ ID NO:20668
			GACTACCATATACAC	TGGATCAACCCTAACAA	GATGGAAACTGGGTCCTTTGA
				TGGTGGCACACACTATG	CTAC
				CACAGGAGTTTCAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4645	SEQ ID NO:12657	SEQ ID NO:20669
			DYHIH	WINPNNGGTHYAQKFQG	DGTGSFDY
iPS:393100	21-225_36B8	NA	SEQ ID NO:4646	SEQ ID NO:12658	SEQ ID NO:20670
			AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG	GAAAATAGCAGCTCGTACTA
				AAGTAATAAATACTATG	CTTTGACTAC
				GAGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SEQ ID NO:4647	SEQ ID NO:12659	SEQ ID NO:20671
			NYGMH	VIWHDGSNKYYGDSVKG	ENSSSYYFDY
			SEQ ID NO:4648	SEQ ID NO:12660	SEQ ID NO:20672
iPS:393102	21 225 33F1	NA	AGCTATGCCATGAGC	TCTATTAGTGGTCGTGGT	GGGGAGCTTACTTGAGGACTA
				GGTAGCACATTCCACGC	CTACTTCTACGGTATGGACG
				AGACTCCGTGAAGGGC	TC

10

20

30

40

50

【図４９－４１９】

FIGURE 49

IPS:393104	21-225_33F1	NA	AGCTGTGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:12661	SEQ ID NO:20673
		AA	SYAMS	SISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGMDV	
	21-225_33A7	NA	AGCTGTGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:12662	SEQ ID NO:20674
					SEQ ID NO:4651	SEQ ID NO:20675
		AA	SCAMS	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGMDV	
IPS:393106	21-225_34A6	NA	AACTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGCGTCGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:12664	SEQ ID NO:20676
					SEQ ID NO:4653	SEQ ID NO:20677
		AA	NYAMN	AISRRGGSTFYADSVKG	GELLEDYYFAMDV	
IPS:393108	21-225_34G11	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:12666	SEQ ID NO:20678
					SEQ ID NO:4654	SEQ ID NO:20679
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	DISNFSSWYDYYAMDV	
IPS:393110	21-225_35B7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGCGTCGTGGT GGTAGCACATTCCACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:4656	SEQ ID NO:20680
					SEQ ID NO:12668	SEQ ID NO:20681
		AA	SYAMS	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGMDV	
IPS:393112	21 225_33G1	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAGCCCTAACAA TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:4657	SEQ ID NO:20682
					SEQ ID NO:12670	SEQ ID NO:20683
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	DISNFSSWYDYYAMDV	

【図４９－４２０】

FIGURE 49

IPS:393114	21-225_33G12	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGTGGT GGTAGCTCATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:4659	SEQ ID NO:20683
		AA	GYYMH	WISPNNGGTNYAQKFQG	DGTGSFDY	
	21-225_34G7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGTGGT GGTAGCTCATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:12672	SEQ ID NO:20684
					SEQ ID NO:4660	SEQ ID NO:20685
		AA	SYAMS	VISGSGGSSFYADSVKG	DRVRAHDGFDI	
IPS:393116	21-225_34H11	NA	GACTACCATATTCAC	TGGATCAACCCTAACAA TCGTGGCACACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:4662	SEQ ID NO:20686
					SEQ ID NO:12674	SEQ ID NO:20687
		AA	DYHIH	WINPNNGGTHYAQKFQG	DGTGSFDY	
IPS:393118	21-225_34H8	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTCGTGGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:4663	SEQ ID NO:20688
					SEQ ID NO:12675	SEQ ID NO:20689
		AA	SYAMN	AISGRGGSTFYADSVKG	GELLEDYYYYGMDV	
IPS:393120	21-225_35E8	NA	AGTTATAGCATGAAC	TCCATTATGTGGTACTGGTT AGTTTCATATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	SEQ ID NO:4664	SEQ ID NO:20690
					SEQ ID NO:12676	SEQ ID NO:20691
		AA	SYNMN	SISGTGSFTYYADSVKG	VSGSFDY	
					SEQ ID NO:4667	SEQ ID NO:20692
		AA	SYNMN	SISGTGSFTYYADSVKG	VSGSFDY	
					SEQ ID NO:4668	SEQ ID NO:20692

【図４９－４２１】

FIGURE 49

IPS:393122	21-225_33B2	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAATAGCAGCTCGTACTA CTTTGACTAC	
			SEQ ID NO:4669	SEQ ID NO:12681	SEQ ID NO:20693	
		AA	NYGMH	VIWIDGSNKYYADSVKG	ENSSSYYFDY	
			SEQ ID NO:4670	SEQ ID NO:12682	SEQ ID NO:20694	
IPS:393124	21-225_33G7	NA	AACTATGCCATGAGC	GCTATTAGTCGTCGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACGCTACTAGAGGACTA CTCCTACTACGGTATGGACG TC	
			SEQ ID NO:4671	SEQ ID NO:12683	SEQ ID NO:20695	
		AA	NYAMS	AISRRGGSTFYADSVKG	GELLEDYSYYGMDV	
IPS:393126	21-225_35D1	NA	AGCTATGCCCATGAGC	GCTATTAGTCGGTCGTGGT GGTAGCACATTCCACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGAGTTACTAGAGGACTA CTACTTCTACGGTATGGACG TC	
			SEQ ID NO:4673	SEQ ID NO:12685	SEQ ID NO:20697	
		AA	SYAMS	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGMDV	
IPS:393128	21-225_35F11	NA	AGCTATGCCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCCGTGGT GGTAGCACATTCCACGC AGACTCCATGAAGGGC	GGGGAGCTACTAGAGGACTA CTACTTCTACGGTATGGACG TC	
			SEQ ID NO:4674	SEQ ID NO:12686	SEQ ID NO:20698	
		AA	SYAMS	AISGRGGSTFHADSMKG	GELLEDYYFYGMDV	
IPS:393130	21-225_33C2	NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC GGACTCAGTGAAGGGC	GATCGGGGGGGGGACC	
			SEQ ID NO:4677	SEQ ID NO:12689	SEQ ID NO:20701	

【図４９－４２２】

FIGURE 49

IPS:393132	21-225_33H7	AA	SYTMN	SISGSSSYTYYADSVKG	DRGGT	
			SEQ ID NO:4678	SEQ ID NO:12690	SEQ ID NO:20702	
		NA	GACTACCATATACAC	TGGATCAACCCTAACAA TGGTGGCACACACTATG CACAGGAGTTTCAGGGC	GATGGAAACTGGGGTCCTTTGA CTAC	
			SEQ ID NO:4679	SEQ ID NO:12691	SEQ ID NO:20703	
		AA	DYHIH	WINPNNGGTHYAQEFQG	DGTGSFDY	
			SEQ ID NO:4680	SEQ ID NO:12692	SEQ ID NO:20704	
IPS:393134	21-225_34C2	NA	AACTATGTCATGCAC	CTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAATAGCAGCTCGTACTA CTTTGACTAC	
			SEQ ID NO:4681	SEQ ID NO:12693	SEQ ID NO:20705	
		AA	NYVMH	LIWYDGSNKYYADSVKG	ENSSSYYFDY	
			SEQ ID NO:4682	SEQ ID NO:12694	SEQ ID NO:20706	
IPS:393136	21-225_34D8	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAATAGCAGCTCGTACTA CTTTGACTAC	
			SEQ ID NO:4683	SEQ ID NO:12695	SEQ ID NO:20707	
		AA	NYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ENSSSYYFDY	
			SEQ ID NO:4684	SEQ ID NO:12696	SEQ ID NO:20708	
IPS:393138	21-225_35F3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGGGGTAATAGCAGTGGAGG CTACGGTATGGACGTC	
			SEQ ID NO:4685	SEQ ID NO:12697	SEQ ID NO:20709	

【図４９－４２３】

FIGURE 49

				AA	SYGMH	VISYGGSNKYYADSVKG	RGYSSGGYGMDV
					SEQ ID NO:4686	SEQ ID NO:12698	SEQ ID NO:20710
iPS:393140			NA	GACTACTATATACAC	TGGATCAACCCTAATAG GGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGAACCTGGGTCCTTTGA CTAC	
	21-225_35H12				SEQ ID NO:4687	SEQ ID NO:12699	SEQ ID NO:20711
			AA	DYYIH	WINPNRGGTNYAQKFQG	DGTGSFDY	
					SEQ ID NO:4688	SEQ ID NO:12700	SEQ ID NO:20712
iPS:393142			NA	AGCTATGGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT ACTTACATATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	ACAAACGGTATGGACGTC	
	21-225_33A3				SEQ ID NO:4689	SEQ ID NO:12701	SEQ ID NO:20713
			AA	SYGMN	SISGSSTYTYYADSVKG	TNGMDV	
					SEQ ID NO:4690	SEQ ID NO:12702	SEQ ID NO:20714
iPS:393144			NA	AATTATGACATTAAC	TGGCTGCACCCTAACAG TGGTACACAGGCTTTGC ACAGAAGTTCCGGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT TGACTAC	
	21-225_34D2				SEQ ID NO:4691	SEQ ID NO:12703	SEQ ID NO:20715
			AA	NYDIN	WLHPNSGTTGFAQKFRG	SSGWYFFDY	
					SEQ ID NO:4692	SEQ ID NO:12704	SEQ ID NO:20716
iPS:393146			NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCCACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGAGCTACTAGAGGACTA CTACTTCTACGGTATGGACG TC	
	21-225_34C8				SEQ ID NO:4693	SEQ ID NO:12705	SEQ ID NO:20717
			AA	SYAMS	AISGRGGSTFHADSVKG	GELLEDYYFYGMDV	
					SEQ ID NO:4694	SEQ ID NO:12706	SEQ ID NO:20718
iPS:393148			NA	AGTTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AAGAAGTCTAACGACTAC	
	21-225_35E5				SEQ ID NO:4695	SEQ ID NO:12707	SEQ ID NO:20719

【図４９－４２４】

FIGURE 49

				AA	SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	KKSNDY
					SEQ ID NO:4696	SEQ ID NO:12708	SEQ ID NO:20720
iPS:393150			NA	AACTATGCCCATGAAC	GCTATTAGTCGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGAGCTACTAGAGGACTA CTACTACTACGCTATGGACG TC	
	21-225_36A5				SEQ ID NO:4697	SEQ ID NO:12709	SEQ ID NO:20721
			AA	NYAMN	AISRRGGNTFYADSVKG	GELLEDYYYYYAMDV	
					SEQ ID NO:4698	SEQ ID NO:12710	SEQ ID NO:20722
iPS:393152			NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATTCCTCCCCCTACGGTAT GGACGTC	
	21-225_25B3				SEQ ID NO:4699	SEQ ID NO:12711	SEQ ID NO:20723
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DSSPYGMDV	
					SEQ ID NO:4700	SEQ ID NO:12712	SEQ ID NO:20724
iPS:393166			NA	GGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAAAAAATACAATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGGGTATATTGTAGTAG TACCAGCTGCTCCCCTTACT ACTACTACTACGGTATGGAC GTC	
	21-225_27G6				SEQ ID NO:4701	SEQ ID NO:12713	SEQ ID NO:20725
			AA	GYGMH	IIWYDGSKKYNADSVKG V	DRVYCSSTSCSPYYYYYGMD	
					SEQ ID NO:4702	SEQ ID NO:12714	SEQ ID NO:20726
iPS:393168			NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGATGGCACTAACTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGGTTTTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGACCTCG ACCCC	
	21-225_32B11				SEQ ID NO:4703	SEQ ID NO:12715	SEQ ID NO:20727
			AA	GYYMH	WINYNSGTINYAQKFQG	GFTYGSGSYYNDLDP	
					SEQ ID NO:4704	SEQ ID NO:12716	SEQ ID NO:20728

【図４９－４２５】

FIGURE 49

				AA	TACTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGAGGGGGGGCTATGG ACGTCCCCGATGCTTTTGATA TC
					SEQ ID NO:4705	SEQ ID NO:12717	SEQ ID NO:20729
	21-225_3B12			YYGMH	VISYDGSNKYYADSVKG	DRRGGYGVPDAFDI	
			AA		SEQ ID NO:4706	SEQ ID NO:12718	SEQ ID NO:20730
iPS:393174			NA	GGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGTCTATTGTAGTAG TACCAGCTGCGTCCCTTACT ACGACTACTACGGTATGGAC GTC	
	21-225_15D8				SEQ ID NO:4707	SEQ ID NO:12719	SEQ ID NO:20731
			AA	GYGMH	VISYDGSNKYYADSVKG V	DRVYCSSTSCVPYYDYYGMD	
					SEQ ID NO:4708	SEQ ID NO:12720	SEQ ID NO:20732
iPS:393176			NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAATTCCTATTGTAGTAG TACCAGCTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC	
	21-225_27E7				SEQ ID NO:4709	SEQ ID NO:12721	SEQ ID NO:20733
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG V	EDSVCSSTSCPYYYYYGMDV	
					SEQ ID NO:4710	SEQ ID NO:12722	SEQ ID NO:20734
iPS:393178			NA	GGCTACTATATGTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTATTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGACCTCG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGGTTTTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGACCTCG ACCCC	
	21-225_34D7				SEQ ID NO:4711	SEQ ID NO:12723	SEQ ID NO:20735
			AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYYYGSGSYYNDLDP	
					SEQ ID NO:4712	SEQ ID NO:12724	SEQ ID NO:20736

【図４９－４２６】

FIGURE 49

				AA	AGCTATGCCATGAGC	ACTCTTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGGGACGTGGAATACAGCTA TGAGTACTACTACGGTATGG ACGTC
					SEQ ID NO:4713	SEQ ID NO:12725	SEQ ID NO:20737
	21-225_4G12			SYAMS	ITLSGRGGSTYYADSVKG	WGRGYSYEYYYGMDV	
			AA		SEQ ID NO:4714	SEQ ID NO:12726	SEQ ID NO:20738
iPS:393182			NA	GGCTACTATATGTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTCTG CACAGAAGTTTCAGGGC	TCCTATTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGAGTTTG ACTAC	
	21-225_4B3				SEQ ID NO:4715	SEQ ID NO:12727	SEQ ID NO:20739
			AA	GYYMH	WINPNSGGTNSAQKFQG	SYYYGSGSYYNHFDY	
					SEQ ID NO:4716	SEQ ID NO:12728	SEQ ID NO:20740
iPS:393184			NA	ACTGGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGCATGAT GATAAGCGCTACAGTCC ATCTCTGAGGAGC	ATAGTAGGCAGTTGCCTTTGA CTAC	
	21-225_15H11				SEQ ID NO:4717	SEQ ID NO:12729	SEQ ID NO:20741
			AA	TGGVGVG	LIYWHDDKRYSPSLRS	IVAVAFDY	
					SEQ ID NO:4718	SEQ ID NO:12730	SEQ ID NO:20742
iPS:393186			NA	GGCTACTATATGTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GAGAGGTGTAGTACTACCAG TTGCTATTTAGGAATTACGG GCTACTACGGTATGGACGTC	
	21-225_27D9				SEQ ID NO:4719	SEQ ID NO:12731	SEQ ID NO:20743
			AA	GYYMH	WINPNSGGTKYAQKFQG	ERCSTTSCYLGITGYYGMDV	
					SEQ ID NO:4720	SEQ ID NO:12732	SEQ ID NO:20744
iPS:393188			NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	TTAATAGCAGTGACTTTTGA CTCC	
	21-225_34B9				SEQ ID NO:4721	SEQ ID NO:12733	SEQ ID NO:20745
			AA	TSGVGVG	LIYWNDDKRYSPSLKS	LIAVTFDS	

【図４９－４２７】

FIGURE 49

iPS:393192	21-225_12B1	NA	SEQ ID NO:4722	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12734	GTTATATGGAATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20746	GATCGGGTAGCAGGACGCTGG TACCCCCTACTACTACTACG GTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4723	SYGMH	SEQ ID NO:12735	VIWNDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:20747	DRVAAAGTPYYYYGMDV
iPS:393194	21-225_16D2	NA	SEQ ID NO:4724	AACGCCTGGATGAAC	SEQ ID NO:12736	CGTATTTAAAAGCAAAAAC TGATGGTGGGACAACAG ACTACGCTGCACCCGTG AAAGGC	SEQ ID NO:20748	GATACGGGTCCTATAGCAGC TCGTCTCGCTTACTACTACTA CTACGCTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4725	NAWMN	SEQ ID NO:12737	RIKSKTDGGTTDYAAPVK G	SEQ ID NO:20749	DTGPIAARLAYYYYYYAMDV
iPS:393196	21-225_16G8	NA	SEQ ID NO:4726	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:12738	GGTATTAGTGGTAGTGG TGGTAGCACATACTACG CAGCACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20750	GAATATTGTGGTCGGTGACTG CTATTCCCCTTACTACTACTA CTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4727	SYAMS	SEQ ID NO:12739	GIRSGSGSTYYADSVKG	SEQ ID NO:20751	EYCGGDCYSPYYYYYGMDV
iPS:393198	21-225_28A11	NA	SEQ ID NO:4728	GGCTATGGCCTGCAC	SEQ ID NO:12740	CTTATATGGTATGATGGA AATAATACATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20752	GATAGGGTAATATTGTAGTAG TACCAGCTGCTCCCCTTACT ACTACTACTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4729	SYGMH	SEQ ID NO:12741	VIWNDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:20753	DRVSCSSSSSCYPYYYYYGMD V

【図４９－４２８】

FIGURE 49

iPS:393200	21-225_35E1	AA	SEQ ID NO:4730	GYGLH	SEQ ID NO:12742	LIWYDGNNTYYADSVKG	SEQ ID NO:20754	DRVYCSSTSCSPYYYYYGMD V
		NA	SEQ ID NO:4731	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:12743	TGGATCAACCCTAAAAG TGGTGGCACAAATTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20755	GTGTATTACCATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGAGTTTG ATTAT
		AA	SEQ ID NO:4732	GYYMH	SEQ ID NO:12744	WINPKSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:20756	YYYHGSGSYYNEPDY
iPS:393202	21-225_6B4	NA	SEQ ID NO:4733	AGCTATGTCCATGAGC	SEQ ID NO:12745	GCTATTATGGTAGTGGTT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20757	GAAATATTGTGGTCGGTGACTG CTATTCCCCTTACTACTACTA CTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4734	SYAMS	SEQ ID NO:12746	AIRSGSGSSTYYADSVKG	SEQ ID NO:20758	EYCGGDCYSPYYYYYGMDV
iPS:393204	21-225_8C12	NA	SEQ ID NO:4735	AGCTATGGCAATGCAC	SEQ ID NO:12747	CTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20759	GATCGGGTAATCTTGTAGTAG TTCCAGCTGCTATCCTTACTA CTACTACTACGGTATGGACG TC
		AA	SEQ ID NO:4736	SYGMH	SEQ ID NO:12748	LIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:20760	DRVSCSSSSSCYPYYYYYGMD V
iPS:393206	21-225_13F6	NA	SEQ ID NO:4737	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:12749	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCGCAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20761	TCGTTTACTATGGTTCGGG GACTTATTATAACGAGTTTG ACTAC
		AA	SEQ ID NO:4737	GYYMH	SEQ ID NO:12749	WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:20761	SPYYGSGTYYNEPDY

【図４９－４２９】

FIGURE 49

iPS:393208	21-225_16F3	NA	SEQ ID NO:4738	GGGCACTATATATGCAC	SEQ ID NO:12750	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20762	TCGTTATTACTATGGTTCGGG GACTTATTATAACGAGTTTG ACTAC
		AA	SEQ ID NO:4739	GHYMH	SEQ ID NO:12751	WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:20763	SYYYGSGTYYNEPDY
iPS:393210	21-225_17D3	NA	SEQ ID NO:4740	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:12752	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20764	GCGAATTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGACTTTG ACTAC
		AA	SEQ ID NO:4741	GYYMH	SEQ ID NO:12753	WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:20765	ANYYGSGSYYNDFDY
iPS:393212	21-225_30H6	NA	SEQ ID NO:4742	ACTGGTCGGAGTGGGTGTGGG C	SEQ ID NO:12754	CTCATTTATTGGCATGAT GATAAGCGCTACAGTCC CTCTCTGAAGAGC	SEQ ID NO:20766	TTAATAGCAGTGGCTTTTGA CTAT
		AA	SEQ ID NO:4743	TGGVGVG	SEQ ID NO:12755	LIYWHDDKRYSPSLKS	SEQ ID NO:20767	LIAVAFDY
iPS:393214	21-225_33A1	NA	SEQ ID NO:4744	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:12756	TGGATCAACCCTAACAA TGGTGGCACACACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20768	GGATATTATTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGACCTCG ACCCC
		AA	SEQ ID NO:4745	GYYMH	SEQ ID NO:12757	WINPNNGGTHYAQKFQG	SEQ ID NO:20769	GYYYASGSYYNDLDP
iPS:393218	21 225 14G3	NA	SEQ ID NO:4746	GGCTACTATATGTTAC	SEQ ID NO:12758	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20770	TCGTATTTTTATGGTTCGGGG AGTTATTATAACGAGTTTGA CTAC

【図４９－４３０】

FIGURE 49

	21-225_14G3	AA	SEQ ID NO:4747	GYYMY	SEQ ID NO:12759	WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:20771	SYFYGSGSYYNEPDY
iPS:393222	21-225_17F5	NA	SEQ ID NO:4748	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	SEQ ID NO:12760	CTCATTTATTGGGATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	SEQ ID NO:20772	ATTATAGCAGTGGCTTTTGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:4749	TGGVGVG	SEQ ID NO:12761	LIYWDDDKRYSPSLKS	SEQ ID NO:20773	HAVAFDY
iPS:393224	21-225_31C2	NA	SEQ ID NO:4750	ACTGGTCGGAGTGGGTGTGGG C	SEQ ID NO:12762	CTCATTTATTGGAATGAT GATGAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	SEQ ID NO:20774	TTAATAGCAGTTTCCTTTGAC TAC
		AA	SEQ ID NO:4751	TGGVGVG	SEQ ID NO:12763	LIYWNDDRKYSPSLKS	SEQ ID NO:20775	LIAVSFDY
iPS:393226	21-225_33H6	NA	SEQ ID NO:4752	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:12764	TGGATCAACCCTAACAG TCGTGGCACACAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20776	GTGTATTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGAGTTTG ACTAC
		AA	SEQ ID NO:4753	GYYMH	SEQ ID NO:12765	WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:20777	VYYYGSGSYYNEPDY
iPS:393230	21-225_9G9	NA	SEQ ID NO:4754	GGCTACTATATATCAC	SEQ ID NO:12766	TGGATCAACCCTAACAG TCGTGGCACAGACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20778	GTGTATTACTATGGTTCGGG GACTTATTATAACGAGTTTG ACTAC
		AA	SEQ ID NO:4755	GYYIH	SEQ ID NO:12767	WINPNSGGTDYAQKFQG	SEQ ID NO:20779	SYYYGSGTYYNEPDY
iPS:393232	21 225 17F12	NA	SEQ ID NO:4756	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:12768	GCTATTAGTGGTGGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20780	TCGTTTACTATGGTTCGGG GACTTATTATAACGAGTTTG ACGTC
		AA	SEQ ID NO:4757	GYYMH	SEQ ID NO:12769	WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:20781	SPYYGSGTYYNEPDY

【図４９－４３１】

FIGURE 49

21-225_17F12		AA	SEQ ID NO:4757	SEQ ID NO:12769	SEQ ID NO:20781
		AA	SYAMS	AISGGGGSTYYADSVKG	WGRGTNVEYYYGMDV
iPS:393234	21-225_26C10	NA	GGCTACTATGTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GAGAGGTGTAGTACTACCAG CTGCTATTTAGGAATTACGG GCTACTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4759	SEQ ID NO:12771	SEQ ID NO:20783
		AA	GYYVH	WINPNSGGTNYAQKFQG	ERGSTTSCYLGITGYYGMDV
iPS:393345	21-225_5G7	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:12772 GCTATTATGTGGTATGTGGT GGTAGCACAACTACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20784 GAATATTGTGGTGGTGACTG CTATTCCCCTTACTACTACTA CTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4761	SEQ ID NO:12773	SEQ ID NO:20785
		AA	SYAMS	AISGSGGSTYYADSVKG	EYCGGDCYSPYYYYYGMDV
iPS:393368	21-225_29H8	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:12774 TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAGGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:20786 AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:4763	SEQ ID NO:12775	SEQ ID NO:20787
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
iPS:393565	21-225_34H11	NA	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:12776 TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:20788 GTGTATTTCTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGAGTTTG ACTAC
		AA	SEQ ID NO:4765	SEQ ID NO:12777	SEQ ID NO:20789
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	VYFYGSGSYYNFRFDY
		AA	SEQ ID NO:4766	SEQ ID NO:12778	SEQ ID NO:20790

【図４９－４３２】

FIGURE 49

iPS:393802	21-225_3D12	NA	ACCGCCTGGATGAAC	CGGATTAAAAACAAAAT TGATGGTGGGACAACAG ACTACGTTGCACCCGTG AAAGGC	GAAGGCTGGAACACGGACTA C TGACTAC
		AA	TAWMN	RIKNKIDGGTTDYYVAPVK G	EGWNTDY
iPS:393804	21-225_5H7	NA	AGAAGTAGTTATTACTGGGG C	SEQ ID NO:12780 AATATCTATTATAGTGGG ACCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:20792 CATGGAAAAGACTGGGGCCT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:4769 RSSYYWG	SEQ ID NO:12781 NIYYSGTTYYNPSLKS	SEQ ID NO:20793 HGKDWGLDY
		AA	SEQ ID NO:4770	SEQ ID NO:12782	SEQ ID NO:20794
iPS:393806	21-225_6A6	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AATAICTATTATAGTGGG ATCCCCTACTACAACCCG TCCCCTCAAGAGT	CACAGCAGCACGCTGGTCTCT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:4771 RSSYYWG	SEQ ID NO:12783 NIYYSGIPYYNPSLKS	SEQ ID NO:20795 HSSSWSLDY
		AA	SEQ ID NO:4772	SEQ ID NO:12784	SEQ ID NO:20796
iPS:393808	21-225_1A2	NA	AGCTATACCATGAAC AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	TCCATTATGGTGATGGGT AGCAGTGGCTGGTACTAC TGACTAC	CGGCAGCAGCTCGTCCGGGTT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:4773 SYTMN	SEQ ID NO:12785 SISGSGSYIYYADSVKG	SEQ ID NO:20797 GSSSSGFDY
		AA	SYTMN	SISGSGSYIYYADSVKG	GSSSSGFDY
iPS:393810	21-225_5A4	NA	AGCTCTGCCATGAGC	SEQ ID NO:12786 GCTATTATGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACAC AGACTCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20798 CTGGGGAAAGACTACTACTA CTACGGTATGGACGTC
		AA	SEQ ID NO:4775	SEQ ID NO:12787	SEQ ID NO:20799

【図４９－４３３】

FIGURE 49

iPS:393812	21-225_6A11	NA	GACTATGGCATGCAC	SSAMS GTTATATGGTTTGATGTGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AISGRGGNTFYTDSVKG GATCTTGGCTGGACGGAAGA GTAC
		AA	SEQ ID NO:4776 DYGMH	SEQ ID NO:12788 VIWYDGSNKYYADSVKG	LGKDYYYYGMDV SSQ ID NO:20800 DLGWTEFY
		AA	SEQ ID NO:4777	SEQ ID NO:12789	SEQ ID NO:20801
iPS:393814	21-225_7F4	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG GCCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CATAGCGGCAGCTGGTCCCT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:4779 RSSYYWG	SEQ ID NO:12791 NIYYSGATYYNPSLKS	SEQ ID NO:20803 HSGSWSLDY
		AA	SEQ ID NO:4780	SEQ ID NO:12792	SEQ ID NO:20804
iPS:393816	21-225_6D4	NA	AGAAGTAGTTCCTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCCGCCTACTACATTCCG TCCCCTCAAGAGT	CACAGCAGCAGCTGGTCTCT TGACTGC
		AA	SEQ ID NO:4781 RSSSYYWG	SEQ ID NO:12793 NIYYSGSAYYYPSLKS	SEQ ID NO:20805 HSSSWSLDC
		AA	SEQ ID NO:4782	SEQ ID NO:12794	SEQ ID NO:20806
iPS:393818	21-225_6G12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGATAGA AGTAATAACTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:4783 SYGMH	SEQ ID NO:12795 VIWYDRSNNYYADSVKG	SEQ ID NO:20807 ELGFRSDY
			SEQ ID NO:4784	SEQ ID NO:12796	SEQ ID NO:20808

【図４９－４３４】

FIGURE 49

iPS:393820	21-225_8H7	NA	GACTTTGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTGGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:4785 DFGMH	SEQ ID NO:12797 VIWYEENNQYYADSVKG	SEQ ID NO:20809 ELGFRSDY
		AA	SEQ ID NO:4786	SEQ ID NO:12798	SEQ ID NO:20810
iPS:393822	21-225_15H11	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAGTAATAAATACTATA CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGGATTCACTGAGGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:4787 NYGMH	SEQ ID NO:12799 VIWYEESNKYYTDSVKG	SEQ ID NO:20811 EVGFTEDY
		AA	SEQ ID NO:4788	SEQ ID NO:12800	SEQ ID NO:20812
iPS:393824	21-225_10F12	NA	AGCTATGCCATGAGC	ATTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTGTAGCAGTGGGCTGGCTC
		AA	SEQ ID NO:4789	SEQ ID NO:12801	SEQ ID NO:20813
		AA	SYAMS	IISGRGGNTFYADSVKG	RVAVAGSEAFAI
		AA	SEQ ID NO:4790	SEQ ID NO:12802	SEQ ID NO:20814
iPS:393826	21-225_10G5	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:4791 NYGMH	SEQ ID NO:12803 VIWYEENNQYYADSVKG	SEQ ID NO:20815 ELGFRSDY
			SEQ ID NO:4792	SEQ ID NO:12804	SEQ ID NO:20816

【図４９－４３５】

FIGURE 49

iPS:393828	21-225_10H12	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGAC AATTATCAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4793	SEQ ID NO:12805	SEQ ID NO:20817
		AA	DYGMH	VIWYEDSNQYYADSVKG	ELGFRSDY	
				SEQ ID NO:4794	SEQ ID NO:12806	SEQ ID NO:20818
iPS:393830	21-225_12A1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4795	SEQ ID NO:12807	SEQ ID NO:20819
		AA	SYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	ELGFRSDY	
				SEQ ID NO:4796	SEQ ID NO:12808	SEQ ID NO:20820
iPS:393832	21-225_14B2	NA	AGAAGTAGTTATTACTGGGG T	AATATCTATTATAGTGGG ACCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CATGGAAAAGACTGGGGCCT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4797	SEQ ID NO:12809	SEQ ID NO:20821
		AA	RSSYYWG	NIYYSGTTYYNPSLKS	IHGKDWGLDY	
				SEQ ID NO:4798	SEQ ID NO:12810	SEQ ID NO:20822
iPS:393836	21-225_15A2	NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTGGTT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GTGGCTTCATTTGACTAC	
				SEQ ID NO:4799	SEQ ID NO:12811	SEQ ID NO:20823
		AA	SYTMN	SISGSGSYIYYADSVKG	VASFDY	
				SEQ ID NO:4800	SEQ ID NO:12812	SEQ ID NO:20824

【図４９－４３６】

FIGURE 49

iPS:393838	21-225_6G2	NA	GACTATGGCATACAC	GTCATTTGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTTGGCTGGACGGAAGA GTAC	
				SEQ ID NO:4801	SEQ ID NO:12813	SEQ ID NO:20825
		AA	DYGIH	VIWPDGSNKYYADSVKG	DLGWTFEY	
				SEQ ID NO:4802	SEQ ID NO:12814	SEQ ID NO:20826
iPS:393840	21-225_3F8	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC	
				SEQ ID NO:4803	SEQ ID NO:12815	SEQ ID NO:20827
		AA	SYGMH	VIWHDGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV	
				SEQ ID NO:4804	SEQ ID NO:12816	SEQ ID NO:20828
iPS:393844	21-225_3G7	NA	AACTATGGCATGCAC	GTCATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GATGAGAGGGCTGGGGGATTTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4805	SEQ ID NO:12817	SEQ ID NO:20829
		AA	NYGMH	VIWHDGSNKYYVDSVKG	DERLGIFDY	
				SEQ ID NO:4806	SEQ ID NO:12818	SEQ ID NO:20830
iPS:393848	21-225_4H2	NA	GGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTCCTATGGTGGT GGTTACACATACTACGC GGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
				SEQ ID NO:4807	SEQ ID NO:12819	SEQ ID NO:20831
		AA	GYAMN	VISRSGDYTYYADSVKG	RLAVAGSEAFDI	
				SEQ ID NO:4808	SEQ ID NO:12820	SEQ ID NO:20832

【図４９－４３７】

FIGURE 49

iPS:393852	21-225_12A10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGA AAGTAATAAATACTATA CAGACTCCGTGAAGGGC	GACGAGAGGGCTGGGGGATTTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4809	SEQ ID NO:12821	SEQ ID NO:20833
		AA	SYGMH	VIWHDSNKYYTDSVKG	DERLGIFDY	
				SEQ ID NO:4810	SEQ ID NO:12822	SEQ ID NO:20834
iPS:393854	21-225_7H11	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4811	SEQ ID NO:12823	SEQ ID NO:20835
		AA	DYGMH	VIWYDSNKYYADSVKG	ELGFRSDY	
				SEQ ID NO:4812	SEQ ID NO:12824	SEQ ID NO:20836
iPS:393856	21-225_14C2	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGACGA AAGTAATAAATACTATG AAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGGATTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4813	SEQ ID NO:12825	SEQ ID NO:20837
		AA	DYGMH	VIWYDESNKYYEDSVKG	EVGFRSDY	
				SEQ ID NO:4814	SEQ ID NO:12826	SEQ ID NO:20838
iPS:393862	21-225_5G2	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GTTAACACATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
				SEQ ID NO:4815	SEQ ID NO:12827	SEQ ID NO:20839
		AA	SYAMS	VISGRGVNTFYADSVKG	RIAVAGSEAFDI	
				SEQ ID NO:4816	SEQ ID NO:12828	SEQ ID NO:20840

【図４９－４３８】

FIGURE 49

iPS:393864	21-225_4C5	NA	AGCTATGTCCTGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAAGTATACCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:4817	SEQ ID NO:12829	SEQ ID NO:20841
		AA	SYVLH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYTSSWYDYGMDV	
				SEQ ID NO:4818	SEQ ID NO:12830	SEQ ID NO:20842
iPS:393866	21-225_14F3	NA	GACTTTGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTGGGGGTTCCGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:4819	SEQ ID NO:12831	SEQ ID NO:20843
		AA	DFGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	ELGFRSDY	
				SEQ ID NO:4820	SEQ ID NO:12832	SEQ ID NO:20844
iPS:393868	21-225_9C11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGA AACTAATAAATACTATG CAGATTCCGTGAAGGGC	GACGAGAGGGCTGGGGGATTTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:4821	SEQ ID NO:12833	SEQ ID NO:20845
		AA	SYGMH	VIWHDETNKYYADSVKG	DERLGIFDY	
				SEQ ID NO:4822	SEQ ID NO:12834	SEQ ID NO:20846
iPS:393870	21-225_7B1	NA	AGCTATGACATGAGC	ACTATTAGTGGTAGTGGT GGTTATCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGCGTC	
				SEQ ID NO:4823	SEQ ID NO:12835	SEQ ID NO:20847
		AA	SYDMS	VISGSGGTTYYADSVKG	DRGSV	
				SEQ ID NO:4824	SEQ ID NO:12836	SEQ ID NO:20848

【図４９－４３９】

FIGURE 49

iPS:393872	21-225_2A11	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCGTCAAGAGT	CATGGAAAAGACTGGGGCCT TGAAGAC
			SEQ ID NO:4825	SEQ ID NO:12837	SEQ ID NO:20849
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYYYNPSVKS	HGKDWGLED
			SEQ ID NO:4826	SEQ ID NO:12838	SEQ ID NO:20850
iPS:393874	21-225_4C8	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGCATCCGTGAAGGGC	GAAATGGGGGTTCCTGTCTGA CTAC
			SEQ ID NO:4827	SEQ ID NO:12839	SEQ ID NO:20851
		AA	NYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	EMGFLSDY
			SEQ ID NO:4828	SEQ ID NO:12840	SEQ ID NO:20852
iPS:393876	21-225_9A1	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGAATGGA AGTAAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTTGGCTGGACGGAAGA GTAC
			SEQ ID NO:4829	SEQ ID NO:12841	SEQ ID NO:20853
		AA	SYAMN	VISGSGGSTYYADSVKG	RYTSDWHDAFDI
			SEQ ID NO:4832	SEQ ID NO:12844	SEQ ID NO:20856
iPS:393880	21 225 15A1	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGCGCCCAGTACAACCC GTCCCCTCAAGAGT	CTGAGCAGCAGCTGGTCTTT TGACTAC

【図４９－４４０】

FIGURE 49

	21-225_15A1	AA	SEQ ID NO:4833	SEQ ID NO:12845	SEQ ID NO:20857
			RSSYYWG	SIYYSGSAQYNPSLKS	LSSSWSFDY
iPS:393882	21-225_15E3	NA	SEQ ID NO:4834	SEQ ID NO:12846	SEQ ID NO:20858
			AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAATAATAAACACTATG CAGCATCCGTGAAGGGC	GAGCTGGGGGTTCCTCTCTGA CTAC
			SEQ ID NO:4835	SEQ ID NO:12847	SEQ ID NO:20859
		AA	SYGMH	VIWYEENNKHYADSVKG	ELGFLSDY
			SEQ ID NO:4836	SEQ ID NO:12848	SEQ ID NO:20860
iPS:393884	21-225_1G F4	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGG AAGTAATCAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTGGGGGTTCCTCTCTGA CTAC
			SEQ ID NO:4837	SEQ ID NO:12849	SEQ ID NO:20861
		AA	NYGMH	VIWYEGSNQYYGDSVKG	ELGFLSDY
			SEQ ID NO:4838	SEQ ID NO:12850	SEQ ID NO:20862
iPS:393886	21-225_2G9	NA	CCTAATTACTACTGGGGC	AGTATCTATTATAGTGGA AGCACCTCCTACAACCC GTCCCTCAACAGT	CTAAGCAGCAACTGGGACTT TGACAAC
			SEQ ID NO:4839	SEQ ID NO:12851	SEQ ID NO:20863
		AA	PNYYWG	SIYYSGSTSYNPSLNS	LSSNWDFDN
			SEQ ID NO:4840	SEQ ID NO:12852	SEQ ID NO:20864
iPS:393888	21-225_3I3	NA	AGCTATGTCATGAGC	ATTATTACGTCCGTGGTT AGCTACATACTACAGCC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTAGCAGTGGCTGGCTC GGATGACTTTTGATATC
			SEQ ID NO:4841	SEQ ID NO:12853	SEQ ID NO:20865
		AA	SYVMS	IISGRGGNTFYADSVKG	RLAVASEATDI
			SEQ ID NO:4842	SEQ ID NO:12854	SEQ ID NO:20866

【図４９－４４１】

FIGURE 49

iPS:393890	21-225_4B1	NA	AGTTACTCCTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GAGCACCAACTACATCC CCTCCCTCAAGAGT	GATTTGAAGAGCAGTGGCTG CCTTTTCTTTGACTAC
			SEQ ID NO:4843	SEQ ID NO:12855	SEQ ID NO:20867
		AA	SYSMS	RIYYSGSTNYYPSLKS	DLKSSGCLPFDY
			SEQ ID NO:4844	SEQ ID NO:12856	SEQ ID NO:20868
iPS:393892	21-225_6G7	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATGTTGGA AAGAATAAATATCTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGAAACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:4845	SEQ ID NO:12857	SEQ ID NO:20869
		AA	SYGMH	IISYVGKNKYYADSVKG	RGNSYGGYGMDV
			SEQ ID NO:4846	SEQ ID NO:12858	SEQ ID NO:20870
iPS:393894	21-225_5E11	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTATGGTAGTAGT ACTTACATATACTACGCA GACTCATGTGAAGGGC	GTGGCTTCATTTGACTAC
			SEQ ID NO:4847	SEQ ID NO:12859	SEQ ID NO:20871
		AA	SYSMN	SISGSSTYTYYADSVKG	VASFDY
			SEQ ID NO:4848	SEQ ID NO:12860	SEQ ID NO:20872
iPS:393896	21-225_2A4	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTATGGTAGTAGT ACTTACATATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	GTGGCTTCATTTGACTAC
			SEQ ID NO:4849	SEQ ID NO:12861	SEQ ID NO:20873
		AA	SYSMN	SISGSSTYTYYADSVKG	VASFDY
			SEQ ID NO:4850	SEQ ID NO:12862	SEQ ID NO:20874
iPS:393898	21-225_5F7	NA	AGCTATGCCATGAGC	ATTATTATGTGGTCGTGGT GGTAACACATCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGCTATC
			SEQ ID NO:4851	SEQ ID NO:12863	SEQ ID NO:20875
		AA	SYAMS	IISGRGGNTFYADSVKG	RIAVAGSEAFAI

【図４９－４４２】

FIGURE 49

iPS:393900	21-225_10E12	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GATGAGAGGCTGGGGATTTT TGACTAC
			SEQ ID NO:4852	SEQ ID NO:12864	SEQ ID NO:20876
		AA	NYGMH	VIWHDGSNKYYVDSVKG	DERLGIFDY
			SEQ ID NO:4853	SEQ ID NO:12865	SEQ ID NO:20877
			SEQ ID NO:4854	SEQ ID NO:12866	SEQ ID NO:20878
iPS:393902	21-225_14E10	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:4855	SEQ ID NO:12867	SEQ ID NO:20879
		AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSSWYDYGMDV
			SEQ ID NO:4856	SEQ ID NO:12868	SEQ ID NO:20880
iPS:393904	21-225_8H11	NA	ACCTATAACATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTGATAGATACTCTG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGCCTATAGICGCAGCTC GTCTGACTTC
			SEQ ID NO:4857	SEQ ID NO:12869	SEQ ID NO:20881
		AA	TYNMH	VIWYDGSDRYSADSVKG	DRAYSSSSDF
			SEQ ID NO:4858	SEQ ID NO:12870	SEQ ID NO:20882
iPS:393906	21-225_13D3	NA	AGTTATACCATGAAC	TCCATTAGTTCGTTAGTAGT AGTTACATACTACGCC GGACTCAGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGTGGC
			SEQ ID NO:4859	SEQ ID NO:12871	SEQ ID NO:20883
		AA	SYTMN	SISGSSTYIYYADSVKG	DRGSG
			SEQ ID NO:4860	SEQ ID NO:12872	SEQ ID NO:20884

【図４９－４４３】

FIGURE 49

iPS:393908	21-225_10E9	NA	AACTATGTCATACAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
		AA	NYVIH	SEQ ID NO:13873 SEQ ID NO:20885 VIWYDGSNKYYADSVKG EKYSSSWYDYGMDV
iPS:393910	21-225_15F10	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12874 SEQ ID NO:20886 GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAATTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:12875 SEQ ID NO:20887
			VISYGGSNNYYADSVKG	SEQ ID NO:13876 SEQ ID NO:20888 RGYSYGGYGMDV
iPS:393912	21-225_16F6	NA	AACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:13879 SEQ ID NO:20891 GTTATATGGTATGAAGG AAGTAATCAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC
		AA	SYSMN	SEQ ID NO:13880 SEQ ID NO:20892 SISGSSTYIYYADSVKG VASFDY
			SEQ ID NO:13865 SEQ ID NO:20889 NYGMH	SEQ ID NO:13877 VIWYESGSNQYYGDSVKG ELGFLSDY
iPS:393914	21-225_16B8	NA	AGCTATAGCATGAAC	SEQ ID NO:13866 SEQ ID NO:20890 SEQ ID NO:13878 SEQ ID NO:20890 TCCATTAGTGGTAGTAGTT ACTTACATATACTACGCA GACTCCAGTGAAGGGC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:13867 SEQ ID NO:20891 SEQ ID NO:13879
			SYSMN	SEQ ID NO:13868 SEQ ID NO:20892 SISGSSTYIYYADSVKG VASFDY
iPS:393916	21 225 2G4	NA	AGCTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:13880 SEQ ID NO:20892 GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC GAGAAAGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC

【図４９－４４４】

FIGURE 49

	21-225_2G4	AA	SYVMH	SEQ ID NO:13869 SEQ ID NO:20893 VIWYDGSNKYYADSVKG EKYSSSWYDYGMDV
iPS:393920	21-225_1H12	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:13882 SEQ ID NO:20894 ATTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCCTGAAGGGC GATGAGAGCTGGGGATTTT TGACTAC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:13883 SEQ ID NO:20895
			IIWHDGSNKYYYDSVKG	SEQ ID NO:13884 SEQ ID NO:20896 DIERLGIFDY
iPS:393922	21-225_2B2	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:13885 SEQ ID NO:20897 GTTATATGGTATGAGGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC GAACTAGGCTTCCAGTCTGA CTAC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:13873 SEQ ID NO:20897 VIWYEENKYYVDSVKG ELGFQSDY
iPS:393926	21-225_4G4	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:13886 SEQ ID NO:20898 GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC GATCTGAGAAATGGGCGGTAT GGACCTC
		AA	SEQ ID NO:13875 SEQ ID NO:20899 SYGMH	SEQ ID NO:13887 VIWHDGSNKYYADSVKG DLRMGGMDV
iPS:393928	21 225 4E10	NA	SEQ ID NO:13876 SEQ ID NO:20900 CGTAGTAGTTACTACTGTGGG C	SEQ ID NO:13888 AGTGTCTATTATAGTGGG GCCACCTCCTACAACCC GTCCCTCAAGAGT CTAAGCAGCAACTGGGACTT TGACTAC

【図４９－４４５】

FIGURE 49

	21-225_4E10	AA	SEQ ID NO:14877 RSSYYWG	SEQ ID NO:12889 SEQ ID NO:20901 SVYYSGATSYNPSLKS LSSVWIPFDY
iPS:393930	21-225_7E11	NA	AGCTTTGGCATGCAC	SEQ ID NO:12890 SEQ ID NO:20902 ATTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:14879	SEQ ID NO:12891 SEQ ID NO:20903
		AA	SFGMH	IIWHDGSNKYYADSVKG DLSMGGMDV
iPS:393932	21-225_10F5	NA	SEQ ID NO:14880 AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12892 SEQ ID NO:20904 ATTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATATTATG TAGACTCCGTGAAGGGC GATGAGAGGCTGGGGGATTTT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:14881 SYGMH	SEQ ID NO:12893 SEQ ID NO:20905 IIWHDGSNKYYYDSVKG DIERLGIFDY
iPS:393934	21-225_13F6	NA	SEQ ID NO:14882 AACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12894 SEQ ID NO:20906 GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATATTATA CTAGACTCCGTGAAGGGC GAATTGGGGGTTTCCGGTCTGA CTAC
		AA	SEQ ID NO:14883 IVIWYDSNKYYIDSVKG	SEQ ID NO:12895 SEQ ID NO:20907 ELGFRSDY
iPS:393936	21-225_14A11	NA	SEQ ID NO:14884 AGCTATCGCCATGAAC	SEQ ID NO:12896 SEQ ID NO:20908 GTTATTAGTGGTAGAGG TGGTAGTACATACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC AGGATAGCAGCTGGTATGGA CTACTTCGATCTC
		AA	SEQ ID NO:14885 SYAMN	SEQ ID NO:12897 SEQ ID NO:20909 VISRGGGSTYYADSVKG RIAAGMEYFDL
			SEQ ID NO:14886	SEQ ID NO:12898 SEQ ID NO:20910

【図４９－４４６】

FIGURE 49

iPS:393940	21-225_16B2	NA	AGCTATGCCATGACC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGCC TATTGTAGTAGTACCAGGTG CCCTTATGATGCCTTTGATAT
		AA	SEQ ID NO:14887 SYAMT	SEQ ID NO:12899 SEQ ID NO:20911 VISGSGGSTFYADSVKG YCSSTRCPYDAFDI
iPS:393942	21-225_11E5	NA	SEQ ID NO:14888 AATTATGTATATCAAC	SEQ ID NO:12900 SEQ ID NO:20912 TGGATGTCACCCTAACAG TGGTGCCACCGGCTATG CACAGAGGTTCCAGGGC AGCAGTGGCTCGGAGGTCTT TGACTAC
		AA	SEQ ID NO:14889 NYDIN	SEQ ID NO:12901 SEQ ID NO:20913 WMHPNSGAITGYAQRFQG SSGWFVFDY
iPS:393944	21-225_14D6	NA	SEQ ID NO:14890 AGTTATACCATGAAC	SEQ ID NO:12902 SEQ ID NO:20914 TCCATTAGTGGTAGTGGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC GTAGCAGTTCCTTTGACTCC
		AA	SEQ ID NO:14891 SYTMN	SEQ ID NO:12903 SEQ ID NO:20915 SISGSGGYIYYADSVKG VAAFDS
iPS:393946	21-225_16A4	NA	SEQ ID NO:14892 AGCTATAGCATGAAC	SEQ ID NO:12904 SEQ ID NO:20916 TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC GATCGTGGGAAGCTAC
		AA	SEQ ID NO:14893 SYSMN	SEQ ID NO:12905 SEQ ID NO:20917 SISGSSTYKYYADSVKG DRGSV
iPS:393948	21-225_16A5	NA	SEQ ID NO:14894 GACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12906 SEQ ID NO:20918 GTTATATGGTTTGATGGA AGTATTAAATACTATGT AGACTCCGTGAAGGGC GATCTTGGCTGGACGGAAGA GTAC
			SEQ ID NO:14895	SEQ ID NO:12907 SEQ ID NO:20919

【図４９－４４７】

505/4125

FIGURE 49

IPS:393950	21-225_3H10	NA	AGCTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGTATACCAGTGGCTG GCACGACTACCGTATGGACG TC		
			SEQ ID NO:4913	SEQ ID NO:12925	SEQ ID NO:20937		
		AA	SCVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYTSGWHDYGMDV		
			SEQ ID NO:4914	SEQ ID NO:12926	SEQ ID NO:20938		
IPS:393968	21-225_5A5	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTTACACTACTACGC	GGGGGGTCCCTCTTCTAC		
			SEQ ID NO:4915	AGACTCCGTGAAGGGC SEQ ID NO:12927	SEQ ID NO:20939		
		AA	SYAMN	AISGSGGYTYYADSVKG	GGSLFY		
			SEQ ID NO:4916	SEQ ID NO:12928	SEQ ID NO:20940		
IPS:393972	21-225_7C9	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAGTATAGCAAGCAGCTG GTACGACTACCGTATGGACG TC		
			SEQ ID NO:4917	SEQ ID NO:12929	SEQ ID NO:20941		
		AA	NYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSSWYDYGMDV		
			SEQ ID NO:4918	SEQ ID NO:12930	SEQ ID NO:20942		
IPS:393974	21-225_7C4	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:4919	SEQ ID NO:12931	SEQ ID NO:20943		
		AA	NYGMH	VIWYPENNQYYADSVKG	ELGFRSDY		
			SEQ ID NO:4920	SEQ ID NO:12932	SEQ ID NO:20944		
IPS:393976	21-225_7E9	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAATTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:4921	SEQ ID NO:12933	SEQ ID NO:20945		
		AA	DYGMH	VIWYDENNKYYVDSVKG	ELGFRSDY		
			SEQ ID NO:4922	SEQ ID NO:12934	SEQ ID NO:20946		
IPS:393978	21-225_4C12	NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAGTATAGCAAGCAGCTG GTACGACTACCGTATGGACG TC		
			SEQ ID NO:4923	SEQ ID NO:12935	SEQ ID NO:20947		
		AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSSWYDYGMDV		
			SEQ ID NO:4924	SEQ ID NO:12936	SEQ ID NO:20948		
IPS:393980	21-225_6D3	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC		
			SEQ ID NO:4925	SEQ ID NO:12937	SEQ ID NO:20949		
		AA	SYAMN	VISGRGENTFYADSVKG	RLAVAGSEATDI		
			SEQ ID NO:4926	SEQ ID NO:12938	SEQ ID NO:20950		
IPS:393982	21-225_6C12	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGTGGGAGCCTC		
			SEQ ID NO:4927	SEQ ID NO:12939	SEQ ID NO:20951		
		AA	SYSMN	VISSSSSYIYYADSVKG	DRGSL		
			SEQ ID NO:4928	SEQ ID NO:12940	SEQ ID NO:20952		
IPS:393950	21-225_3H10	AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	DLGWTEEY		
			SEQ ID NO:4896	SEQ ID NO:12908	SEQ ID NO:20920		
		NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGATATAGCAGTGGCTG GTATGACTACCGGTTTGGACG TC		
			SEQ ID NO:4897	SEQ ID NO:12909	SEQ ID NO:20921		
		AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGLDV		
			SEQ ID NO:4898	SEQ ID NO:12910	SEQ ID NO:20922		
IPS:393952	21-225_1F1	NA	AGCTATAACATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCCAGTGAAGGGC	GTTAACCTCTTTGACTAC		
			SEQ ID NO:4899	SEQ ID NO:12911	SEQ ID NO:20923		
		AA	SYNMN	SISSSSSYIYYADSVKG	VNLFDY		
			SEQ ID NO:4900	SEQ ID NO:12912	SEQ ID NO:20924		
IPS:393954	21-225_4H6	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC		
			SEQ ID NO:4901	SEQ ID NO:12913	SEQ ID NO:20925		
		AA	DYYLH	WIIPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY		
			SEQ ID NO:4902	SEQ ID NO:12914	SEQ ID NO:20926		
IPS:393956	21-225_4D7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTCTTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TATTGTAGTAGTGCCAGGTG CCCTTATGATGCCTTTGATAT C		
			SEQ ID NO:4903	SEQ ID NO:12915	SEQ ID NO:20927		
		AA	SYAMS	VLSGSGGSTFYADSVKG	YCSSSARCPYDAFDI		
			SEQ ID NO:4904	SEQ ID NO:12916	SEQ ID NO:20928		

【図４９－４４８】

506/4125

FIGURE 49

IPS:393958	21-225_5H2	NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GGGAGCAGCTCGTCCGGCTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:4905	SEQ ID NO:12917	SEQ ID NO:20929		
		AA	SYTMN	SISGSSSSYIYYADSVKG	GSSSSCGFDY		
			SEQ ID NO:4906	SEQ ID NO:12918	SEQ ID NO:20930		
IPS:393960	21-225_7G2	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA ACTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTTGGCTGGTATCGAGGA CTAC		
			SEQ ID NO:4907	SEQ ID NO:12919	SEQ ID NO:20931		
		AA	DYGMH	VIWYDVTNKYYADSVKG	ELGWYEDY		
			SEQ ID NO:4908	SEQ ID NO:12920	SEQ ID NO:20932		
IPS:393962	21-225_7H7	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACATCTCC GTCCCTCAAGAGT	CACAGTACCAGCTGGTCTCT TGACCAC		
			SEQ ID NO:4909	SEQ ID NO:12921	SEQ ID NO:20933		
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYYIPSLKS	HSTSWSLDH		
			SEQ ID NO:4910	SEQ ID NO:12922	SEQ ID NO:20934		
IPS:393964	21-225_6G1	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
			SEQ ID NO:4911	SEQ ID NO:12923	SEQ ID NO:20935		
		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV		
			SEQ ID NO:4912	SEQ ID NO:12924	SEQ ID NO:20936		

【図４９－４４９】

507/4125

FIGURE 49

IPS:393966	21-225_7F8	NA	AGCTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGTATACCAGTGGCTG GCACGACTACCGTATGGACG TC		
			SEQ ID NO:4913	SEQ ID NO:12925	SEQ ID NO:20937		
		AA	SCVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYTSGWHDYGMDV		
			SEQ ID NO:4914	SEQ ID NO:12926	SEQ ID NO:20938		
IPS:393968	21-225_5A5	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTTACACTACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGGTCCCTCTTCTAC		
			SEQ ID NO:4915	SEQ ID NO:12927	SEQ ID NO:20939		
		AA	SYAMN	AISGSGGYTYYADSVKG	GGSLFY		
			SEQ ID NO:4916	SEQ ID NO:12928	SEQ ID NO:20940		
IPS:393972	21-225_7C9	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAGTATAGCAAGCAGCTG GTACGACTACCGTATGGACG TC		
			SEQ ID NO:4917	SEQ ID NO:12929	SEQ ID NO:20941		
		AA	NYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSSWYDYGMDV		
			SEQ ID NO:4918	SEQ ID NO:12930	SEQ ID NO:20942		
IPS:393974	21-225_7C4	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:4919	SEQ ID NO:12931	SEQ ID NO:20943		
		AA	NYGMH	VIWYPENNQYYADSVKG	ELGFRSDY		
			SEQ ID NO:4920	SEQ ID NO:12932	SEQ ID NO:20944		
IPS:393976	21-225_7E9	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAATTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:4921	SEQ ID NO:12933	SEQ ID NO:20945		
		AA	DYGMH	VIWYDENNKYYVDSVKG	ELGFRSDY		
			SEQ ID NO:4922	SEQ ID NO:12934	SEQ ID NO:20946		
IPS:393978	21-225_4C12	NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAGTATAGCAAGCAGCTG GTACGACTACCGTATGGACG TC		
			SEQ ID NO:4923	SEQ ID NO:12935	SEQ ID NO:20947		
		AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSSWYDYGMDV		
			SEQ ID NO:4924	SEQ ID NO:12936	SEQ ID NO:20948		
IPS:393980	21-225_6D3	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC		
			SEQ ID NO:4925	SEQ ID NO:12937	SEQ ID NO:20949		
		AA	SYAMN	VISGRGENTFYADSVKG	RLAVAGSEATDI		
			SEQ ID NO:4926	SEQ ID NO:12938	SEQ ID NO:20950		
IPS:393982	21-225_6C12	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGTGGGAGCCTC		
			SEQ ID NO:4927	SEQ ID NO:12939	SEQ ID NO:20951		
		AA	SYSMN	VISSSSSYIYYADSVKG	DRGSL		
			SEQ ID NO:4928	SEQ ID NO:12940	SEQ ID NO:20952		
IPS:393958	21-225_5H2	NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GGGAGCAGCTCGTCCGGCTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:4905	SEQ ID NO:12917	SEQ ID NO:20929		
		AA	SYTMN	SISGSSSSYIYYADSVKG	GSSSSCGFDY		
			SEQ ID NO:4906	SEQ ID NO:12918	SEQ ID NO:20930		
IPS:393960	21-225_7G2	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA ACTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTTGGCTGGTATCGAGGA CTAC		
			SEQ ID NO:4907	SEQ ID NO:12919	SEQ ID NO:20931		
		AA	DYGMH	VIWYDVTNKYYADSVKG	ELGWYEDY		
			SEQ ID NO:4908	SEQ ID NO:12920	SEQ ID NO:20932		
IPS:393962	21-225_7H7	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACATCTCC GTCCCTCAAGAGT	CACAGTACCAGCTGGTCTCT TGACCAC		
			SEQ ID NO:4909	SEQ ID NO:12921	SEQ ID NO:20933		
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYYIPSLKS	HSTSWSLDH		
			SEQ ID NO:4910	SEQ ID NO:12922	SEQ ID NO:20934		
IPS:393964	21-225_6G1	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
			SEQ ID NO:4911	SEQ ID NO:12923	SEQ ID NO:20935		
		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV		
			SEQ ID NO:4912	SEQ ID NO:12924	SEQ ID NO:20936		

【図４９－４５０】

508/4125

FIGURE 49

IPS:393976	21-225_7E9	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAATTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:4921	SEQ ID NO:12933	SEQ ID NO:20945		
		AA	DYGMH	VIWYDENNKYYVDSVKG	ELGFRSDY		
			SEQ ID NO:4922	SEQ ID NO:12934	SEQ ID NO:20946		
IPS:393978	21-225_4C12	NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAGTATAGCAAGCAGCTG GTACGACTACCGTATGGACG TC		
			SEQ ID NO:4923	SEQ ID NO:12935	SEQ ID NO:20947		
		AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSSWYDYGMDV		
			SEQ ID NO:4924	SEQ ID NO:12936	SEQ ID NO:20948		
IPS:393980	21-225_6D3	NA	AGCTATGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC		
			SEQ ID NO:4925	SEQ ID NO:12937	SEQ ID NO:20949		
		AA	SYAMN	VISGRGENTFYADSVKG	RLAVAGSEATDI		
			SEQ ID NO:4926	SEQ ID NO:12938	SEQ ID NO:20950		
IPS:393982	21-225_6C12	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGTGGGAGCCTC		
			SEQ ID NO:4927	SEQ ID NO:12939	SEQ ID NO:20951		
		AA	SYSMN	VISSSSSYIYYADSVKG	DRGSL		
			SEQ ID NO:4928	SEQ ID NO:12940	SEQ ID NO:20952		

【図４９－４５１】

FIGURE 49

iPS:393984	21-225_4F12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTT ACTAATAAAAGTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAAGGGGGGGTCTATTTGA CTAC
				SEQ ID NO:4929	SEQ ID NO:20953
		AA	SYGMH	VIWYDVTNKYYADSVKG	EKGGLFDY
				SEQ ID NO:4930	SEQ ID NO:20954
iPS:393986	21-225_7G4	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAGTATAGCAGCAACTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:4931	SEQ ID NO:20955
		AA	NYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSNWYDYGMDV
				SEQ ID NO:4932	SEQ ID NO:20956
iPS:393988	21-225_7F10	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GCTAACCTCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:4933	SEQ ID NO:20957
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	ANLFDY
				SEQ ID NO:4934	SEQ ID NO:20958
iPS:393990	21-225_11G7	NA	AGGAGTACTTACTACTGGGG	AGTATCTATTATAGTGGG CTACAGCAGCTGGTCTTT AGCACCTCCTCAAGCCC GTCCCCTCAAGAGT	CTGAACAGCAGCTGGTCTTT TGACTAC
				SEQ ID NO:4935	SEQ ID NO:20959
		AA	RSTYYWG	SIYYSGSTSYSPSLKS	LNSSWSFDY
				SEQ ID NO:4936	SEQ ID NO:20960

【図４９－４５２】

FIGURE 49

iPS:393992	21-225_14H8	NA	AGCAATAGCATGAAC	TACATTAGTAGTAGTAGT AGTACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GGAGGTGGGGAGCCCTTTTGA CTAC
				SEQ ID NO:4937	SEQ ID NO:20961
		AA	SNSMN	YISSSSSSTIYYADSVKG	GGGSPFDY
				SEQ ID NO:4938	SEQ ID NO:20962
iPS:393994	21-225_8C9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAATTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
				SEQ ID NO:4939	SEQ ID NO:20963
		AA	SYGMH	VIWYDENKKYYVDSVKG	ELGFRSDY
				SEQ ID NO:4940	SEQ ID NO:20964
iPS:393996	21-225_15C11	NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTTTGGACG TC
				SEQ ID NO:4941	SEQ ID NO:20965
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSSWYDYGLDV
				SEQ ID NO:4942	SEQ ID NO:20966
iPS:393998	21-225_12B12	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA ACTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGGCTGGTACGAGGA CTAC
				SEQ ID NO:4943	SEQ ID NO:20967
		AA	DYGMH	VIWYDVTNKYYADSVKG	ELGWYFDY
				SEQ ID NO:4944	SEQ ID NO:20968

【図４９－４５３】

FIGURE 49

iPS:394000	21-225_11A2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAAAGACTCTGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGATACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC	
				SEQ ID NO:4945	SEQ ID NO:20969	
		AA	SYGMH	VISYGGSNKDSADSVKG	RGTSYGGYGMDV	
				SEQ ID NO:4946	SEQ ID NO:20970	
iPS:394002	21-225_15G7	NA	AGGAGTAGTTCCTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG TACACCTATTACACCCCG TCCCTCAAGAGT	CTGAGCAGCAGTTGGTCTTT TGACTTC	
				SEQ ID NO:4947	SEQ ID NO:20971	
		AA	RSSSYWG	SIYYSGYTYYTPSLKS	LSSSWSFDF	
				SEQ ID NO:4948	SEQ ID NO:20972	
iPS:394004	21-225_13A1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGCGGG AACTAATCAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGATACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC	
				SEQ ID NO:4949	SEQ ID NO:20973	
		AA	SYGMH	VISYAGTNQYYADSVKG	RGTSYGGYGMDV	
				SEQ ID NO:4950	SEQ ID NO:20974	
iPS:394006	21-225_15C2	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATAATATCATATGGGTGG ACGTAATAATCACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGATACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC	
				SEQ ID NO:4951	SEQ ID NO:20975	
		AA	SYGMH	IISYGGRNNHYADSVKG	RGTSYGGYGMDV	
				SEQ ID NO:4952	SEQ ID NO:20976	
iPS:394008	21-225_15H8	NA	AGCTATGTCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT ACTTACATATACTGCGCA GACTCAATCAAGGGC	GATCGAGGCTCCATC	
				SEQ ID NO:4953	SEQ ID NO:20977	

【図４９－４５４】

FIGURE 49

iPS:394010	21-225_12G5	AA	SYVMN	SISGSSTYIYCADSIKG	DRGSI	
			SEQ ID NO:4954	SEQ ID NO:20966	SEQ ID NO:20978	
		NA	AACTATGGCATCTAC	GTTATATCATATGATGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGGAGCAGTGGCTGC TTACTACTACGGTATAG ACGTC	
				SEQ ID NO:4955	SEQ ID NO:20979	
		AA	NYGMY	VISYDGSNKYYADSVKG	DRGAVAAYYYYGMDV	
			SEQ ID NO:4956	SEQ ID NO:20968	SEQ ID NO:20980	
iPS:394012	21-225_15A3	NA	AGCTATGGCATTCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC	
				SEQ ID NO:4957	SEQ ID NO:20981	
		AA	SYGIH	VIWHDGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV	
			SEQ ID NO:4958	SEQ ID NO:20970	SEQ ID NO:20982	
iPS:394014	21-225_8G6	NA	AGCTATGTCATGAAC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC	
				SEQ ID NO:4959	SEQ ID NO:20983	
		AA	SYVMN	VISGRGGNTFYADSVKG	RLAVAGSEATDI	
			SEQ ID NO:4960	SEQ ID NO:20972	SEQ ID NO:20984	
iPS:394016	21-225_13D4	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC	
				SEQ ID NO:4961	SEQ ID NO:20985	
		AA	SYGMH	VIWHDGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV	

【図４９－４５５】

FIGURE 49

IPS:394018	21-225_15B1		NA	SEQ ID NO:4962	GCTATGTCATGAGC	SEQ ID NO:12974	GGTTATTAGTGGTAGTGG TGGTAGCACAAACAACG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20986	AGCTCCTTGTTTGACTAC
				SEQ ID NO:4963		SEQ ID NO:12975		SEQ ID NO:20987	
			AA	SYVMS		GISGSGGSTNNADSVKG		SSLFDY	
				SEQ ID NO:4964		SEQ ID NO:12976		SEQ ID NO:20988	
IPS:394020	21-225_15H10		NA	SEQ ID NO:4965	AACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12977	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG AAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20989	GAAGTGGGGTTTCTTCTGA CTAC
			AA	NYGMH		VIWYDESNKYYEDSVKG		EVGFLSDY	
				SEQ ID NO:4966		SEQ ID NO:12978		SEQ ID NO:20990	
IPS:394022	21-225_16H6		NA	SEQ ID NO:4967	AGCTATGCCATGAAC	SEQ ID NO:12979	GTTATTAGTCGTAGTGGT GGTTACACATACTACGC GGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20991	CGTTTAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC
			AA	SYAMN		VISRSGGYTYYADSVKG		RLAVAGSEAFDI	
				SEQ ID NO:4968		SEQ ID NO:12980		SEQ ID NO:20992	
IPS:394024	21-225_16B7		NA	SEQ ID NO:4969	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12981	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20993	GAACTGGGGTTTCTCTCTGA CTAC
			AA	SYGMH		VIWYDESNKYYADSVKG		ELGFLSDY	
				SEQ ID NO:4970		SEQ ID NO:12982		SEQ ID NO:20994	

【図４９－４５６】

FIGURE 49

IPS:394026	21-225_16C7	NA	SEQ ID NO:4971	AGCTATGTCATGACC	SEQ ID NO:12983	ACTATTAGTGGTAGTGGT GGTTGGACATATTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20995	AGCTCCTTGTTTGACTAT
		AA	SYVMT		TISGSGGWTYYADSVKG		SSLFDY	
			SEQ ID NO:4972		SEQ ID NO:12984		SEQ ID NO:20996	
IPS:394029	21-225_1B12	NA	SEQ ID NO:4973	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12985	ATTATATCATATGCTGGA AGTAATAAATCCCTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20997	CGGGGATACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH		IISYAGSNKSYADSVKG		RGYSYGGYGMDV		
			SEQ ID NO:4974		SEQ ID NO:12986		SEQ ID NO:20998		
IPS:394033	21-225_5F4	NA	SEQ ID NO:4975	AGCTATAGCATGAAC	SEQ ID NO:12987	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	SEQ ID NO:20999	GTTAACAACTTTGACTAC
		AA	SYSMN		SISGSSSYTYYADSVKG		VNNFDY		
			SEQ ID NO:4976		SEQ ID NO:12988		SEQ ID NO:21000		
IPS:394035	21-225_5G9	NA	SEQ ID NO:4977	AATTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12989	ATTATATCATATGCTGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21001	CGTATAACAGCTCGTCTCTA CTACGGTATGGACGTC
		AA	NYGMH		IISYAGSNKYYADSVKG		RITARLYYGMDV		
			SEQ ID NO:4978		SEQ ID NO:12990		SHQ ID NO:21002		
IPS:394037	21-225_4F4	NA	SEQ ID NO:4979	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	SEQ ID NO:12991	AATATTTATTATAGTGGG AGCACCTACGACAACCC TGACTAC	SEQ ID NO:21003	CATGGAAAAGACTGGGGCCT GTCCCTCAAGAGT
		AA	NSSYYWG		NIYYSGSTYDNPSLKS		HGKDWGLDY		

【図４９－４５７】

FIGURE 49

IPS:394041	21-225_5E5	NA	SEQ ID NO:4980	AACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:12992	GTTATTAGTGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21004	GAAGTATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:4981		SEQ ID NO:12993		SEQ ID NO:21065	
		AA	NYVMH		VIWYDGSNKYYADSVKG		EVYSSGWYDYGMDV	
			SEQ ID NO:4982		SEQ ID NO:12994		SEQ ID NO:21066	
IPS:394043	21-225_3B1	NA	SEQ ID NO:4983	AGCTATGCCATGAAC	SEQ ID NO:12995	GTTATTAGTCGTAGTGGT ATTAACACATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21007	CGTTTAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC
		AA	SYAMN		VISRGRNTYYADSVKG		RLAVAGSEAFDI		
			SEQ ID NO:4984		SEQ ID NO:12996		SEQ ID NO:21008		
IPS:394045	21-225_4H4	NA	SEQ ID NO:4985	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	SEQ ID NO:12997	AATATTTATTATAGTGGG AACACCTACAACAACCC GTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21009	CATGGAAAAAGACTGGGGCCT TGACTAC
		AA	RSSYYWG		NIYYSGNTYNPSLKS		HGKDWGLDY		
			SEQ ID NO:4986		SEQ ID NO:12998		SEQ ID NO:21010		
IPS:394047	21-225_5E6	NA	SEQ ID NO:4987	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:12999	ATTATATCATATGTTGGA AATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21011	CGGGGATACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH		IISYVGNNKYYADSVKG		RGYSYGGYGMDV		
			SEQ ID NO:4988		SEQ ID NO:13000		SEQ ID NO:21012		

【図４９－４５８】

FIGURE 49

IPS:394049	21-225_13H5	NA	SEQ ID NO:4989	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	SEQ ID NO:13001	AGTATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21013	CTTAGCAGCAGCTGGGACTT CCAGCAC
		AA	RSSYYWG		SIYYSGSTYYNPSLKS		LSSSWDHQH		
			SEQ ID NO:4990		SEQ ID NO:13002		SEQ ID NO:21014		
IPS:394051	21-225_9E5	NA	SEQ ID NO:4991	AACTATGCCATGAAC	SEQ ID NO:13003	GCTATTAGTGGTGGTAGT GGTAACACATCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21015	CGTATAGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGCTATC
		AA	NYAMN		AISGGGGNTFYADSVKG		RIAVAGSEAFAI		
			SEQ ID NO:4992		SEQ ID NO:13004		SEQ ID NO:21016		
IPS:394053	21-225_11F10	NA	SEQ ID NO:4993	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	SEQ ID NO:13005	AGTATTTATTATAGTGGG AGCGCCCAGTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21017	CTGAAGCAGCAAGCTGGTCTTT TGACTAC
		AA	RSSYYWG		SIYYSGSAQYNPSLKS		LSSSWSFDY		
			SEQ ID NO:4994		SEQ ID NO:13006		SEQ ID NO:21018		
IPS:394055	21-225_9C8	NA	SEQ ID NO:4995	AGCCAGAGCATGAAC	SEQ ID NO:13007	TACATTAGTATTAGTAGT ACCATATACTATGCAGA CTCTGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21019	GGAGGTGGGAGCCCTTTTGA CTCC
		AA	SQSMN		YISSSITYYADSVKG		GCGSPFDS		
			SEQ ID NO:4996		SEQ ID NO:13008		SEQ ID NO:21020		
IPS:394057	21-225_15H1	NA	SEQ ID NO:4997	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	SEQ ID NO:13009	AATATCTATTATAGTGGG TATCCCTACTACAATCCG TCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21021	CATGCAGCAGCAAGCTGGTCCCT TGACTAC
		AA	RSSYYWG		NIYYSGYPYYNPSLKS		HSYSWSLDY		
			SEQ ID NO:4998		SEQ ID NO:13010		SEQ ID NO:21022		

【図４９－４５９】

FIGURE 49

IPS:394059	21-225_9E8	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAAGA AAATAACTCAATTACTATG	GAACTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
				CAGCATCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:4999	SEQ ID NO:13011	SEQ ID NO:21023
		AA	SYGMH	VIWYEENNQYYADSVKG	ELGFRSDY
			SEQ ID NO:5000	SEQ ID NO:13012	SEQ ID NO:21024
IPS:394061	21-225_12D2	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGTT AGTTACATACTACGC	TTAGGGGACTAC
				AGACTCAGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:5001	SEQ ID NO:13013	SEQ ID NO:21025
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	LGDY
			SEQ ID NO:5002	SEQ ID NO:13014	SEQ ID NO:21026
IPS:394063	21-225_16A1	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGCGCCTATCACAACCC	CTGAGCAGCAGCTGGTCCTT TGACTAC
				GTCCCTCAAGAGT	
			SEQ ID NO:5003	SEQ ID NO:13015	SEQ ID NO:21027
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSAYIHNPSLKS	LSSSWSFDY
			SEQ ID NO:5004	SEQ ID NO:13016	SEQ ID NO:21028
IPS:394065	21-225_11E2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACACTAACAG TGGTAACAACAGGCTATG	AGTCATGGCTGGTTCCTCTTT GACTAC
				CACAGAAGTTCCAGGGC	
			SEQ ID NO:5005	SEQ ID NO:13017	SEQ ID NO:21029
		AA	NYDIN	WMVTNSGNTGYAQKFQG	SHGWFLFDY
			SEQ ID NO:5006	SEQ ID NO:13018	SEQ ID NO:21030

【図４９－４６０】

FIGURE 49

IPS:394067	21-225_12F2	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AATAATAAATACTATGT	GAGCTTGCCTGGTCCGAGGA CTAC
				AGATTCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:5007	SEQ ID NO:13019	SEQ ID NO:21031
		AA	DYGMH	VIWPDGNNKYYVDSVKG	ELAWSEDY
			SEQ ID NO:5008	SEQ ID NO:13020	SEQ ID NO:21032
IPS:394069	21-225_16H1	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGTT ACTTACATATACTACGCA	GTAGCAGCCTTTGACTAC
				GACTCAGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:5009	SEQ ID NO:13021	SEQ ID NO:21033
		AA	SYSMN	SISGSSTYIYYADSVKG	VAAFDY
			SEQ ID NO:5010	SEQ ID NO:13022	SEQ ID NO:21034
IPS:394071	21-225_10C7	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAATT AATTACATATACTACGC	TTAGGGGTCTAC
				AGACTCAGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:5011	SEQ ID NO:13023	SEQ ID NO:21035
		AA	SYSMN	SISSSNNYIYYADSVKG	LGVY
			SEQ ID NO:5012	SEQ ID NO:13024	SEQ ID NO:21036
IPS:394073	21-225_15C9	NA	AGAAGTATGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCAGCTACAACAACCC	CAGGGCAGTGGCTGGGAGGT TGACTAC
				GTCCCTCAAGAGT	
			SEQ ID NO:5013	SEQ ID NO:13025	SEQ ID NO:21037
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYNNPSLKS	QGSGWFYDY
			SEQ ID NO:5014	SEQ ID NO:13026	SEQ ID NO:21038
IPS:394075	21-225_8D12	NA	AGAAGTATGTTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG TATCCCTACTACAATCCG TCCCTCAAGAGT	CATTAGCACCAGCTGGTCCCT TGACTAC
			SEQ ID NO:5015	SEQ ID NO:13027	SEQ ID NO:21039

【図４９－４６１】

FIGURE 49

	21-225_8E12	AA	RSSYYWG	NIYYSGYPYYNPSLKS	HSTSWSLDY
			SEQ ID NO:5016	SEQ ID NO:13028	SEQ ID NO:21040
IPS:394077		NA	AGCTATGCCATGAGC	ATTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC	CGTATGGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:5017	SEQ ID NO:13029	SEQ ID NO:21041
		AA	SYAMS	IISGRGGNTFYADSVKG	RMAVAGSEAFDI
			SEQ ID NO:5018	SEQ ID NO:13030	SEQ ID NO:21042
IPS:394079	21-225_11F5	NA	AGGAGTAGTTACTACTGGGG C	AATATTTATTATAGTGGG AGCACCTACACCAACCC	CATGGAAAAAGACTGGGGCCT TGACAAC
				GTCCCTCAAGAGT	
			SEQ ID NO:5019	SEQ ID NO:13031	SEQ ID NO:21043
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYTNPSLKS	HGKDWGLDN
			SEQ ID NO:5020	SEQ ID NO:13032	SEQ ID NO:21044
IPS:394081	21-225_16B3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGCTGGA ATTAATAAATCCTATGCA	CGGGGATACAGCTATGGCGG GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:5021	SEQ ID NO:13033	SEQ ID NO:21045
		AA	SYGMH	VISYAGINKSYADSVKG	RGYSYGGYGMDV
			SEQ ID NO:5022	SEQ ID NO:13034	SEQ ID NO:21046
IPS:394083	21-225_16F6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:5023	SEQ ID NO:13035	SEQ ID NO:21047
		AA	SYGMH	VIWHDGSNKYYVDSVKG	DLSMGGMDV
			SEQ ID NO:5024	SEQ ID NO:13036	SEQ ID NO:21048

【図４９－４６２】

FIGURE 49

IPS:394085	21-225_8B11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTCTT TGACTAC
			SEQ ID NO:5025	SEQ ID NO:13037	SEQ ID NO:21049
		AA	NYDIN	WMEPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
			SEQ ID NO:5026	SEQ ID NO:13038	SEQ ID NO:21050
IPS:394087	21-225_11A5	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GTTAACACATTCTACGCA	CGTATCTGCAGTGGCTGGCTC GGAGGCTTTTGATATC
				GACTCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:5027	SEQ ID NO:13039	SEQ ID NO:21051
		AA	SYAMS	VISGRGVNTFYADSVKG	RIAVAGSEAFDI
			SEQ ID NO:5028	SEQ ID NO:13040	SEQ ID NO:21052
IPS:394089	21-225_12F6	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGCCTGGTACGAGGGA CTAC
			SEQ ID NO:5029	SEQ ID NO:13041	SEQ ID NO:21053
		AA	DYGMH	VIWYDESNKYYADSVKG	ELAWYFDY
			SEQ ID NO:5030	SEQ ID NO:13042	SEQ ID NO:21054
IPS:394091	21-225_13H3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGAGGA AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTAGGCTTCCAGTCTGA CTTC
			SEQ ID NO:5031	SEQ ID NO:13043	SEQ ID NO:21055
		AA	SYGMH	VIWYEESNKYYVDSVRG	ELGFKSDF
			SEQ ID NO:5032	SEQ ID NO:13044	SEQ ID NO:21056

【図４９－４６３】

FIGURE 49

iPS:394093	21-225_9D12		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAATACATTACTATG	GAGCTTGCCTGGTACGAGGA CTTC
		SEQ ID NO:5033		CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21057	
		DYGMH	AA	VIWYDGNNYYADSVKG	ELAWYEDF	
		SEQ ID NO:5034			SEQ ID NO:21058	
iPS:394095	21-225_16H4		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAATGGGCTGGACCGATGA CTGC
		SEQ ID NO:5035			SEQ ID NO:21059	
		NYGMH	AA	VIWYDVSNKYYADSVKG	EMGWTDDC	
		SEQ ID NO:5036			SEQ ID NO:21060	
iPS:394097	21-225_16G7		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATTTCGGTATGATGAA AATAATGAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGCCTGGTACGAGGA CTAC
		SEQ ID NO:5037			SEQ ID NO:21061	
		DYGMH	AA	VIWYDENNYYADSVKG	ELAWYEDY	
		SEQ ID NO:5038			SEQ ID NO:21062	
iPS:394470	21-225_14B7		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG TACAGAAGTTTCAGGGC	TCGTTTTTCTATGGTTCGGGG AGTTATTATAACGAATTTGA CTAC
		SEQ ID NO:5039			SEQ ID NO:21063	
		GYYMH	AA	WINPNSGGTNYVQKFQG	SFFYGSGSYYNEFDY	
		SEQ ID NO:5040			SEQ ID NO:21064	

【図４９－４６４】

FIGURE 49

iPS:398472	21-225_16E4		NA	AGCTATGTCATGAGC	ACTATTAGTGTTGGTGGT GGTACCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGGGACGTGGCAACAGCTA TGAGTACTACTACGGTATGG ACGTC
		SEQ ID NO:5041			SEQ ID NO:21065	
		SYAMS	AA	TISVGGGTTYYADSVKG	WGRGNSVEYYYGMDV	
		SEQ ID NO:5042			SEQ ID NO:21066	
iPS:398474	21-225_17B10		NA	AGCTATGTCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATACTTCGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGGGTATACCAGAGGCTGA TGCTTTTGATATC
		SEQ ID NO:5043			SEQ ID NO:21067	
		SYAMS	AA	VISGSGGNTYFADSVKG	RGHPEADFDI	
		SEQ ID NO:5044			SEQ ID NO:21068	
iPS:398476	21-225_17C1		NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTACCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TATTGTAGTAGTACCAGGTG TCCTTATGATGCCTTTGATAT C
		SEQ ID NO:5045			SEQ ID NO:21069	
		SYAMS	AA	VISGSGGTTFYADSVKG	YCSSTRCPYDAFDI	
		SEQ ID NO:5046			SEQ ID NO:21070	
iPS:398478	21-225_17C10		NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATCTACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGTGGGAGCTCC
		SEQ ID NO:5047			SEQ ID NO:21071	
		SYSMN	AA	SISGSSSYMYYADSVKG	DRGSS	
		SEQ ID NO:5048			SEQ ID NO:21072	
iPS:398480	21-225_17G4		NA	GACTATTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG AACAGAAGTTTCAGGGC	GGATACAGCTATGGGTACAA CTGGTTCGACCCC
		SEQ ID NO:5049			SEQ ID NO:21073	
		DYYMH	AA	WINPNSGGTNYFQKFQG	GTYSYGYNWFDP	
		SEQ ID NO:5050			SEQ ID NO:21074	

【図４９－４６５】

FIGURE 49

iPS:398482	21-225_17B6		NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCCAGTGAAGGGC	GTGGCTTCATTTGACTAC
		SEQ ID NO:5051			SEQ ID NO:21075	
		SYSMN	AA	SISGSSSYTYYADSVKG	VASFDY	
		SEQ ID NO:5052			SEQ ID NO:21076	
iPS:398484	21-225_18D4		NA	GGCTACTATTTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TAATGGCACAATCTCTGC AGAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGCTTGA CTAC
		SEQ ID NO:5053			SEQ ID NO:21077	
		GYYLH	AA	WINPNSNGTTSAQKFQG	DGTSSLDY	
		SEQ ID NO:5054			SEQ ID NO:21078	
iPS:398486	21-225_19A1		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAATCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGATACAGCTATGGGTACAA CTGGTTCGACCCC
		SEQ ID NO:5055			SEQ ID NO:21079	
		GYYMH	AA	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYSYGYNWFDP	
		SEQ ID NO:5056			SEQ ID NO:21080	
iPS:398488	21-225_19F6		NA	AACGCCTGGGATGAAAC	CGTATTAAAAGCAAAAC TGATGGTGGGACAACAG ACTACGCTGCCACCCGTG AAAGGC	GATACGGGTCCTATAGCAGC TCGTCTCCGCTTACTACTACTA TTACGCTATGGACGTC
		SEQ ID NO:5057			SEQ ID NO:21081	
		NAWMN	AA	RIKSKTDGGTTDYAAPVK G	DTGPIAARLAYYYYYAMDV	
		SEQ ID NO:5058			SEQ ID NO:21082	
iPS:398490	21-225_21D12		NA	GACTATCATATATTCAC	TCGTATTAACCCTAACAG TGGTGGGACAAACAATG CACAGAAGTTTCAGGGC	TCGTATTACTATGGTTCGGG GACTTATTATAACGAATTTG ACTAC
		SEQ ID NO:5059			SEQ ID NO:21083	

【図４９－４６６】

FIGURE 49

		DYYIH	AA	WINPNSGGTNNAQKFQG	SYYYGSGTYYYNEFDY	
		SEQ ID NO:5060		SEQ ID NO:13072	SEQ ID NO:21084	
iPS:398494	21-225_21H4		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTCTTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGGGACGTGGATACAGCTA TGAGTACTACTACGGTATGG ACGTC
		SEQ ID NO:5061			SEQ ID NO:21085	
		SYAMS	AA	ALSGRGGSTYYADSVKG	WGRGYSYEYYYGMDV	
		SEQ ID NO:5062			SEQ ID NO:21086	
iPS:398496	21-225_22D2		NA	AATTTATGATATCAAC	TGGATGTCACCCTGACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGTGGTACTACTT TGACTAC
		SEQ ID NO:5063			SEQ ID NO:21087	
		NYDIN	AA	WMHPDSGNTGYAQKFQG	SSGWVYFDY	
		SEQ ID NO:5064			SEQ ID NO:21088	
iPS:398498	21-225_22E6		NA	ACTGGTGGAGTGGGGTGGG C	CTCATTTATTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	ACTATAGGCAGTTCGTGGCTT TGACTAC
		SEQ ID NO:5065			SEQ ID NO:21089	
		TGGVGVG	AA	LIYWNDDKRYSPSLKS	TIAVRGFDY	
		SEQ ID NO:5066			SEQ ID NO:21090	
iPS:398500	21-225_23A11		NA	AGTTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT ACTTACATATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	GTGGCTTCATTTGACTAC
		SEQ ID NO:5067			SEQ ID NO:21091	
		SYSMN	AA	SISGSSTYIYYADSVKG	VASFDY	
		SEQ ID NO:5068			SEQ ID NO:21092	

【図４９－４６７】

FIGURE 49

iPS:398502	21-225_23B11	NA	GGCTACTATCTGCAC	TGGATCAACCCTAACAA TAATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC
		AA	GYYLH	SEQ ID NO:5069	SEQ ID NO:21093
				SEQ ID NO:5070	SEQ ID NO:21094
iPS:398504	21-225_23D7	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	WNPNNGTNYAQKFQG	DGTSSEDY
		AA	TSGVGVG	SEQ ID NO:5071	SEQ ID NO:21095
			LIYWNNDKVYSPSLKS	SEQ ID NO:5072	RGQQLALDY
iPS:398506	21-225_23G12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5073	SEQ ID NO:21096
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5074	SSGWYYFDY
iPS:398508	21-225_24B1	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5075	SEQ ID NO:21097
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:5076	SEQ ID NO:21098
iPS:398510	21-225_24C12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5077	SEQ ID NO:21099
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5078	SEQ ID NO:21100
iPS:398512	21-225_25A3	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5079	SEQ ID NO:21101
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5080	SSGWYWFDP
iPS:398516	21-225_25E12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5081	SEQ ID NO:21102
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5082	SEQ ID NO:21103
iPS:398520	21-225_26A9	NA	GGCCGATTATATGCAC	SEQ ID NO:5083	SEQ ID NO:21104
		AA	GDYMH	SEQ ID NO:5084	DGTGSSEDY
iPS:398522	21-225_31C4	NA	AACTATGATATTAAC	SEQ ID NO:5085	SEQ ID NO:21105
		AA	WHPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:5086	SSGWYYFDY
iPS:398524	21-225_32A5	NA	AATTATGACATCAAC	SEQ ID NO:5087	SEQ ID NO:21106
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5088	SEQ ID NO:21107
iPS:398526	21-225_32B3	NA	AGCTATAGCATGAAC	SEQ ID NO:5089	SEQ ID NO:21108
		AA	SYSMN	SEQ ID NO:5090	VAGPDY
iPS:398528	21-225_32G1	NA	AGCTATCGCCATGAGC	SEQ ID NO:5091	SEQ ID NO:21109
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:5092	GELLEDYYFYGMDV
iPS:398530	21-225_32G4	NA	AGTTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5093	SEQ ID NO:21110
		AA	SYDIN	SEQ ID NO:5094	KKANDY

【図４９－４６８】

FIGURE 49

iPS:398502	21-225_23B11	NA	GGCTACTATCTGCAC	TGGATCAACCCTAACAA TAATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC
		AA	GYYLH	SEQ ID NO:5069	SEQ ID NO:21093
				SEQ ID NO:5070	SEQ ID NO:21094
iPS:398504	21-225_23D7	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	WNPNNGTNYAQKFQG	DGTSSEDY
		AA	TSGVGVG	SEQ ID NO:5071	SEQ ID NO:21095
			LIYWNNDKVYSPSLKS	SEQ ID NO:5072	RGQQLALDY
iPS:398506	21-225_23G12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5073	SEQ ID NO:21096
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5074	SSGWYYFDY
iPS:398508	21-225_24B1	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5075	SEQ ID NO:21097
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:5076	SEQ ID NO:21098
iPS:398510	21-225_24C12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5077	SEQ ID NO:21099
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5078	SEQ ID NO:21100
iPS:398512	21-225_25A3	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5079	SEQ ID NO:21101
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5080	SSGWYWFDP
iPS:398516	21-225_25E12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5081	SEQ ID NO:21102
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5082	SEQ ID NO:21103
iPS:398520	21-225_26A9	NA	GGCCGATTATATGCAC	SEQ ID NO:5083	SEQ ID NO:21104
		AA	GDYMH	SEQ ID NO:5084	DGTGSSEDY
iPS:398522	21-225_31C4	NA	AACTATGATATTAAC	SEQ ID NO:5085	SEQ ID NO:21105
		AA	WHPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:5086	SSGWYYFDY
iPS:398524	21-225_32A5	NA	AATTATGACATCAAC	SEQ ID NO:5087	SEQ ID NO:21106
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5088	SEQ ID NO:21107
iPS:398526	21-225_32B3	NA	AGCTATAGCATGAAC	SEQ ID NO:5089	SEQ ID NO:21108
		AA	SYSMN	SEQ ID NO:5090	VAGPDY
iPS:398528	21-225_32G1	NA	AGCTATCGCCATGAGC	SEQ ID NO:5091	SEQ ID NO:21109
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:5092	GELLEDYYFYGMDV
iPS:398530	21-225_32G4	NA	AGTTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5093	SEQ ID NO:21110
		AA	SYDIN	SEQ ID NO:5094	KKANDY

【図４９－４６９】

FIGURE 49

iPS:398502	21-225_23B11	NA	GGCTACTATCTGCAC	TGGATCAACCCTAACAA TAATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC
		AA	GYYLH	SEQ ID NO:5069	SEQ ID NO:21093
				SEQ ID NO:5070	SEQ ID NO:21094
iPS:398504	21-225_23D7	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	WNPNNGTNYAQKFQG	DGTSSEDY
		AA	TSGVGVG	SEQ ID NO:5071	SEQ ID NO:21095
			LIYWNNDKVYSPSLKS	SEQ ID NO:5072	RGQQLALDY
iPS:398506	21-225_23G12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5073	SEQ ID NO:21096
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5074	SSGWYYFDY
iPS:398508	21-225_24B1	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5075	SEQ ID NO:21097
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:5076	SEQ ID NO:21098
iPS:398510	21-225_24C12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5077	SEQ ID NO:21099
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5078	SEQ ID NO:21100
iPS:398512	21-225_25A3	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5079	SEQ ID NO:21101
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5080	SSGWYWFDP
iPS:398516	21-225_25E12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5081	SEQ ID NO:21102
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5082	SEQ ID NO:21103
iPS:398520	21-225_26A9	NA	GGCCGATTATATGCAC	SEQ ID NO:5083	SEQ ID NO:21104
		AA	GDYMH	SEQ ID NO:5084	DGTGSSEDY
iPS:398522	21-225_31C4	NA	AACTATGATATTAAC	SEQ ID NO:5085	SEQ ID NO:21105
		AA	WHPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:5086	SSGWYYFDY
iPS:398524	21-225_32A5	NA	AATTATGACATCAAC	SEQ ID NO:5087	SEQ ID NO:21106
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5088	SEQ ID NO:21107
iPS:398526	21-225_32B3	NA	AGCTATAGCATGAAC	SEQ ID NO:5089	SEQ ID NO:21108
		AA	SYSMN	SEQ ID NO:5090	VAGPDY
iPS:398528	21-225_32G1	NA	AGCTATCGCCATGAGC	SEQ ID NO:5091	SEQ ID NO:21109
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:5092	GELLEDYYFYGMDV
iPS:398530	21-225_32G4	NA	AGTTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5093	SEQ ID NO:21110
		AA	SYDIN	SEQ ID NO:5094	KKANDY

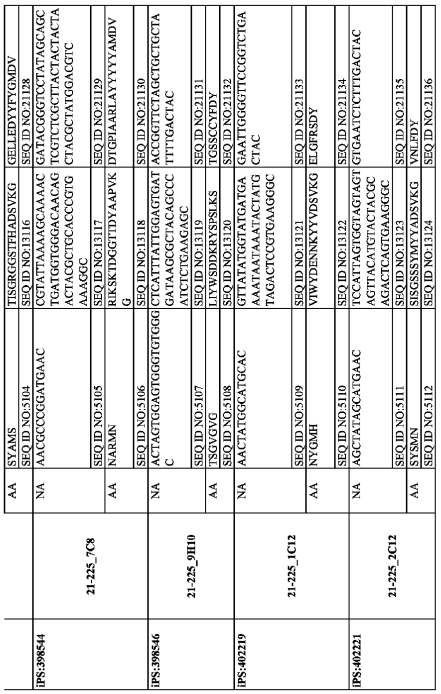
【図４９－４７０】

FIGURE 49

iPS:398532	21-225_33B7	NA	AGCTATAACATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGCC	TTAAATGGTTTTGACTAC
		AA	SYMIN	SEQ ID NO:5095	SEQ ID NO:21111
			SISGSSSYIYYADSVKG	SEQ ID NO:5096	LNGPDY
iPS:398534	21-225_33B8	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5097	SEQ ID NO:21112
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:5098	SEQ ID NO:21113
iPS:398536	21-225_33D12	NA	AGTTATGATATCAGC	SEQ ID NO:5099	SEQ ID NO:21114
		AA	SYDIS	SEQ ID NO:5100	SEQ ID NO:21115
iPS:398538	21-225_34H7	NA	AACTATGATATTAAC	SEQ ID NO:5101	SEQ ID NO:21116
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5102	SEQ ID NO:21117
iPS:398540	21-225_35A6	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5103	SEQ ID NO:21118
				SEQ ID NO:5104	SEQ ID NO:21119
				SEQ ID NO:5105	LNGPDY
				SEQ ID NO:5106	SEQ ID NO:21120
				SEQ ID NO:5107	SEQ ID NO:21121
				SEQ ID NO:5108	GELLEDYYFYGMDV
				SEQ ID NO:5109	SEQ ID NO:21122
				SEQ ID NO:5110	SEQ ID NO:21123
				SEQ ID NO:5111	KRANDY
				SEQ ID NO:5112	SEQ ID NO:21124
				SEQ ID NO:5113	SEQ ID NO:21125
				SEQ ID NO:5114	SEQ ID NO:21126
				SEQ ID NO:5115	SEQ ID NO:21127

【図４９－４７１】

FIGURE 49



			AA	SYAMS	TISRRGGSTFHADSVKG
IPS:398544	21-225_7C8		NA	AACGCCCGGATGAAC	SEQ ID NO:13116
					SEQ ID NO:13117
			AA	NARMN	RIKSKTDGGTTDYAAPVK G
					SEQ ID NO:13118
IPS:398546	21-225_9H10		NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG	CTCATTTATTGGAGTGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC
					SEQ ID NO:13119
			AA	TSGVGVG	LIYWSDDKRYSPSLKS
					SEQ ID NO:13120
IPS:402219	21-225_1C12		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:13121
			AA	NYGMH	VIWYDENKYYVDSVKG
					SEQ ID NO:13122
IPS:402221	21-225_2C12		NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGTT AGTTACATCTACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:13123
			AA	SYSMN	SISGSSSYMYYADSVKG
					SEQ ID NO:13124

			AA	SYSMN	SEQ ID NO:13132
IPS:398544	21-225_7C8		NA	AACGCCCGGATGAAC	SEQ ID NO:13128
					SEQ ID NO:13129
			AA	NARMN	DTGPIAARLAYYYYYAMDV
					SEQ ID NO:13130
IPS:398546	21-225_9H10		NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG	CGELLEDYFYYGMDV
					SEQ ID NO:21130
			AA	NARMN	DTGPIAARLAYYYYYAMDV
					SEQ ID NO:21131
			AA	TSGVGVG	TGSSCCYFDY
					SEQ ID NO:21132
IPS:402219	21-225_1C12		NA	AACTATGGCATGCAC	GAATTGGGGTTCCGGTCTGA CTAC
					SEQ ID NO:21133
			AA	NYGMH	ELGFRSDY
					SEQ ID NO:21134
IPS:402221	21-225_2C12		NA	AGCTATAGCATGAAC	GTGAATCTCTTTGACTAC
					SEQ ID NO:21135
			AA	SYSMN	VNLFDY
					SEQ ID NO:21136

【図４９－４７２】

FIGURE 49

			AA	GACTATCATATGCAC	GATGGAACTGGGTCCTTTGA CTAC
IPS:402223	21-225_30A11		NA	TGGATCAACCCTAATAG GGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGAC	
					SEQ ID NO:21137
			AA	DYHMH	DGTGSFDY
					SEQ ID NO:21138
IPS:402225	21-225_2B1		NA	AGCTATAGCATGAAC	CTGGGGAACTAC
					SEQ ID NO:21139
			AA	SYSMN	LGNY
					SEQ ID NO:21140
IPS:402229	21-225_16H9		NA	AGCTATAGCATGAAC	GTCAACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:21141
			AA	SYSMN	VNGMDV
					SEQ ID NO:21142
IPS:402231	21-225_6D9		NA	AACGCCTGGATGAAC	GATACGGGTCCTATAGCAGC TCGTCTGCTTACTACTA CTACGCTATGGACGTC
					SEQ ID NO:21143
			AA	NAWMN	DTGPIAARLAYYYYYAMDV G
					SEQ ID NO:21144
IPS:402233	21 225 16D10		NA	ACCTATAACTTGAAC	ACTAATGGGTTTGACTTC

【図４９－４７３】

FIGURE 49

	21-225_16D10	AA	SEQ ID NO:5121	SEQ ID NO:13133	SEQ ID NO:21145
			TYNLN	SISGGAGIIHYYSDSVKG	TNGPDY
IPS:402235	21-225_20F10	NA	SEQ ID NO:5122	SEQ ID NO:13134	SEQ ID NO:21146
			AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTACTATGTACT TTCATTATACTACGCAGAT TCAGTGAAGGGC	AAGGCTGGGCTTGATATC
			SEQ ID NO:5123	SEQ ID NO:13135	SEQ ID NO:21147
		AA	SYSMN	SISTSPIYYADSVKG	KAGLDI
			SEQ ID NO:5124	SEQ ID NO:13136	SEQ ID NO:21148
IPS:402237	21-225_23D11	NA	AGCTATAACATAAAC	TCCATTAGTGGTAATAGT GGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	ACTAACCCTCTTTGACTAC
			SEQ ID NO:5125	SEQ ID NO:13137	SEQ ID NO:21149
		AA	SYNIN	SISGNSGYIYYADSVKG	TNLFDY
			SEQ ID NO:5126	SEQ ID NO:13138	SEQ ID NO:21150
IPS:403868	21-225_19D11	NA	AGAAGTAGTTATTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGCCGCCAACTACACACCC GTCCCTCAAGAGT	CTGGACAGGGGCTGGTCCTT TGACTAC
			SEQ ID NO:5127	SEQ ID NO:13139	SEQ ID NO:21151
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSANYNPSLKS	LDRGWSFDY
			SEQ ID NO:5128	SEQ ID NO:13140	SEQ ID NO:21152
IPS:403870	21-225_23G4	NA	AGCTATGCCCATGAGC	GTTATTAGTGGGGCGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGGGGATATGTGGGAGCTAC TGAAGGCTTTTGATATC
			SEQ ID NO:5129	SEQ ID NO:13141	SEQ ID NO:21153
		AA	SYAMS	VISGRGGSTYYADSVKG	RGIVGAITEAFDI
			SEQ ID NO:5130	SEQ ID NO:13142	SEQ ID NO:21154
IPS:403872	21 225 8F11	NA	AGGACTAGTTACTACTGGGG C	AATATTTATTATAGTGGG AGCGCCTACAACACCC GTCCCTCAAGAGT	CATGGACAAAGACTGGGGCCT TGACTAC

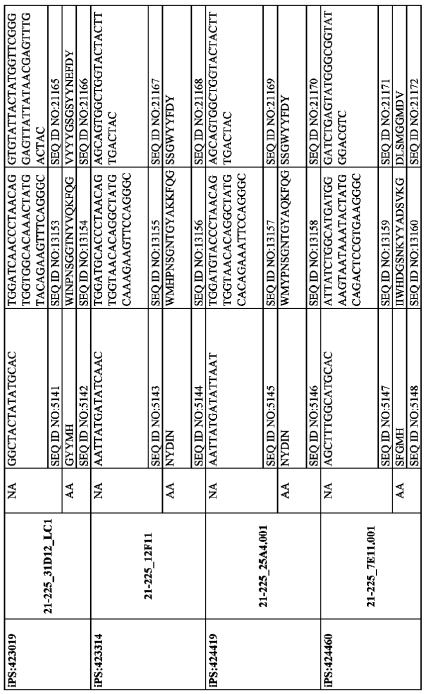
【図４９－４７４】

FIGURE 49

	21-225_8F11	AA	SEQ ID NO:5131	SEQ ID NO:13143	SEQ ID NO:21155
			RTSYYWG	NIYYSGSAYNNPSLKS	HGQDWGLDY
			SEQ ID NO:5132	SEQ ID NO:13144	SEQ ID NO:21156
IPS:404090	21-225_8D8	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AATTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	CTGGGTAACTAC
			SEQ ID NO:5133	SEQ ID NO:13145	SEQ ID NO:21157
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	LGNY
			SEQ ID NO:5134	SEQ ID NO:13146	SEQ ID NO:21158
IPS:412232	21-225_4A2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
			SEQ ID NO:5135	SEQ ID NO:13147	SEQ ID NO:21159
		AA	NYDIN	WMEIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:5136	SEQ ID NO:13148	SEQ ID NO:21160
IPS:422894	21-225_4A2.001	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
			SEQ ID NO:5137	SEQ ID NO:13149	SEQ ID NO:21161
		AA	NYDIN	WMEIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:5138	SEQ ID NO:13150	SEQ ID NO:21162
IPS:423018	21-225_31D12_LC2	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TCGTGGCACAAACTATG TACAGAAGTTTCAGGGC	GTGTATTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGAGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO:5139	SEQ ID NO:13151	SEQ ID NO:21163
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYVQKFQG	SPYYGSGSYYNEFDY
			SEQ ID NO:5140	SEQ ID NO:13152	SEQ ID NO:21164

【図４９－４７５】

FIGURE 49



iPS:423019	21-225_31D12_LC1		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG TACAGAAGTTTCAGGGC	GTGTATTACTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGAGTTTG ACTAC
					SEQ ID NO:5141	SEQ ID NO:21165
			AA	GYYMH	WNPNSGGTNYVQKFQG	VYYYGSGSYYNEFDY
					SEQ ID NO:5142	SEQ ID NO:21166
iPS:423314	21-225_12F11		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CAAAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
					SEQ ID NO:5143	SEQ ID NO:21167
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAKKFQG	SSGWYYFDY
					SEQ ID NO:5144	SEQ ID NO:21168
iPS:423419	21-225_2544.001		NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
					SEQ ID NO:5145	SEQ ID NO:21169
			AA	NYDIN	WMYPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
					SEQ ID NO:5146	SEQ ID NO:21170
iPS:423460	21-225_7E11.001		NA	AGCTTTCGGCATGCAC	ATTAATCTGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGATATGGGCGGTAT GGACGTC
					SEQ ID NO:5147	SEQ ID NO:21171
			AA	SFGMH	IIWHDGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV
					SEQ ID NO:5148	SEQ ID NO:21172

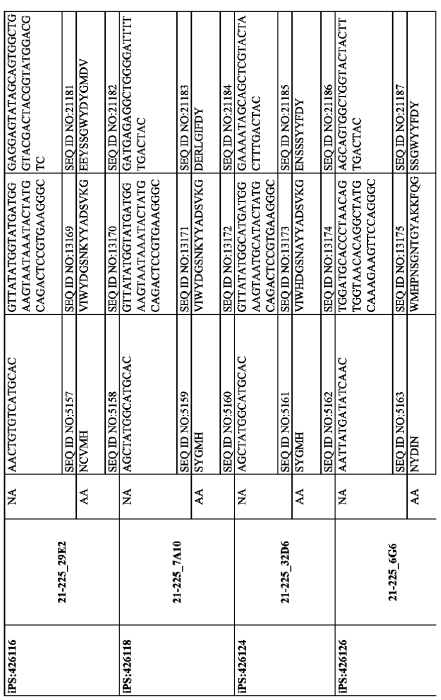
【図４９－４７６】

FIGURE 49

iPS:426108	21-225_10G6		NA	GCCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAA TAATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGTTACCAGCTCGTTTGA CTAT
					SEQ ID NO:5149	SEQ ID NO:21173
			AA	AYHMH	WINPNNGTNYAQKFQG	DVTSSFDY
					SEQ ID NO:5150	SEQ ID NO:21174
iPS:426110	21-225_12E9		NA	GACTACTATTTGCAC	TGGGTCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTTTG CACAGAAGTTTCAGGAC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC
					SEQ ID NO:5151	SEQ ID NO:21175
			AA	DYYLH	WVHPNSGGTNFAQKFQD	DGTSSFDY
					SEQ ID NO:5152	SEQ ID NO:21176
iPS:426112	21-225_12F12		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAACACGGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTTC
					SEQ ID NO:5153	SEQ ID NO:21177
			AA	NYDIN	WMYPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDF
					SEQ ID NO:5154	SEQ ID NO:21178
iPS:426114	21-225_28H12		NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAGTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
					SEQ ID NO:5155	SEQ ID NO:21179
			AA	NYYMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EEYSSGWYDYGMDV
					SEQ ID NO:5156	SEQ ID NO:21180

【図４９－４７７】

FIGURE 49



iPS:426116	21-225_29I2		NA	AACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAGTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
					SEQ ID NO:5157	SEQ ID NO:21181
			AA	NCVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EEYSSGWYDYGMDV
					SEQ ID NO:5158	SEQ ID NO:21182
iPS:426118	21-225_7A10		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGAGAGGCTGGGGATTTT TGACTAC
					SEQ ID NO:5159	SEQ ID NO:21183
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DERLGIFDY
					SEQ ID NO:5160	SEQ ID NO:21184
iPS:426124	21-225_32D6		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATGCATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAATAGCAGCTCGTACTA CTTTGACTAC
					SEQ ID NO:5161	SEQ ID NO:21185
			AA	SYGMH	VIWHDGSNAYYADSVKG	ENSSSYYFDY
					SEQ ID NO:5162	SEQ ID NO:21186
iPS:426126	21-225_6G6		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CAAAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
					SEQ ID NO:5163	SEQ ID NO:21187
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAKKFQG	SSGWYYFDY

【図４９－４７８】

FIGURE 49

iPS:433895	21-225_43E1		NA	AGCTATAGCATGAAC	GCCATTAGTGGTAATAG TACTTACATATACTACGC AGACTCGTTTGAAGGGC	GATCGGGGCAGTGAA
					SEQ ID NO:5164	SEQ ID NO:21188
			AA	SYSMN	AISGNSTYIYYADSLKG	DRGSE
					SEQ ID NO:5165	SEQ ID NO:21189
iPS:433897	21-225_43C2		NA	AGCTATCGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GTTAACACATTCGACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGAGTGGGAGCTATTT TGACTAC
					SEQ ID NO:5166	SEQ ID NO:21190
			AA	SYAMS	AISRGRGVNTFDADSVKG	ERSGSYFDY
					SEQ ID NO:5167	SEQ ID NO:21191
iPS:433899	21-225_43C3		NA	AGCTATGGCATACAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTAGGATTTTCCAATGA CTAC
					SEQ ID NO:5168	SEQ ID NO:21192
			AA	SYGIH	VIWYDENKYYADSVKG	ELGFSNDY
					SEQ ID NO:5169	SEQ ID NO:21193
iPS:433901	21-225_43A4		NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGAAGTAG TACTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GTGACCTCTTTTGACTAC
					SEQ ID NO:5170	SEQ ID NO:21194
			AA	SYTMS	SISGSSTYIYYADSVKG	VTSFDY
					SEQ ID NO:5171	SEQ ID NO:21195
iPS:433903	21-225_43B4		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT ATTAACACATTCGACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGAGTGGGAGCTATTT TGACTAC
					SEQ ID NO:5172	SEQ ID NO:21196

【図４９－４７９】

FIGURE 49

	21-225_43H4			SEQ ID NO:5173	SEQ ID NO:13185	SEQ ID NO:21197	
			AA	SYAMS	AISGRGINTFDADSVKG	ERSGSYFDY	
				SEQ ID NO:5174	SEQ ID NO:13186	SEQ ID NO:21198	
iPS:433905			NA	GACTACTACATGATC	TACATTAGTAGTAGTGGTT ATTACCAAATACTACGC AGACTCTATGAAGGGC	GATACAATCTAC	
	21-225_43I5			SEQ ID NO:5175	SEQ ID NO:13187	SEQ ID NO:21199	
			AA	DYYMI	YISSSGITKYYADSMKG	DTIY	
				SEQ ID NO:5176	SEQ ID NO:13188	SEQ ID NO:21200	
iPS:433909			NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGACCCTCTT TGACTAC	
	21-225_43I8			SEQ ID NO:5177	SEQ ID NO:13189	SEQ ID NO:21201	
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWTLFDY	
				SEQ ID NO:5178	SEQ ID NO:13190	SEQ ID NO:21202	
iPS:433911			NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT ATTAACACATTCGACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGAGTGGGAGCTATTT TGACTAC	
	21-225_43E8			SEQ ID NO:5179	SEQ ID NO:13191	SEQ ID NO:21203	
			AA	SYAMS	AISGRGINTFDADSVKG	ERSGSYFDY	
				SEQ ID NO:5180	SEQ ID NO:13192	SEQ ID NO:21204	
iPS:433913			NA	GACTACTACATGAAC	TACATTAGTAGTAGTGGT AGAACCATATTCTACGC AGACTCTTTGAAGGGC	GATACAATCTAC	
	21-225_43H8			SEQ ID NO:5181	SEQ ID NO:13193	SEQ ID NO:21205	
			AA	DYYMN	YISSSGRTIFYADSLKG	DTIY	
				SEQ ID NO:5182	SEQ ID NO:13194	SEQ ID NO:21206	

【図４９－４８０】

FIGURE 49

iPS:433915	21-225_43I9		NA	AGCTATGCCATGAGT	GCTATTAGTGGTAGTGGT AGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGAACGCCCTCTGATGTTTTT GATATC	
				SEQ ID NO:5183	SEQ ID NO:13195	SEQ ID NO:21207	
			AA	SYAMS	AISGSGSNTFYADSVKG	RTPSDVFDI	
				SEQ ID NO:5184	SEQ ID NO:13196	SEQ ID NO:21208	
iPS:433917	21-225_43I11		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGGTATGTCAGAAGCTGGGT GGGAGGTATGGACGTC	
				SEQ ID NO:5185	SEQ ID NO:13197	SEQ ID NO:21209	
			AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYVRSWYGGMDV	
				SEQ ID NO:5186	SEQ ID NO:13198	SEQ ID NO:21210	
iPS:433919	21-225_44B3		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:5187	SEQ ID NO:13199	SEQ ID NO:21211	
			AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGIWYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5188	SEQ ID NO:13200	SEQ ID NO:21212	
iPS:433921	21-225_44C3		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGATTCCGTGAAGGGC	GAACTAGGATTTTCCACCGA CTAC	
				SEQ ID NO:5189	SEQ ID NO:13201	SEQ ID NO:21213	
			AA	SYGMH	VIWYPGSNKYYADSVKG	FLGFSTDY	
				SEQ ID NO:5190	SEQ ID NO:13202	SEQ ID NO:21214	

【図４９－４８１】

FIGURE 49

iPS:433923	21-225_44D3		NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CTGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:5191	SEQ ID NO:13203	SEQ ID NO:21215	
			AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGLYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5192	SEQ ID NO:13204	SEQ ID NO:21216	
iPS:433925	21-225_44F3		NA	AGCTATGCCATGAGC	ATTCTCAGTGGTGGTGGT AAGACCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGAACGCCCTCTGATGCTTT TGATATC	
				SEQ ID NO:5193	SEQ ID NO:13205	SEQ ID NO:21217	
			AA	SYAMS	ILSGGGKTTYYADSVKG	RTPSDAFDI	
				SEQ ID NO:5194	SEQ ID NO:13206	SEQ ID NO:21218	
iPS:433929	21-225_44D5		NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GTCCCGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:5195	SEQ ID NO:13207	SEQ ID NO:21219	
			AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	VPYSSSWYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5196	SEQ ID NO:13208	SEQ ID NO:21220	
iPS:433931	21-225_44F6		NA	AGTTACTACTGGAGC	TATATCTATTACAGTGGA AACACCAACTACAACCC CTCCCTCAAGAGT	GGGGTGGCTATAAAGAACTA C	
				SEQ ID NO:5197	SEQ ID NO:13209	SEQ ID NO:21221	
			AA	SYYWS	VIYYSGNTNYNPSLKS	GVAIKNY	
				SEQ ID NO:5198	SEQ ID NO:13210	SEQ ID NO:21222	

【図４９－４８２】

FIGURE 49

iPS:433933	21-225_44C8		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCTCTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:5199	SEQ ID NO:13211	SEQ ID NO:21223	
			AA	NYGMH	VIWYEGSNKYYADSVKG	ELGFLSDY	
				SEQ ID NO:5200	SEQ ID NO:13212	SEQ ID NO:21224	
iPS:433935	21-225_44F9		NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACCATATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:5201	SEQ ID NO:13213	SEQ ID NO:21225	
			AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EPYSSSWYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5202	SEQ ID NO:13214	SEQ ID NO:21226	
iPS:433937	21-225_44B10		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGGTATAGCAGCAGCTGGGT GGGGGGTATGGACGTC	
				SEQ ID NO:5203	SEQ ID NO:13215	SEQ ID NO:21227	
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWVGGMDV	
				SEQ ID NO:5204	SEQ ID NO:13216	SEQ ID NO:21228	
iPS:433939	21-225_44C10		NA	GACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CTGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:5205	SEQ ID NO:13217	SEQ ID NO:21229	

【図４９－４８３】

FIGURE 49

			AA	DCVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGLYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5206	SEQ ID NO:13218	SEQ ID NO:21230	
iPS:433941			NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GTTAACACATTCGACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAGGAGTGGGAGCTATTT TGACTAC	
		21-225_44D10			SEQ ID NO:5207	SEQ ID NO:13219	SEQ ID NO:21231
			AA	SYAMS	AISGRGVNTFDADSVKG	ERSGSYFDY	
				SEQ ID NO:5208	SEQ ID NO:13220	SEQ ID NO:21232	
iPS:433943			NA	AGCTATGCCATGAAC	GGTGTTGTTGGTAGTGGT GGTAGAACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGGGCAGTGGCTCCT AGGCGGTATGGACGTC	
		21-225_44E10			SEQ ID NO:5209	SEQ ID NO:13221	SEQ ID NO:21233
			AA	SYAMN	GVVGSGGRTYYADSVKG	DRGQWLLGKMDV	
				SEQ ID NO:5210	SEQ ID NO:13222	SEQ ID NO:21234	
iPS:433945			NA	AGCTATAGCGTGAAC	TACATTAGTAGTAGTAGTAGT AGTACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	AGTGGATACAGCTATGCTTA CTACTACTACTACGGTATGG ACGTC	
		21-225_44C12			SEQ ID NO:5211	SEQ ID NO:13223	SEQ ID NO:21235
			AA	SYSVN	YISSSSSTIYYADSVKG	SGYSYAYYYYGMDV	
				SEQ ID NO:5212	SEQ ID NO:13224	SEQ ID NO:21236	
iPS:433947			NA	AGCGATGACACGCAC	GTTATATGGTTTGATGAA TATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTAATAGCAGCAGCTGG GACGGGAGACTAC	
		21-225_44B12			SEQ ID NO:5213	SEQ ID NO:13225	SEQ ID NO:21237
			AA	SDDTH	VIWPDEYNKYYADSVKG	DLIAAAGTGDY	
					SEQ ID NO:5214	SEQ ID NO:13226	SEQ ID NO:21238

【図４９－４８４】

FIGURE 49

			NA	GACTACTACATGAAC	TACATTAGTAGTAGTGGT ATTACCAAATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GATACAATCTAC	
iPS:433949		21-225_45H2			SEQ ID NO:5215	SEQ ID NO:13227	SEQ ID NO:21239
			AA	DYYMN	YISSSGITKYYADSVKG	DITY	
				SEQ ID NO:5216	SEQ ID NO:13228	SEQ ID NO:21240	
iPS:433951			NA	GACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CTGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG TC	
		21-225_45B4			SEQ ID NO:5217	SEQ ID NO:13229	SEQ ID NO:21241
			AA	DCVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGLYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5218	SEQ ID NO:13230	SEQ ID NO:21242	
iPS:433953			NA	AGCTATGCCATGAGT	GCTATTAGTGGTAGTGGT AGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGAACGCCCTCTGATGTTTTT GATATC	
		21-225_45E4			SEQ ID NO:5219	SEQ ID NO:13231	SEQ ID NO:21243
			AA	SYAMS	AISGSGSNTFYADSVKG	RTPSDVFDI	
				SEQ ID NO:5220	SEQ ID NO:13232	SEQ ID NO:21244	
iPS:433955			NA	GACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CTGACTCCGTGAAGGGC	CGAAAGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG TC	
		21-225_45B8			SEQ ID NO:5221	SEQ ID NO:13233	SEQ ID NO:21245
			AA	DCVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGLYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5222	SEQ ID NO:13234	SEQ ID NO:21246	

【図４９－４８５】

FIGURE 49

			NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GTTAACACATTCGACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGAGTGGGAGCTATTT TGACTAC	
iPS:433957		21-225_45F8			SEQ ID NO:5223	SEQ ID NO:21247	
			AA	SYAMS	AISGRGVNTFDADSVKG	ERSGSYFDY	
				SEQ ID NO:5224	SEQ ID NO:13236	SEQ ID NO:21248	
iPS:433959			NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GGTACCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGAACGCCCTCTGATGCTTT TGATATC	
		21-225_45C9			SEQ ID NO:5225	SEQ ID NO:21249	
			AA	SYAMS	VISGRGGTTYYADSVKG	RTPSDAFDI	
				SEQ ID NO:5226	SEQ ID NO:13238	SEQ ID NO:21250	
iPS:433961			NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGAAGTAG TACTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GTGACCTCTTTTGACTAC	
		21-225_45D9			SEQ ID NO:5227	SEQ ID NO:13239	SEQ ID NO:21251
			AA	SYTMN	SISGSSTYIYYADSVKG	VTSFDY	
				SEQ ID NO:5228	SEQ ID NO:13240	SEQ ID NO:21252	
iPS:433963			NA	AGCGATGACTCGCAC	GTTATATGGTTTGATGAA TTATACTAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	GATCTAATAGCAGCAACTGG GACGGGAGACTAC	
		21-225_46B1			SEQ ID NO:5229	SEQ ID NO:13241	SEQ ID NO:21253
			AA	SDDSH	VIWPDEYTKYYADSVKG	DLIAATGTGDY	
				SEQ ID NO:5230	SEQ ID NO:13242	SEQ ID NO:21254	
iPS:433965			NA	AGCTATGGCATGCAC	AITATATGGTATGATGG TAGACTCCCGTGAAGGGC	GATCGATACGATTTTTGGAG TGGTTACTTTGACTAC	
		21-225_46F2			SEQ ID NO:5231	SEQ ID NO:13243	SEQ ID NO:21255
			AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYVDSVKG	DRYDPWSGYFDY	

【図４９－４８６】

FIGURE 49

			NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CTGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG TC	
iPS:433967		21-225_46C3			SEQ ID NO:5232	SEQ ID NO:13244	SEQ ID NO:21256
			AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGLYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5233	SEQ ID NO:13245	SEQ ID NO:21257	
iPS:433969			NA	GATTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGATTCCGTGAAGGGC	GAACTAGGGATTTTCCAATGA CTAC	
		21-225_46F3			SEQ ID NO:5234	SEQ ID NO:13246	SEQ ID NO:21258
			AA	DYGMH	VIWFEGSNKYYADSVKG	ELGFSNDY	
				SEQ ID NO:5235	SEQ ID NO:13247	SEQ ID NO:21259	
iPS:433971			NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GTCCCGTATAAGCAGCAGTTG GTACGACTACGGTATGGACG TC	
		21-225_46D4			SEQ ID NO:5236	SEQ ID NO:13248	SEQ ID NO:21260
			AA	SYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGLYDYGMDV	
				SEQ ID NO:5237	SEQ ID NO:13249	SEQ ID NO:21261	
iPS:433973			NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT ATTACACACATTCGACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGAGTGGGAGCTATTT TGACTAC	
		21-225_46A6			SEQ ID NO:5238	SEQ ID NO:13250	SEQ ID NO:21262
			AA	SYAMS	AISGRGNTFDADSVKG	ERSGSYFDY	
				SEQ ID NO:5240	SEQ ID NO:13252	SEQ ID NO:21264	

【図４９－４８７】

FIGURE 49

iPS:433975	21-225_46C6	NA	AGCTATGGCATACAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTAGGATTTTCCAATGA CTAC
				SEQ ID NO:5241	SEQ ID NO:21265
		AA	SYGIH	VIWYDESNKYYADSVKG	ELGFSNDY
				SEQ ID NO:5242	SEQ ID NO:21266
iPS:433977	21-225_46D8	NA	GATTATGGCATACAC	GTTATATGGTTTGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGATTCCGTGAAGGGC	GAACTAGGATTTTCCAATGA CTAC
				SEQ ID NO:5243	SEQ ID NO:21267
		AA	DYGIH	VIWFEGSNKYYADSVKG	ELGFSNDY
				SEQ ID NO:5244	SEQ ID NO:21268
iPS:433979	21-225_46E9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGAAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGGTATAGCAGCAGCTGGAT GGGAGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5245	SEQ ID NO:21269
		AA	SYGMH	VIWYDGRNKYYADSVKG	RYSSSWMGGMDV
				SEQ ID NO:5246	SEQ ID NO:21270
iPS:433981	21-225_46F9	NA	GACTACTACATGAAC	TACATTTAATAGTAATGGT TTTACCATATACTACGCA GACTCTGTGAAGGGC	GATACAATCTAC
				SEQ ID NO:5247	SEQ ID NO:21271
		AA	DYGMH	VIWYDDYNKKYYADSVKG	ELGMLFDY
				SEQ ID NO:5248	SEQ ID NO:21272

【図４９－４８８】

FIGURE 49

iPS:433983	21-225_47A1	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGAC TATAATAAAAGTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGTCTTTGA CTAC
				SEQ ID NO:5249	SEQ ID NO:21273
		AA	DYGMH	VIWYDDYNKKYYADSVKG	ELGMLFDY
				SEQ ID NO:5250	SEQ ID NO:21274
iPS:433985	21-225_47C1	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGGTATAGCCGCAGCTGGGT GGGAGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5251	SEQ ID NO:21275
		AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSRSWVGGMDV
				SEQ ID NO:5252	SEQ ID NO:21276
iPS:433987	21-225_47A5	NA	GACGATGACACACAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTTATAGCAGCAGCTGG TACAGTTGACTAC
				SEQ ID NO:5253	SEQ ID NO:21277
		AA	DDDTH	VIWFDGSNKYYADSVKG	DLIAAAGTVDYY
				SEQ ID NO:5254	SEQ ID NO:21278
iPS:433989	21-225_47C7	NA	AACTATGCCATGAGC	GGTATTATGGTAGTAGTGG TAGTCGCACACTACG CAGCACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGGGCACGTGGCTCAT AGGCGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5255	SEQ ID NO:21279
		AA	NYAMS	GISGSGSRTYYADSVKG	DRGQWLEGMDV
				SEQ ID NO:5256	SEQ ID NO:21280

【図４９－４８９】

FIGURE 49

iPS:433991	21-225_47B7	NA	ATCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTATATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGGTATAGCAGCAAGCTGGGT GGGAGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5257	SEQ ID NO:21281
		AA	IYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSRSWVGGMDV
				SEQ ID NO:5258	SEQ ID NO:21282
iPS:433993	21-225_47G7	NA	AGCTATGCCATGAGT	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGAGTCCCGTGAGGGGC	ATTATCCGGGAGCAGTGGGC CTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5259	SEQ ID NO:21283
		AA	SYAMS	AISGRGGNTFYAESVKG	IIREQWAFDY
				SEQ ID NO:5260	SEQ ID NO:21284
iPS:433995	21-225_47H7	NA	GACTACTACATGATC	TACATTAATAGTAATGGT TTTACCAAATACTACGCA GACTCTGTGAAGGGC	GATACAGTCTAC
				SEQ ID NO:5261	SEQ ID NO:21285
		AA	DYYMI	YINSNGFTKYYADSVKG	DTVY
				SEQ ID NO:5262	SEQ ID NO:21286
iPS:433997	21-225_48C1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTGTATGGTATGATGA AATTAATAAAAAGTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAATTAGGGTGGGAGGCTGA CTAC
				SEQ ID NO:5263	SEQ ID NO:21287
		AA	SYGMH	VVWYDEINKKYADSVKG	ELGWEADY
				SEQ ID NO:5264	SEQ ID NO:21288

【図４９－４９０】

FIGURE 49

iPS:433999	21-225_48D1	NA	AGTTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGGAA TGAGGCTTTTGATATC
				SEQ ID NO:5265	SEQ ID NO:21289
		AA	SYAMS	VISGRGGSTFYADSVKG	RIAVAGNEAFDI
				SEQ ID NO:5266	SEQ ID NO:21290
iPS:434001	21-225_48F2	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTCTGGACG TC
				SEQ ID NO:5267	SEQ ID NO:21291
		AA	NYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSSWYDYGLDV
				SEQ ID NO:5268	SEQ ID NO:21292
iPS:434003	21-225_48C3	NA	AGTTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGGAA TGAGGCTTTTGATATC
				SEQ ID NO:5269	SEQ ID NO:21293
		AA	SYAMS	VISGRGGSTFYADSVKG	RIAVAGNEAFDI
				SEQ ID NO:5270	SEQ ID NO:21294
iPS:434007	21-225_48D7	NA	AACTCTGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTTACTGGT GGTACCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGTGGGCGGGAGCAGTGGCT TGACTAC
				SEQ ID NO:5271	SEQ ID NO:21295
		AA	NSAMN	AISGSGGTTFYADSVKG	CGRSQWLDY
				SEQ ID NO:5272	SEQ ID NO:21296
iPS:434009	21 225 48A9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAATAAGAAATTACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTTGCCTGGTACGAAGGA CTAC

10

20

30

40

50

【図４９－４９１】

FIGURE 49

	21-225_48A9			SEQ ID NO:13285	SEQ ID NO:21297		
			AA	SYGMH	VIWYEENKKYYADSVKG	ELAWYEDY	
				SEQ ID NO:5274	SEQ ID NO:13286	SEQ ID NO:21298	
iPS:434011	21-225_48B10		NA	GACTACTTCATGACC	TACATTAGTAGTGCTGGT GGTGCCATATACTACGC	GCAGTGGCTGCCCCTGGTGT TTTTGATATC	
				SEQ ID NO:5275	SEQ ID NO:13287	SEQ ID NO:21299	
			AA	DYFMT	YISSAGGAIYYADSVKG	AVAAPGVFDI	
				SEQ ID NO:5276	SEQ ID NO:13288	SEQ ID NO:21300	
iPS:434013	21-225_48D12		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA AGTAATAAATACTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGAGATCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:5277	SEQ ID NO:13289	SEQ ID NO:21301	
			AA	DYGMH	VIWYDVSNKYYVDSVKG	ELGMRSDY	
				SEQ ID NO:5278	SEQ ID NO:13290	SEQ ID NO:21302	
iPS:434015	21-225_48F12		NA	GACTACTTCATGACC	TACATTAGTAGTGCTGGT GGTGCCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GCAGTGGCTGCCCCTGGTGC TTTTGATATC	
				SEQ ID NO:5279	SEQ ID NO:13291	SEQ ID NO:21303	
			AA	DYFMT	YISSAGGAIYYADSVKG	AVAAPGAFDI	
				SEQ ID NO:5280	SEQ ID NO:13292	SEQ ID NO:21304	
iPS:434017	21-225_48G12		NA	GACTACTTCATGACC	TACATTAGTAGTGCTGGT GGTGCCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GCAGTGGCTGCCCCTGGTGC TTTTGATATC	
				SEQ ID NO:5281	SEQ ID NO:13293	SEQ ID NO:21305	
			AA	DYFMT	YISSAGGAIYYADSVKG	AVAAPGAFDI	
				SEQ ID NO:5282	SEQ ID NO:13294	SEQ ID NO:21306	

【図４９－４９２】

FIGURE 49

iPS:434019	21-225_49A1		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AGATAATAAATATTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCTCTCTGA CTAC
				SEQ ID NO:5283	SEQ ID NO:13295	SEQ ID NO:21307
			AA	DYGMH	VIWYDEDNKYYVDSVKG	ELGFLSDY
				SEQ ID NO:5284	SEQ ID NO:13296	SEQ ID NO:21308
iPS:434021	21-225_49C1		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCCGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5285	SEQ ID NO:13297	SEQ ID NO:21309
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
				SEQ ID NO:5286	SEQ ID NO:13298	SEQ ID NO:21310
iPS:434023	21-225_49F1		NA	AGCTATGCCATGGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GCTATAGCAGCGGCTGGTGC CCACTATTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5287	SEQ ID NO:13299	SEQ ID NO:21311
			AA	SYAMS	VISGSGGSTFYADSVKG	AIAAAGAHYFDY
				SEQ ID NO:5288	SEQ ID NO:13300	SEQ ID NO:21312
iPS:434025	21-225_49G3		NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GCGCCGGATATGGACGTC
				SEQ ID NO:5289	SEQ ID NO:13301	SEQ ID NO:21313
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
				SEQ ID NO:5290	SEQ ID NO:13302	SEQ ID NO:21314

【図４９－４９３】

FIGURE 49

iPS:434027	21-225_49H5		NA	AGCTATGCCATGACC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACTCATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	GCAAGGGCAGTGGCTGGGTC ACACTGGTTCGACCCC
				SEQ ID NO:5291	SEQ ID NO:13303	SEQ ID NO:21315
			AA	SYAMT	AISGSGGNSPYADSVKG	ARAVAGSHWPDP
				SEQ ID NO:5292	SEQ ID NO:13304	SEQ ID NO:21316
iPS:434029	21-225_49C6		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGTA AGTAATAAAAAGTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGGGGATGATCGAGGA CTAC
				SEQ ID NO:5293	SEQ ID NO:13305	SEQ ID NO:21317
			AA	NYGMH	VIWFDVSNKKYVDSVKG	DLGMIEDY
				SEQ ID NO:5294	SEQ ID NO:13306	SEQ ID NO:21318
iPS:434031	21-225_49E7		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCCGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5295	SEQ ID NO:13307	SEQ ID NO:21319
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
				SEQ ID NO:5296	SEQ ID NO:13308	SEQ ID NO:21320
iPS:434033	21-225_49F9		NA	AGTTATGGCATGCAC	CTTATATGGTATGATGGA AGGAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCCGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5297	SEQ ID NO:13309	SEQ ID NO:21321
			AA	SYGMH	LIWYDGRNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
				SEQ ID NO:5298	SEQ ID NO:13310	SEQ ID NO:21322

【図４９－４９４】

FIGURE 49

iPS:434035	21-225_49F10		NA	GGCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAATAA CAATGCCACAAACTATG CTCAGAACTTTCAGGGC	GACGGTACCAGCAGCACTTTGA CTTC
				SEQ ID NO:5299	SEQ ID NO:13311	SEQ ID NO:21323
			AA	GYHMH	WINPNNNATNYAQKFQG	DGTSSFDF
				SEQ ID NO:5300	SEQ ID NO:13312	SEQ ID NO:21324
iPS:434037	21-225_49G12		NA	AGCTATGCCCATGAGC	GTTATTATGTGGTAGTGGT GGTACCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGGAA
				SEQ ID NO:5301	SEQ ID NO:13313	SEQ ID NO:21325
			AA	SYAMS	VISGSGGTTFYADSVKG	RIAVAGNDAFDI
				SEQ ID NO:5302	SEQ ID NO:13314	SEQ ID NO:21326
iPS:434039	21-225_43B1		NA	GACTACTACATGAAC	TACATTAATAGTAATGGT TTTACCATATACTACCGCA GACTCTGTGAAGGGC	GATACAAATCTAC
				SEQ ID NO:5303	SEQ ID NO:13315	SEQ ID NO:21327
			AA	DYYMN	VINSNGFTYYADSVKG	DTIY
				SEQ ID NO:5304	SEQ ID NO:13316	SEQ ID NO:21328
iPS:434041	21-225_50B8		NA	AGTTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTCGTGGT GGTACCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTATAGCAGTGGCTGGGAA TGAGGCTTTTGATATC
				SEQ ID NO:5305	SEQ ID NO:13317	SEQ ID NO:21329
			AA	SYAMS	VISGSGGTTFYADSVKG	RIAVAGNDAFDI
				SEQ ID NO:5306	SEQ ID NO:13318	SEQ ID NO:21330
iPS:434043	21-225_50G10		NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GTAGCAACTTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5307	SEQ ID NO:13319	SEQ ID NO:21331

【図４９－４９５】

FIGURE 49

iPS:434045	21-225_50D4	NA	GGCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAATAA TAATGGCACACAACTATG	GACGGTACCAGCAGCAGCTTTGA CTTC		
			SEQ ID NO:5327	CTCAGAGCTTTCAGGGGC	SEQ ID NO:21351		
		AA	GYHMH	WNPNNNATNYAQSFQQ	DGTSSFDF		
			SEQ ID NO:5328	SEQ ID NO:13340	SEQ ID NO:21352		
iPS:434067	21-225_51H8	NA	GGCCACTATATGAAC	TGGGTCAACCCTAACAG TGGTGGCTCAAACTCTGC	GGAGGCCAGCTCGGCGGGCTT TAACTACTACTACTACGGTA		
			SEQ ID NO:5329	ACAGCAGTTTCAGGGC	TGGACGTC		
		AA	GHYMN	WVNPNSGGSNSAQQFQG	GGQLGGFNFYYYGMDV		
			SEQ ID NO:5330	SEQ ID NO:13342	SEQ ID NO:21354		
iPS:434069	21-225_51E9	NA	GGCTACCATATACAC	TGGATCAACCCTAACAC TAATGGCACACAGTATG	GATGGCACCTCGTCCTTTGA CTAC		
			SEQ ID NO:5331	CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:21355		
		AA	GYHHI	WINPNTNGTQYAQKFQG	DGTSSFDYY		
			SEQ ID NO:5332	SEQ ID NO:13344	SEQ ID NO:21356		
iPS:434071	21-225_51F9	NA	GACTATGGCCATGCAC	GTTATATGGTTTGAATGGA AATAATAAATACTATGC	GAGCTGGGGATTTCTCTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:5333	AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21357		
		AA	DYGMH	VIWFDGNNKYYADSVKG	ELGFLSDY		
			SEQ ID NO:5334	SEQ ID NO:13346	SEQ ID NO:21358		
iPS:434073	21-225_51H10	NA	AGCTATGGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTATGTGGT GGTACCACATTCTACGC	CGTATAGCAGTGGCTGGGAA TGATGCTTTTGATATC		
			SEQ ID NO:5335	AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:13347	SEQ ID NO:21359	

iPS:434045	21-225_50H10	NA	SYSMN	SISGSSSYTYYADSVKG	VATTDY		
			SEQ ID NO:5308	SEQ ID NO:13320	SEQ ID NO:21332		
			AGTTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTTCGTGGT GGTAGCACATTCTACGC	CGTATAGCAGTGGCTGGGAA TGAGGCTTTTGATATC		
		AA		SEQ ID NO:13321	SEQ ID NO:21333		
			SEQ ID NO:5309	SYAMS	VISGRGDSITFYADSVKG	RIAVAGNEAFDI	
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:13322	SEQ ID NO:21334		
			SEQ ID NO:5310	GGCCACTATATAAAC	TGGGTCAACCCTAACAG TCGGTGGCACAAACTCTG	GGAGGGCAGCTCGGCGGGTT TAACTACTACTACTACGGTA	
iPS:434047	21-225_50A12	NA					
					CACAGAAGTTTCAGGGC	TCGGACGTC	
		AA	GHYIN	WVNPNSGGTNSAQKFQG	GGQLGGFNYYYYGMDV		
			SEQ ID NO:5311	SEQ ID NO:13323	SEQ ID NO:21335		
			SEQ ID NO:5312	SEQ ID NO:13324	SEQ ID NO:21336		
iPS:434049	21-225_50B12	NA	AGCCATAGCATGAAC	TCCATCAGTAGTAGTATGT AATTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGGAGCATAGTAGTGGC TCGTCCCTCGGGACTACTACG GTATGGACGTC		
			SEQ ID NO:5313	SEQ ID NO:13325	SEQ ID NO:21337		
		AA	SHSMN	SISSSSNYIYYADSVKG	DRSIVVAGPWDYYGMDV		
			SEQ ID NO:5314	SEQ ID NO:13326	SEQ ID NO:21338		
iPS:434053	21-225_51E1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAGTAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGTTGGTC GCGCGGTATGGACGTC		
			SEQ ID NO:5315	SEQ ID NO:13327	SEQ ID NO:21339		
		AA	SYGMH	VIWYDGSKKYYADSVKG	RYSSSSWSGMDV		
			SEQ ID NO:5316	SEQ ID NO:13328	SEQ ID NO:21340		
iPS:434055	21 225_51B4	NA	AGCTATGTCATGAGC	GCTATTATAGTGGTTGGTGGT AGTAACACATTCTACAC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGATAACTGGATCACACGG TGCTTTTGATATC		

【図４９－４９６】

FIGURE 49

iPS:434057	21-225_51B4	NA	SEQ ID NO:5317	SEQ ID NO:13329	SEQ ID NO:21341		
		AA	SYVMS	AISGRGSNTFYTDSVKG	GITGSIIGAFDI		
			SEQ ID NO:5318	SEQ ID NO:13330	SEQ ID NO:21342		
		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATTTCTCTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:5319	SEQ ID NO:13331	SEQ ID NO:21343		
		AA	SYGMH	VIWYDESNKYYADSVKG	ELGFLSDY		
			SEQ ID NO:5320	SEQ ID NO:13332	SEQ ID NO:21344		
iPS:434059	21-225_51C5	NA	AGCTATGTCATGAGC	ACTATGAGTGGTAGTGG TGGTCGCACATACTACG CAGACTCCGTGAACGGC	GTGACTGCTTTTGACTAC		
			SEQ ID NO:5321	SEQ ID NO:13333	SEQ ID NO:21345		
		AA	SYVMS	TMSGSGGRTYYADSVNG	VTAFDY		
			SEQ ID NO:5322	SEQ ID NO:13334	SEQ ID NO:21346		
iPS:434061	21-225_51C7	NA	AACTATGCCATGACC	GTTATTAGTGCTAGTGGTT GGTAACTCATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	GCAAGGGCAGTGGCTGGGTC ACACTGGTTCGACCCC		
			SEQ ID NO:5323	SEQ ID NO:13335	SEQ ID NO:21347		
		AA	NYAMT	VISASGGNSFYADSVKG	ARAVAGSHWFDP		
			SEQ ID NO:5324	SEQ ID NO:13336	SEQ ID NO:21348		
iPS:434063	21-225_51G7	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GCTCGCCTTGACTAC		
			SEQ ID NO:5325	SEQ ID NO:13337	SEQ ID NO:21349		
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	ARLDY		
			SEQ ID NO:5326	SEQ ID NO:13338	SEQ ID NO:21350		

【図４９－４９７】

FIGURE 49

iPS:434065	21-225_50D4	NA	GGCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAATAA TAATGGCACACAACTATG	GACGGTACCAGCAGCAGCTTTGA CTTC		
			SEQ ID NO:5327	CTCAGAGCTTTCAGGGC	SEQ ID NO:21351		
		AA	GYHMH	WINPNNNATNYAQSFQQ	DGTSSFDF		
			SEQ ID NO:5328	SEQ ID NO:13340	SEQ ID NO:21352		
iPS:434067	21-225_51H8	NA	GGCCACTATATGAAC	TGGGTCAACCCTAACAG TGGTGGCTCAAACTCTGC	GGAGGCCAGCTCGGCGGGCTT TAACTACTACTACTACGGTA		
			SEQ ID NO:5329	ACAGCAGTTTCAGGGC	TGGACGTC		
		AA	GHYMN	WVNPNSGGSNSAQQFQG	GGQLGGFNFYYYGMDV		
			SEQ ID NO:5330	SEQ ID NO:13342	SEQ ID NO:21354		
iPS:434069	21-225_51E9	NA	GGCTACCATATACAC	TGGATCAACCCTAACAC TAATGGCACACAGTATG	GATGGCACCTCGTCCTTTGA CTAC		
			SEQ ID NO:5331	CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:21355		
		AA	GYHHI	WINPNTNGTQYAQKFQG	DGTSSFDYY		
			SEQ ID NO:5332	SEQ ID NO:13344	SEQ ID NO:21356		
iPS:434071	21-225_51F9	NA	GACTATGGCCATGCAC	GTTATATGGTTTGAATGGA AATAATAAATACTATGC	GAGCTGGGGATTTCTCTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:5333	AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21357		
		AA	DYGMH	VIWFDGNNKYYADSVKG	ELGFLSDY		
			SEQ ID NO:5334	SEQ ID NO:13346	SEQ ID NO:21358		
iPS:434073	21-225_51H10	NA	AGCTATGGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTATGTGGT GGTACCACATTCTACGC	CGTATAGCAGTGGCTGGGAA TGATGCTTTTGATATC		
			SEQ ID NO:5335	AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:13347	SEQ ID NO:21359	

【図４９－４９８】

FIGURE 49

iPS:434075	21-225_51B11	AA	SYAMS	VISGSGGTTFYADSVKG	RIAVAGNDAFDI		
			SEQ ID NO:5336	SEQ ID NO:13348	SEQ ID NO:21360		
		NA	GACTATGGCCATGCAC	GTTATATGGTTTGGTGGA AATAATAAATACTATGG AGACACTCCGTGAAGGGC	GAGCTGGGGATTTCTCTCTGA CTAC		
			SEQ ID NO:5337	SEQ ID NO:13349	SEQ ID NO:21361		
		AA	DYGMH	VIWFGGNNKYYGDSVKG	ELGFLSDY		
			SEQ ID NO:5338	SEQ ID NO:13350	SEQ ID NO:21362		
iPS:434077	21-225_51F11	NA	AACTTTCGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAGTAATAAATACTATG CAGACACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGGTTCCTCTCTGA CTTC		
			SEQ ID NO:5339	SEQ ID NO:13351	SEQ ID NO:21363		
		AA	NtGMH	VIWYEGSNKYYADSVKG	ELGFLSDF		
			SEQ ID NO:5340	SEQ ID NO:13352	SEQ ID NO:21364		
iPS:434079	21-225_52B1	NA	GGCTATCATATGCAG	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGCCACAAACTATG CACAGAACTTTCAGGGC	GATGGCACCTCGTCCTTTGA CTAC		
			SEQ ID NO:5341	SEQ ID NO:13353	SEQ ID NO:21365		
		AA	GYHMQ	WINPNSGATNYAQNFQG	DGTSSFDY		
			SEQ ID NO:5342	SEQ ID NO:13354	SEQ ID NO:21366		
iPS:434081	21-225_52B2	NA	AACTATGGCCATGCAC	GTTACATGGTTTGATGGA AGTAATCAACGCTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTCGGGGATGATCGAGGA CTTC		
			SEQ ID NO:5343	SEQ ID NO:13355	SEQ ID NO:21367		
		AA	NYGMH	VTWFDGSNQRYADSVKG	DLGMIEDF		
			SEQ ID NO:5344	SEQ ID NO:13356	SEQ ID NO:21368		

【図４９－４９９】

FIGURE 49

IPS:434083	21-225_52H2	NA	AGAAATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAATACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AATGGGCGAGAGCAGTGGCT TGACTAC
				SEQ ID NO:5345	SEQ ID NO:21369
		AA		RNAMS	NGRHQWLDY
				SEQ ID NO:5346	SEQ ID NO:21370
IPS:434085	21-225_52E3	NA	AGCTATAAAATGAAC	TCCATTAGTAGTGGTAAT AGTTCCATATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	GTTAGCAGTAATGACTAC
				SEQ ID NO:5347	SEQ ID NO:21371
		AA		SYKMN	VSSNDY
				SEQ ID NO:5348	SEQ ID NO:21372
IPS:434087	21-225_52F6	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATGGAAG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTCAGCAGCTCGGCCGGG CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5349	SEQ ID NO:21373
		AA	SYGMH	IISYGGSNKYYADSVKG	RSAARPGYGMDV
				SEQ ID NO:5350	SEQ ID NO:21374
IPS:434091	21-225_52B9	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA GAGCACTCCGTGAAGGGC	GAGCTGGGATTTCTCTCTGA CTAC
				SEQ ID NO:5351	SEQ ID NO:21375
		AA	DYGMH	VIWPDGNNKYYADSVKG	ELGFLSDY
				SEQ ID NO:5352	SEQ ID NO:21376

【図４９－５００】

FIGURE 49

IPS:434093	21-225_52D10	NA	AGTTATGGCATGCAC	CTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACCATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5353	SEQ ID NO:21377
		AA	SYGMH	LIWYDGSNKYHADSVKG	RYSSSWSGMDV
				SEQ ID NO:5354	SEQ ID NO:21378
IPS:434095	21-225_52F10	NA	TTCTATGGCATGCAC	GTTATATGGGAAGGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATTCTCTGTATAGCAGCAG CTGGTTGTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5355	SEQ ID NO:21379
		AA	FYGMH	VIWDDGSNKYYADSVKG	DSLYSSSSWLFDY
				SEQ ID NO:5356	SEQ ID NO:21380
IPS:434097	21-225_52H10	NA	GGCTACCATATGCAG	TGGATCACCCTAACAA TGGTGGCACACAGTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGCACCTCGTCCTTTGA CTAC
				SEQ ID NO:5357	SEQ ID NO:21381
		AA	GYHMQ	WINPNNGGTQYAQKFQG	DGTSSSFDY
				SEQ ID NO:5358	SEQ ID NO:21382
IPS:434101	21-225_52H12	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTATGTGGTAAGTAGT ACTTACATATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	GTCAACTCCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5359	SEQ ID NO:21383
		AA	SYNMN	SISGSSTTYYADSVKG	VNSFDY
				SEQ ID NO:5360	SEQ ID NO:21384

【図４９－５０１】

FIGURE 49

IPS:434103	21-225_53G1	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGCACC
				SEQ ID NO:5361	SEQ ID NO:21385
		AA	SYMSN	SISGSSSYIYYADSVKG	DRGST
				SEQ ID NO:5362	SEQ ID NO:21386
IPS:434105	21-225_53D2	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTGTATGGGATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGCCTTGGCTTTACGGGAGA CTAC
				SEQ ID NO:5363	SEQ ID NO:21387
		AA	NYGMH	VVWDDGSNKYYADSVKG	GLGFTGDY
				SEQ ID NO:5364	SEQ ID NO:21388
IPS:434107	21-225_53H2	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AAGGTCGTGGATACAGCCAT GGCTCTTGACTAC
				SEQ ID NO:5365	SEQ ID NO:21389
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYYADSVKG	KVYDTAMALDY
				SEQ ID NO:5366	SEQ ID NO:21390
IPS:434111	21-225_53H2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAAATACCATGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGAGCAGCTCGTCCTGG CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5367	SEQ ID NO:21391
		AA	SYGMH	VISYGGSNKYHADSVKG	RGAARPGYGMDV
				SEQ ID NO:5368	SEQ ID NO:21392
IPS:434115	21 225_53E4	NA	AGCTATGTCATGAGC	GGTATTAGTGGTAGTGG TGGTCCGCACATACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	GTGGCCCTTTTTGACTAC

【図４９－５０２】

FIGURE 49

	21-225_53E4	AA	SEQ ID NO:5369	SEQ ID NO:21381	SEQ ID NO:21393
			SYVMS	GISGSGGRTYYADSVKG	VALFDY
IPS:434117	21-225_53C6	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTCCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21394
				SEQ ID NO:5370	CCTCTAGTGGGAAGCCCATGA TGCTTTTGAAATC
		AA	DYGIH	VIWYDESNKYYGDSVKG	ELGMTSDY
				SEQ ID NO:5371	SEQ ID NO:21395
		AA	SYAMN	AISGSGGATYYADSVKG	PLVGAIIDAFEI
			SEQ ID NO:5372	SEQ ID NO:21384	SEQ ID NO:21396
IPS:434119	21-225_53H6	NA	GACTATGGCATCCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGACGTCTGA CTAC
				SEQ ID NO:5373	SEQ ID NO:21397
		AA	DYGIH	VIWYDESNKYYGDSVKG	ELGMTSDY
				SEQ ID NO:5374	SEQ ID NO:21398
IPS:434121	21-225_53H6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAAATACGATGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGACGGGCAGCTCGTCCAGG GTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5375	SEQ ID NO:21399
		AA	SYGMH	VISYGGSNKYDADSVKG	RRAARPGYGMDV
				SEQ ID NO:5376	SEQ ID NO:21400
IPS:434123	21-225_53F7	NA	GGCTACCATATGCAC	TCGATCAACCCTAACAA TAACGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GACGGGTACCAGCAGCTTTGA CTAC
				SEQ ID NO:5377	SEQ ID NO:21401

【図４９－５０３】

561/4125

FIGURE 49

		AA	NYGMH	VIWYEESNKYYGDSVKG	ELGFLSDY
			SEQ ID NO:5394	SEQ ID NO:13406	SEQ ID NO:21418
iPS:434145	21-225_55B1	NA	GGCTACTATTTCCAC	TGGATCCACCCTAACAA TAATGCCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGCAGATCGTCCTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:5395	SEQ ID NO:13407	SEQ ID NO:21419
		AA	GYYPH	WIHPNNNATNYAQKFQG	DGRSSFDY
			SEQ ID NO:5396	SEQ ID NO:13408	SEQ ID NO:21420
iPS:434147	21-225_55E1	NA	AGCTATGCCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT AGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCACGGTATAGTGGGAAC TATTTACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:5397	SEQ ID NO:13409	SEQ ID NO:21421
		AA	SYAMS	AISGRGSSTFYADSVKG	DHGIVGTTYFDY
			SEQ ID NO:5398	SEQ ID NO:13410	SEQ ID NO:21422
iPS:434149	21-225_55H1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCGGTATCGGACGTC
			SEQ ID NO:5399	SEQ ID NO:13411	SEQ ID NO:21423
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
			SEQ ID NO:5400	SEQ ID NO:13412	SEQ ID NO:21424
iPS:434151	21-225_55C2	NA	AGTTATGGCATGCAC	CTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACCATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCGGTATCGGACGTC
			SEQ ID NO:5401	SEQ ID NO:13413	SEQ ID NO:21425
		AA	SYGMH	LIWYDGSNKYHADSVKG	RYSSSWSGGMDV

【図４９－５０４】

562/4125

FIGURE 49

		AA	GYHMH	WINPNNNGTNYAQKFQG	DGTSSFDY
			SEQ ID NO:5378	SEQ ID NO:13390	SEQ ID NO:21402
iPS:434127	21-225_53H8	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GCCGGTATTGGGTACTTTGA CTCC
			SEQ ID NO:5379	SEQ ID NO:13391	SEQ ID NO:21403
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ARIGYFDS
			SEQ ID NO:5380	SEQ ID NO:13392	SEQ ID NO:21404
iPS:434129	21-225_53H12	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTGTATGGTATGATGG AAATAATAGATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGATTTCTCTCTGA CTTC
			SEQ ID NO:5381	SEQ ID NO:13393	SEQ ID NO:21405
		AA	NFGMH	VVWYDGNNRYYADSVKG	ELGFLSDF
			SEQ ID NO:5382	SEQ ID NO:13394	SEQ ID NO:21406
iPS:434131	21-225_54D3	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTACATGGTTTGATGGA AATAATACTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCTTTCTGA TTAT
			SEQ ID NO:5383	SEQ ID NO:13395	SEQ ID NO:21407
		AA	NYGMH	VTWFDGNNNYYADSVKG	ELGFLSDY
			SEQ ID NO:5384	SEQ ID NO:13396	SEQ ID NO:21408
iPS:434133	21 225 54G3	NA	ACCTATGCCATGAGT	GCTATTAGTGGTAGTGGT GTTAACACATTCTACGCA GACTCCGTGAAGGGC	CTGGGGAAAGGACTACTACTA CTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:5385	SEQ ID NO:13397	SEQ ID NO:21409
	21-225_54G3	AA	TYAMS	AISGSGVNTFYADSVKG	LGKDYYYYGMDV
			SEQ ID NO:5386	SEQ ID NO:13398	SEQ ID NO:21410
iPS:434135	21-225_54H3	NA	AGCTATAGCATGATC	TCCATTAGTGGTACTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	ATGACTACAGTAATT
			SEQ ID NO:5387	SEQ ID NO:13399	SEQ ID NO:21411
		AA	SYSMI	SISGTSSYTYYADSVKG	MTTVI
			SEQ ID NO:5388	SEQ ID NO:13400	SEQ ID NO:21412
iPS:434137	21-225_54D4	NA	AGCTATGGTATGATGAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	ACGTATAGCAGCAGCTGGTC GCGCCGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:5389	SEQ ID NO:13401	SEQ ID NO:21413
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
			SEQ ID NO:5390	SEQ ID NO:13402	SEQ ID NO:21414
iPS:434141	21-225_54C6	NA	GACTATGGCATCCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGACGTCTGA CTAC
			SEQ ID NO:5391	SEQ ID NO:13403	SEQ ID NO:21415
		AA	DYGIH	VIWYDENKKYYADSVKG	ELGMTSDY
			SEQ ID NO:5392	SEQ ID NO:13404	SEQ ID NO:21416
iPS:434143	21-225_54G7	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGA AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC	GAATTGGGGTTCCTCTCTGA CTAC
			SEQ ID NO:5393	SEQ ID NO:13405	SEQ ID NO:21417

【図４９－５０５】

563/4125

FIGURE 49

		AA	NYGMH	VIWYEESNKYYGDSVKG	ELGFLSDY
			SEQ ID NO:5394	SEQ ID NO:13406	SEQ ID NO:21418
iPS:434145	21-225_55B1	NA	GGCTACTATTTCCAC	TGGATCCACCCTAACAA TAATGCCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGCAGATCGTCCTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:5395	SEQ ID NO:13407	SEQ ID NO:21419
		AA	GYYPH	WIHPNNNATNYAQKFQG	DGRSSFDY
			SEQ ID NO:5396	SEQ ID NO:13408	SEQ ID NO:21420
iPS:434147	21-225_55E1	NA	AGCTATGCCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT AGTAGCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCACGGTATAGTGGGAAC TATTTACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:5397	SEQ ID NO:13409	SEQ ID NO:21421
		AA	SYAMS	AISGRGSSTFYADSVKG	DHGIVGTTYFDY
			SEQ ID NO:5398	SEQ ID NO:13410	SEQ ID NO:21422
iPS:434149	21-225_55H1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCGGTATCGGACGTC
			SEQ ID NO:5399	SEQ ID NO:13411	SEQ ID NO:21423
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
			SEQ ID NO:5400	SEQ ID NO:13412	SEQ ID NO:21424
iPS:434151	21-225_55C2	NA	AGTTATGGCATGCAC	CTTATATGGTATGATGA AGTAATAAATACCATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCGGTATCGGACGTC
			SEQ ID NO:5401	SEQ ID NO:13413	SEQ ID NO:21425
		AA	SYGMH	LIWYDGSNKYHADSVKG	RYSSSWSGGMDV

【図４９－５０６】

564/4125

FIGURE 49

		AA	SEQ ID NO:5402	SEQ ID NO:13414	SEQ ID NO:21426
iPS:434155	21-225_55B3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AATAATAAATACTATGA AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATTTCTCTCTGA CTAC
			SEQ ID NO:5403	SEQ ID NO:13415	SEQ ID NO:21427
		AA	SYGMH	VIWFDGNNKYYEDSVKG	ELGFLSDY
			SEQ ID NO:5404	SEQ ID NO:13416	SEQ ID NO:21428
iPS:434157	21-225_55D4	NA	AGTTATAGGATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AACTACATAGACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GGGACTGACTAC
			SEQ ID NO:5405	SEQ ID NO:13417	SEQ ID NO:21429
		AA	SYRMN	SISSSSNHIDYADSVKG	GTDY
			SEQ ID NO:5406	SEQ ID NO:13418	SEQ ID NO:21430
iPS:434159	21-225_55B8	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAATGGTTTGACTAC
			SEQ ID NO:5407	SEQ ID NO:13419	SEQ ID NO:21431
		AA	DYGMH	VIWYDENKYYADSVKG	EWFDY
			SEQ ID NO:5408	SEQ ID NO:13420	SEQ ID NO:21432
iPS:434161	21-225_55F9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAATCGGCAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC GGGCGGTATCGGACGTC
			SEQ ID NO:5409	SEQ ID NO:13421	SEQ ID NO:21433
		AA	SYGMH	VIWYDGNGKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
			SEQ ID NO:5410	SEQ ID NO:13422	SEQ ID NO:21434

【図４９－５０７】

FIGURE 49

iPS:434163	21-225_50H1	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATGGTGGAGCTATGGCATGCAC	CGACGGGCAGCTCGTTCCAGGGTACGGTATGGACGTTC
				AGTAATAAATACGATGCAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:5411	SEQ ID NO:21435
		AA	SYGMH	IISYGGSNKYDADSVKG	RRAARPGYGMDV
				SEQ ID NO:5412	SEQ ID NO:21436
iPS:434165	21-225_50F2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GACGAGCAGCTCGGGACCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5413	SEQ ID NO:21437
		AA	SYGMH	VIWHDGSNKYYADSVKG	DEQLGTFDY
				SEQ ID NO:5414	SEQ ID NO:21438
iPS:434167	21-225_50F3	NA	ACCTATGGCCATGACC	GCTATCAGTGGTAGTGGTGCTATCAGTGGTAGTGGTAGCACTCCGTGAAGGGC	GCAAGGGCAGTGGCTGGGTCACACTGGTTCGACCCC
				SEQ ID NO:5415	SEQ ID NO:21439
		AA	TYAMT	AISGSGVNSFYADSVKG	ARAVAGSHWFDP
				SEQ ID NO:5416	SEQ ID NO:21440
iPS:434169	21-225_50C4	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGGGTTCCTGAAATGACTAC
				SEQ ID NO:5417	SEQ ID NO:21441
		AA	DYGMH	VIWYEETNKYYADSVKG	EVGFLNDY
				SEQ ID NO:5418	SEQ ID NO:21442

【図４９－５０８】

FIGURE 49

iPS:434171	21-225_50G4	NA	AGTTACTATATACAC	GTAATCAACCCTAGTAATGGTAGCAAGCTACGCACAGAAGTTCCAGGGC	GATCGAGGAGATGGTTACTACTTCTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5419	SEQ ID NO:21443
		AA	SYYIH	VINPSNGRTSYAQKFQG	DRGDGYYFYYYGMDV
				SEQ ID NO:5420	SEQ ID NO:21444
iPS:434175	21-225_55A11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGTTGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GGGAGAGGTCGATATAGTGACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5421	SEQ ID NO:21445
		AA	SYGMH	VISYVGSTKYYADSVRG	GRGRYSDYGHDAFDI
				SEQ ID NO:5422	SEQ ID NO:21446
iPS:434177	21-225_56A1	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAGTGGTAACAACAAGTTCCAGAGC	AGCAGTGGCTGGTACGTTTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5423	SEQ ID NO:21447
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYVFDY
				SEQ ID NO:5424	SEQ ID NO:21448
iPS:434179	21-225_56F1	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGTTACTATACAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGCAGC
				SEQ ID NO:5425	SEQ ID NO:21449
		AA	SYSMN	SISSSSYIYYGDSVKG	DRGSS
				SEQ ID NO:5426	SEQ ID NO:21450
iPS:434181	21-225_56B2	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTATGTGGTAGTGGTAAGCTACGCACAGACACTCTACGCCGTGAAGGGC	AAGGTCCGTGGATACAGCCATGCTAC
				SEQ ID NO:5427	SEQ ID NO:21451
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	KVVDTAMALDY

【図４９－５０９】

FIGURE 49

iPS:434187	21-225_56A5	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGTTACTATACGACAGACTCCAGTGAAGGGC	GTGGCTACTTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5429	SEQ ID NO:21453
		AA	SYSMN	SISGSSSYIYYADSVKG	VATPDY
				SEQ ID NO:5430	SEQ ID NO:21454
iPS:434189	21-225_56E5	NA	GGCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAATAAATGCCACAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATGGCACCTCGTCTTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5431	SEQ ID NO:21455
		AA	GYHMH	WINPNNNATNYAQKFQG	DGTSSFDY
				SEQ ID NO:5432	SEQ ID NO:21456
iPS:434191	21-225_56B6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGGAAGTAAATAATTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GACGAGCAGCTCGGGACCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5433	SEQ ID NO:21457
		AA	SYGMH	VIWHDGSNKYYVDSVKG	DEQLGTFDY
				SEQ ID NO:5434	SEQ ID NO:21458
iPS:434193	21-225_56C6	NA	GACTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAGAGGTTCCAGGGGTTACAGAAGTTTCAGGGT	GATGGCACCTCGTCTTTTGACTAT
				SEQ ID NO:5435	SEQ ID NO:21459
		AA	DYHMH	WINPNRGGTNYVQKFQG	DGTSSFDY
				SEQ ID NO:5436	SEQ ID NO:21460

【図４９－５１０】

FIGURE 49

iPS:434195	21-225_56F6	NA	GACTACTATATGTGCAC	TGGATCAACCCTAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAGGTTTCAGGGC	GAGGGAGCAACTCGTCCGACGGGTTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5437	SEQ ID NO:21461
		AA	DYYMH	WINPNSGGTNYAQRFQG	EGATRPTGFDY
				SEQ ID NO:5438	SEQ ID NO:21462
iPS:434197	21-225_56C7	NA	GGCCACTATATAAAC	TGGGTCAACCCTAACAGTGGTAACAAACTCTGCACAAGAGTTTCAGGGC	GGAGGGCAGCTCGGCGGGTTTACACAGACGTC
				SEQ ID NO:5439	SEQ ID NO:21463
		AA	GHYIN	WVNPNSGGTNSAQKFQG	GGQLGGFNYYYYGMDV
				SEQ ID NO:5440	SEQ ID NO:21464
iPS:434199	21-225_59F11	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGAAGTAAATAAACACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGAACGGAGACTAC
				SEQ ID NO:5441	SEQ ID NO:21465
		AA	NYGMH	VIWYDESNKHYADSVKG	ELGMNGDY
				SEQ ID NO:5442	SEQ ID NO:21466
iPS:434201	21-225_59A12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	CGGTATAGCAGCAGCTGGGACGGTCC
				SEQ ID NO:5443	SEQ ID NO:21467
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWDGGMDV
				SEQ ID NO:5444	SEQ ID NO:21468

【図４９－５１１】

FIGURE 49

iPS:434203	21-225_60E2	NA	GACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGAATGA AAATAATAAATACTATTG CAGCACTCCGTGAAGGGC	GATGTTCTGGACCCTTTTGA CTAC
				SEQ ID NO:5445	SEQ ID NO:21469
		AA	DYGMH	IIWYDPNNKYYADSVKG	DVLDPFDY
		NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATTG CAGCACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGAAGCTGGAC GGGAGGCATGGACGTC
				SEQ ID NO:5446	SEQ ID NO:21470
iPS:434205				SEQ ID NO:5447	SEQ ID NO:21471
	21-225_60G2	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSRSWTGGMDV
				SEQ ID NO:5448	SEQ ID NO:21472
		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGA AAGTAATAAATACTATTG CAGCACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGACCGGAGA CTAC
iPS:434207				SEQ ID NO:5449	SEQ ID NO:21473
	21-225_60A3	AA	SYGMH	VIWYEDSNKYYADSVKG	ELGMTGDY
				SEQ ID NO:5450	SEQ ID NO:21474
		NA	GGCCACTATATACAC	TGGATCAACCCTAACAG CGGTGCCACAAACTATG TACAGAAATTTCAGGGC	GGGGGCCTACTGGGAGCTAC CAACTACTATTATTACGGTA TGGACGTC
iPS:434209				SEQ ID NO:5451	SEQ ID NO:21475
	21-225_60C3	AA	GHYIH	WINPNSGGTNYVQKFQG	GGLLGATNYYYYGMDV
				SEQ ID NO:5452	SEQ ID NO:21476

【図４９－５１２】

FIGURE 49

iPS:434211	21-225_60F3	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:5453	SEQ ID NO:21477
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
				SEQ ID NO:5454	SEQ ID NO:21478
iPS:434213	21-225_60A4	NA	AGCTATGTCATGAGC	TCTATTTAGTGGTAGTGGT GGTTGGACAAACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CTAACTGGATTTGACTAT
				SEQ ID NO:5455	SEQ ID NO:21479
		AA	SYVMS	SISGSGGWTNYADSVKG	LTGFDY
				SEQ ID NO:5456	SEQ ID NO:21480
iPS:434215	21-225_60F7	NA	AGCTATGTCATGAGC	GGTAATTAGTGGTAGTGG TAATAGAACACTACAG CAGACTCCGTGAAGGGC	TTGGGGGATTGAC
				SEQ ID NO:5457	SEQ ID NO:21481
		AA	SYVMS	GISGSGNRTYYADSVKG	LGID
				SEQ ID NO:5458	SEQ ID NO:21482
iPS:434217	21-225_60F8	NA	AGGAGTATGTTACTACTGGGG C	AGTACTATTATAGTGGG AGCGCCTCCTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CTGGACAGTGGCTGGTCGTT CTAC
				SEQ ID NO:5459	SEQ ID NO:21483
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSASYNPSLKS	LDSGWSFDY
				SEQ ID NO:5460	SEQ ID NO:21484
iPS:434219	21-225_60I9	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTTAGTGGTAGTGGT GGTTAACACAGTTCCAGGGC ACGCTCCGTGAAGGGC	TTTTTCGGTATCAGTGGGAGC CGGGTACTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5461	SEQ ID NO:21485

【図４９－５１３】

FIGURE 49

		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	FFGIVGAGYFDY
				SEQ ID NO:5462	SEQ ID NO:21486
iPS:434221	21-225_60A11	NA	AACTATGCCATGACC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGCACTCCGTGAACGGCC	CTGGGGAAGGACTACCACTA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5463	SEQ ID NO:21487
		AA	NYAMT	AISGSGGNTFYADSVTG	LGKDYHYYGMDV
				SEQ ID NO:5464	SEQ ID NO:21488
iPS:434223	21-225_60C12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATTG TAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGAAGCTGGAC GGGAGGCATGGACGTC
				SEQ ID NO:5465	SEQ ID NO:21489
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	RYSRSWTGGMDV
				SEQ ID NO:5466	SEQ ID NO:21490
iPS:434225	21-225_60E12	NA	AGTTACTTCTGGAGC	CGCATCTATACCAGGGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GAGGGGAAAAACTGGGGGGG TTTCTTACTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5467	SEQ ID NO:21491
		AA	SYFWS	RIYTRGSTNYNPSLKS	EGKTGGVSYFDY
				SEQ ID NO:5468	SEQ ID NO:21492
iPS:434227	21-225_61A1	NA	AGTCACTTCTGGAGC	CGCATCTATATCAGGGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GAGGGGAAAAACTGGGGGGG TTTCTTACTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5469	SEQ ID NO:21493
		AA	SHFWS	RIYIRGSTNYNPSLKS	EGKTGGVSYFDY
				SEQ ID NO:5470	SEQ ID NO:21494

【図４９－５１４】

FIGURE 49

		AA	GACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATTG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGTTCTGGACCCTTTTGA CTAC
iPS:434229	21-225_61H1			SEQ ID NO:5471	SEQ ID NO:21495
		AA	DYGMH	IIWYDESNKYYADSVKG	DVLDPFDY
				SEQ ID NO:5472	SEQ ID NO:21496
iPS:434231	21-225_61F2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATTG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:5473	SEQ ID NO:21497
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV
				SEQ ID NO:5474	SEQ ID NO:21498
iPS:434233	21-225_61B3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATTG CAGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGAAGCTGGGC GGGAGGCATGGACGTC
				SEQ ID NO:5475	SEQ ID NO:21499
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSRSWAGGMDV
				SEQ ID NO:5476	SEQ ID NO:21500
iPS:434235	21-225_61K3	NA	AATTATGATATCAAC	TCGATGACCCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACCGCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:5477	SEQ ID NO:21501
		AA	NYDIN	WMFPNSGNTGTAQKFQG	SSGWYRFDY
				SEQ ID NO:5478	SEQ ID NO:21502

【図４９－５１５】

FIGURE 49

IPS:434237	21-225_61B5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:5479	SEQ ID NO:13491	SEQ ID NO:21503
		AA	NYDIN	WMEPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:5480	SEQ ID NO:13492	SEQ ID NO:21504
IPS:434239	21-225_58F1	NA	AGCTATGCCATGAGT	GCTATTAGTAGTGGTGGT GGTAACACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGGGTCTACGGTGACTT TGATGCTTTTGATATC	
				SEQ ID NO:5481	SEQ ID NO:13493	SEQ ID NO:21505
		AA	SYAMS	AISTGGGNTYYADSVKG	RGVYGDPDAFDI	
				SEQ ID NO:5482	SEQ ID NO:13494	SEQ ID NO:21506
IPS:434241	21-225_61E6	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTACTAGTGGTAGTGG TGTTACACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TTGGAACTGGGGATCTTTGA CTAC	
				SEQ ID NO:5483	SEQ ID NO:13495	SEQ ID NO:21507
		AA	SYAMS	ATSGSGVNTFYADSVKG	LELGIFDY	
				SEQ ID NO:5484	SEQ ID NO:13496	SEQ ID NO:21508
IPS:434243	21-225_62C1	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	TTTGGAGTGGAC	
				SEQ ID NO:5485	SEQ ID NO:13497	SEQ ID NO:21509
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	FGVD	
				SEQ ID NO:5486	SEQ ID NO:13498	SEQ ID NO:21510
IPS:434245	21-225_62H1	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGACCCGCGTACCAGCTG CTCTGACTAC	
				SEQ ID NO:5487	SEQ ID NO:13499	SEQ ID NO:21511

【図４９－５１６】

FIGURE 49

		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	EDPRTSCSDY	
IPS:434247	21-225_62D2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTCTG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAATGGTAACTGGGAACTA CCTTGACTAC	
				SEQ ID NO:5489	SEQ ID NO:13501	SEQ ID NO:21513
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYSADSVKG	DNGNWNYLDY	
				SEQ ID NO:5490	SEQ ID NO:13502	SEQ ID NO:21514
IPS:434249	21-225_62E2	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AGCATCTATTATAGTGG GATCGCCTCCTATAATCC GTCCCCTCAAGAGT	CTGAGCAGTGGCTGGTCCTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:5491	SEQ ID NO:13503	SEQ ID NO:21515
		AA	RSSYYWG	SIYYSGIASYNPSLKS	LSSGWSFDY	
				SEQ ID NO:5492	SEQ ID NO:13504	SEQ ID NO:21516
IPS:434251	21-225_62G3	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GTTAACTCTTTTGACTCC	
				SEQ ID NO:5493	SEQ ID NO:13505	SEQ ID NO:21517
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	VNSFDS	
				SEQ ID NO:5494	SEQ ID NO:13506	SEQ ID NO:21518
IPS:434253	21-225_62E4	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATAG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGGGTTCAGCAGTGA CTAC	
				SEQ ID NO:5495	SEQ ID NO:13507	SEQ ID NO:21519
		AA	DYGMH	VIWYDRSNKYYADSVKG	ELGFSSDY	
				SEQ ID NO:5496	SEQ ID NO:13508	SEQ ID NO:21520

【図４９－５１７】

FIGURE 49

IPS:434255	21-225_62E6	NA	TCCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCATAGTGGGAGC TACTTGGTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:5497	SEQ ID NO:13509	SEQ ID NO:21521
		AA	SYGMH	AIWYDGSNKYYGDSVKG	DQGIVGATWFDY	
				SEQ ID NO:5498	SEQ ID NO:13510	SEQ ID NO:21522
IPS:434257	21-225_62F7	NA	AGCTATGTTTATGAGC	GGTATTAGTGGTAGTGG TGCTAAAACATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CTGGGGATAGACTACTACTA CGGTATGGACGTC	
				SEQ ID NO:5499	SEQ ID NO:13511	SEQ ID NO:21523
		AA	SYVMS	GISGSGAKTYYADSVKG	LGIIDYYYGMDV	
				SEQ ID NO:5500	SEQ ID NO:13512	SEQ ID NO:21524
IPS:434259	21-225_62G7	NA	GGCTACTATATGTGCAC	GCTCCGGGTATAGCAGCAGC TGGTACATGGGGATATACTTTG ACTAC		
				SEQ ID NO:5501	SEQ ID NO:13513	SEQ ID NO:21525
		AA	GYYMH	WIKPKSGGTNQAQKFQG	APGIAAAGTWGYFDY	
				SEQ ID NO:5502	SEQ ID NO:13514	SEQ ID NO:21526
IPS:434261	21-225_56F7	NA	AGCTATGTCTTAAAC	GCTATGAGTGGTAGTGG TGGTAGAACATACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	ACTACGCACTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:5503	SEQ ID NO:13515	SEQ ID NO:21527
		AA	SYVLN	AMSGSGGRTYYADSVKG	TTHFDY	
				SEQ ID NO:5504	SEQ ID NO:13516	SEQ ID NO:21528
IPS:434263	21 225_56H7	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTACTAGT ACTTACATATACTACGG AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGCAGAC	

【図４９－５１８】

FIGURE 49

	21-225_56H7	AA	SYSMN	SISSSSTYIYYGDSVKG	DRGSS	
IPS:434265	21-225_57B2	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATAAACTACAC AGACTCAGTGAAGGGC	GTGGCTGGCTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:5507	SEQ ID NO:13519	SEQ ID NO:21531
		AA	SYSMN	SISGSSSYIYNYTDSVKG	VAGFDY	
				SEQ ID NO:5508	SEQ ID NO:13520	SEQ ID NO:21532
IPS:434267	21-225_57F2	NA	AGTTACTACTGGAGC	CGCATCTATACCAGGGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GAGGGAAAAACTGGGGGGG TTTCTTACTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:5509	SEQ ID NO:13521	SEQ ID NO:21533
		AA	SYYWS	RIYTRGSTNYNPSLKS	EGKITGGVSYFDY	
				SEQ ID NO:5510	SEQ ID NO:13522	SEQ ID NO:21534
IPS:434269	21-225_57H3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATTATGGTATAGTGGGAGC TACATATTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:5511	SEQ ID NO:13523	SEQ ID NO:21535
		AA	SYGMH	AIWYDGSNKYYADSVKG	DYGIVGATYFDY	
				SEQ ID NO:5512	SEQ ID NO:13524	SEQ ID NO:21536
IPS:434271	21-225_57A4	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AGTAATAAATACTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGATGAGGTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:5513	SEQ ID NO:13525	SEQ ID NO:21537
		AA	DYGMH	VIWYAGSNKYYVDSVKG	ELGMRSDY	

【図４９－５１９】

FIGURE 49

iPS:434273	21-225_57F4	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5514	GTTATTAGTGGTAGTGGTT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21538 ACGGACTGGAACGACGTTTT TGACTAC
		AA		SEQ ID NO:5515		SEQ ID NO:21539
				SYAMS	VISGSGGSTFYADSVKG	RDWNDVFDY
iPS:434275	21-225_57F4	NA	GACTACTACATGAAC	SEQ ID NO:5516	TACATTAGTAGTAGTGGT AGTACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21540 GATATGATTACG
		AA		SEQ ID NO:5517		SEQ ID NO:21541
				DYYMN	YISSSGSTIYYADSVKG	DMIT
iPS:434277	21-225_57A7	NA	GGCTACCATATACAC	SEQ ID NO:5518	TGGATCAACCCTAACAA TAATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:21542 GATGGGAGAAGATGGTTTTTGA CTAC
				SEQ ID NO:5519		SEQ ID NO:21543
		AA		GYHIH	WINPNNNGTNYAQKFQG	DGRSGFDY
iPS:434279	21-225_57F7	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5520	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21544 TTTTTCGGTGATGGGGAGT CGGGTGCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5521		SEQ ID NO:21545
		AA		SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	PFGVVGVGCFDY
iPS:434281	21 225_57B8			SEQ ID NO:5522		SEQ ID NO:21546
		NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5523	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21547 TTGGAACTGGGGATCTTTGA CTAC
		AA		SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	LELGIFDY
iPS:434283	21-225_57F8	NA	AACTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5524	GCTAGCAGTGGTAGTGG TGGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGACGGGC	SEQ ID NO:21548 CTGGGGAAGGACTACCACTA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5525		SEQ ID NO:21549
		AA		NYAMS	ASSGSGGNTFYADSVTG	LGKDYHYYGMDV
iPS:434285	21-225_57A11	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5526	TGGATGAAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21550 AGCAGTGGCTGGAAACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5527		SEQ ID NO:21551
		AA	NYDIN	WMNPNSVNTGYAQKFQG	SSGWNWFDP	
iPS:434287	21-225_57F12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5528	TGGATGAAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21552 AGCAGTGGCTGGTACCGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5529		SEQ ID NO:21553
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYRFDP	
iPS:434289	21-225_57H12	NA	AGCTACGCCATGAGC	SEQ ID NO:5530	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21554 TTTTTCGGTATAGTGGGGTGC CGGGTACTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5531		SEQ ID NO:21555
		AA		SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	PFGIVGAGYFDY
				SEQ ID NO:5532		SEQ ID NO:21556

【図４９－５２０】

FIGURE 49

【図４９－５２１】

FIGURE 49

iPS:434291	21-225_58A4	NA	AGCTACGCCATGAGC	SEQ ID NO:5533	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGG AGACTCCGTGAAGGGC	TTTTTCGGTATAGTGGGAGC CGGGTTCTTTGACTCC
		AA		SEQ ID NO:5534		SEQ ID NO:21557
				SYAMS	AISGSGGNTPYGDSVKG	PFGIVGAGPFDS
iPS:434293	21-225_58F5	NA	GACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:5535	GTTATATGGTATGCTGGA AGTAATAAATACCATGT AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21558 GAACTGGGGATGAGGTCTGA CTAC
				SEQ ID NO:5536		SEQ ID NO:21559
		AA	DYGMH	VIWYAGSNKYHVDSVKG	ELGMRSDY	
iPS:434295	21-225_58B9	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5537	TGGATGAACACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21560 AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:5538		SEQ ID NO:21561
		AA	NYDIN	WMNPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
iPS:434297	21-225_58A10	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:5539	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TTTTTCGGTATAGTGGGAGC CGGGTACTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5540		SEQ ID NO:21562
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	PFGIVGAGYFDY	
				SEQ ID NO:5541		SEQ ID NO:21563
		AA	DYDIH	VIWYDGSKKYYADSVKG	DRVTFDY	
				SEQ ID NO:5542		SEQ ID NO:21564
iPS:434299	21-225_58D11	NA	GACTATGACATACAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAAAAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGTCACTTTTGACTA C	
				SEQ ID NO:5543		SEQ ID NO:21565
		AA	DYDIH	VIWYDGSKKYYADSVKG	DRVTFDY	
				SEQ ID NO:5544		SEQ ID NO:21566
iPS:434301	21-225_58H11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TTTTTCGGTATGGTGGGAGC CGGATTTCTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:5545		SEQ ID NO:21567
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	PFGMVGAGFFDY	
				SEQ ID NO:5546		SEQ ID NO:21568
iPS:434303	21-225_58H111	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACCATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CGGTATAGCAGCAGCTGGGA CGGGGGTATCGAACGTC	
				SEQ ID NO:5547		SEQ ID NO:21569
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYHADSVKG	RYSSSWDGGMDV	
				SEQ ID NO:5548		SEQ ID NO:21570
iPS:434305	21-225_59E1	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGACTCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTCTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:5549		SEQ ID NO:21571
		AA	NYDIN	WMTPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY	
				SEQ ID NO:5550		SEQ ID NO:21572

【図４９－５２２】

FIGURE 49

【図４９－５２３】

FIGURE 49

iPS:434307	21-225_59B2	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG	GATCCGGGGCCCTTTGACTA C
				SEQ ID NO:5549	CACAGAAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:21573
		AA	GYYHH	WNPNSGGTNYYQKFQG	DFGPHDY	SEQ ID NO:21574
				SEQ ID NO:5550	SEQ ID NO:13562	SEQ ID NO:21574
iPS:434309	21-225_59B5	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT AGTA	AGGGGGGTCTACGGTGACTA CGAGGCTTTTGATATC
				SEQ ID NO:5551	SEQ ID NO:13563	SEQ ID NO:21575
		AA	SYAMN	AISGSGGNTFYADSVKG	RGVYGDYEAFDI
				SEQ ID NO:5552	SEQ ID NO:13564	SEQ ID NO:21576
iPS:434311	21-225_59B5	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG	GAGAGGGGTATAGCAGTGGG GTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:5553	CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21577
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERGIAVGYYGMDV
				SEQ ID NO:5554	SEQ ID NO:13566	SEQ ID NO:21578
iPS:434313	21-225_59B6	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG	AATATCTATTATAGTGGG AGCACCACTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CATAGCAGCAGCTGGTCCCCT TGACTAC
				SEQ ID NO:5555	SEQ ID NO:13567	SEQ ID NO:21579
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYYNPSLKS	HSSSWSLDY
				SEQ ID NO:5556	SEQ ID NO:13568	SEQ ID NO:21580
iPS:434315	21-225_59G7	NA	GGCCACTATATACAC	TGGATCAACCCGAACAG TGGTGGCACAAACTATG	GGGGGCCTACTGGGAGCTAC CAACTACTACTACTACGGTA TGGACGTC
				SEQ ID NO:5557	SEQ ID NO:13569	SEQ ID NO:21581
		AA	GHYIH	WINPNSGGTNYVQKFQG	GGLLGATNYYYYGMDV
				SEQ ID NO:5558	SEQ ID NO:13570	SEQ ID NO:21582
iPS:434317	21-225_59E8	NA	AGCTATAGCATGAAT	TACATTAGTAGTAGTAGT GGGACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GAATGGGGAAATGGCAGTGGC TGGCCCCGTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5559	SEQ ID NO:13571	SEQ ID NO:21583
		AA	SYSMN	YISSSSGTIYYYADSVKG	EWGMAVAGPFDY
				SEQ ID NO:5560	SEQ ID NO:13572	SEQ ID NO:21584
iPS:434319	21-225_59B9	NA	GGCAATTATATACAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG TACAGAAAGTTTCAGGGC	GGGGGCCTACTGGGAGCTAC CTACTACTACTACTACGGTA TGGACGTC
				SEQ ID NO:5561	SEQ ID NO:13573	SEQ ID NO:21585
		AA	GNYIH	WINPNSGGTNYVQKFQG	GGLLGATYYYYYGMDV
				SEQ ID NO:5562	SEQ ID NO:13574	SEQ ID NO:21586
iPS:434321	21-225_59F10	NA	AATTATGATATACAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:5563	SEQ ID NO:13575	SEQ ID NO:21587
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:5564	SEQ ID NO:13576	SEQ ID NO:21588
iPS:434323	21-225_62H8	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTGATAAATATTATG TATGACTCCGTGAAGGGC	GAAGACCGCGGTACCAGCTG CTCTGACTAC
				SEQ ID NO:5565	SEQ ID NO:13577	SEQ ID NO:21589
		AA	TYGMH	VIWHDGSDKYYVDSVKG	EDPRTSCSDY
				SEQ ID NO:5566	SEQ ID NO:13578	SEQ ID NO:21590

【図４９－５２４】

FIGURE 49

【図４９－５２５】

FIGURE 49

iPS:434327	21-225_63G6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGCCTCTCGGGTATAGC AGCAGCTTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5567	SEQ ID NO:13579	SEQ ID NO:21591
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DSLSGIAAAFDY
				SEQ ID NO:5568	SEQ ID NO:13580	SEQ ID NO:21592
iPS:434331	21-225_63H8	NA	AGCTATAACATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGC ACTTACATGAACTACAC AGACTCCAGTGAAGGGC	CTACGTAATTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5569	SEQ ID NO:13581	SEQ ID NO:21593
		AA	SYNMN	SISGSSTYMNYTDSVKG	LRNFDY
				SEQ ID NO:5570	SEQ ID NO:13582	SEQ ID NO:21594
iPS:434333	21-225_63C9	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTTTG CACAGAAGTTTCAGGGC	GCTCCGGGTGTAGCAGCAGC TGGTTCATGGGGATACTTTG ACTAC
				SEQ ID NO:5571	SEQ ID NO:13583	SEQ ID NO:21595
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNFAQKFQG	APGVAAAGSWGYFDY
				SEQ ID NO:5572	SEQ ID NO:13584	SEQ ID NO:21596
iPS:434335	21-225_63C10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTCATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGATCCCCAGATCCCTCGGC CGGGGACTAC
				SEQ ID NO:5573	SEQ ID NO:13585	SEQ ID NO:21597
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DDPRSSAGIDY
				SEQ ID NO:5574	SEQ ID NO:13586	SEQ ID NO:21598

【図４９－５２６】

FIGURE 49

iPS:434337	21-225_64E1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGAA ACTAATAAATACTATGG AGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTTGGGTTCAGCAGTGA CTAT
				SEQ ID NO:5575	SEQ ID NO:13587	SEQ ID NO:21599
		AA	SYGMH	VIWFDFTNKYYGDSVKG	ELGFSSDY
				SEQ ID NO:5576	SEQ ID NO:13588	SEQ ID NO:21600
iPS:434339	21-225_64A4	NA	GATTATGTCATGCAC	GTCATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:5577	SEQ ID NO:13589	SEQ ID NO:21601
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSSWYDYGMDV
				SEQ ID NO:5578	SEQ ID NO:13590	SEQ ID NO:21602
iPS:434341	21-225_64F7	NA	AGTTACTTCTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GATCTCCAACTACAATCC CTCCCTCAAGAGT	TTTAGCAGTGGCGTTTTTTGAC TAC
				SEQ ID NO:5579	SEQ ID NO:13591	SEQ ID NO:21603
		AA	SYFWS	RIYTSGISNYNPSLKS	FSSGFFDY
				SEQ ID NO:5580	SEQ ID NO:13592	SEQ ID NO:21604
iPS:434343	21-225_64C8	NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCATGAAGGGC	GAACGGTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:5581	SEQ ID NO:13593	SEQ ID NO:21605
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSMKG	ERYSSGWYDYGMDV
				SEQ ID NO:5582	SEQ ID NO:13594	SEQ ID NO:21606

【図４９－５２７】

FIGURE 49

iPS:434345	21-225_64H9	NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATACATACGATTTTTGGAG TGGTTATTTGGGCTAC
			SEQ ID NO:5583	SEQ ID NO:13595	SEQ ID NO:21607
		AA	TYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DTYDFWSGYLGY
iPS:434347	21-225_64H10	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAAACCAAACAG TGGTGGCACAAACCAAG CACAGAAGTTTCAGGGC	GCTCCGGGTACTGCAGCAAC TGGTACATGGGGATACTTTG ACTAC
			SEQ ID NO:5585	SEQ ID NO:13597	SEQ ID NO:21609
		AA	GYYMH	WIKPNSGGTNQAQKFQG	APGTAATGTWGYFDY
			SEQ ID NO:5586	SEQ ID NO:13598	SEQ ID NO:21610
iPS:434351	21-225_64A12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCCGTGAAGGGC	GAACTCGGGTTCCTCTCTGA CCAC
			SEQ ID NO:5587	SEQ ID NO:13599	SEQ ID NO:21611
		AA	SYGMH	VIWYDESNKYYVDSVKG	ELGFLSDH
			SEQ ID NO:5588	SEQ ID NO:13600	SEQ ID NO:21612
iPS:434353	21-225_64B12	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTACAGTGG GAGCACCTCCTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	CTGGACAGTGGCCTGGTCCTT TGACTAC
			SEQ ID NO:5589	SEQ ID NO:13601	SEQ ID NO:21613
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSTSYNPSLKS	LDSGWSFDY
			SEQ ID NO:5590	SEQ ID NO:13602	SEQ ID NO:21614

【図４９－５２８】

FIGURE 49

iPS:434355	21-225_64C12	NA	AGTAATGGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGAACTACGACGATGCTTT TGATATC
			SEQ ID NO:5591	SEQ ID NO:13603	SEQ ID NO:21615
		AA	SNAMS	VISGSGGSTYYADSVKG	RNYDDAFDI
			SEQ ID NO:5592	SEQ ID NO:13604	SEQ ID NO:21616
iPS:434357	21-225_65C1	NA	GACTATGGCATGCAC	GTGATATGGTTTGAGGG AAGTAATAAACACTATA CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTTGGGTTCAGCAGTGA CTAC
			SEQ ID NO:5593	SEQ ID NO:13605	SEQ ID NO:21617
		AA	DYGMH	VIWFEGSNKHYTDSVKG	ELGPSSDY
			SEQ ID NO:5594	SEQ ID NO:13606	SEQ ID NO:21618
iPS:434359	21-225_65G3	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTAAACAG TGGTGGCACAAACTCTG CACAGAAGTTTCAGGGC	GCTCCGGGTAAAGCAGCAGC TGGTACATGGGGATACTTTG ACTAC
			SEQ ID NO:5595	SEQ ID NO:13607	SEQ ID NO:21619
		AA	GYYIH	WINPNSGGTNSAQKFQG	APGKAAAGTWGYFDY
			SEQ ID NO:5596	SEQ ID NO:13608	SEQ ID NO:21620
iPS:434361	21-225_65D5	NA	AGCTATGGTATGCAGT	TGGATTCAGCGCTTACAG TGGTAACACAAACTATG CACAGAAGCTCCAGGGC	GGGGAAGCAGTGGCTGTCTT CGACCCC
			SEQ ID NO:5597	SEQ ID NO:13609	SEQ ID NO:21621
		AA	SYGIS	WISAYSGNTNYAQKLQG	GEAVAVFDP
			SEQ ID NO:5598	SEQ ID NO:13610	SEQ ID NO:21622
iPS:434363	21 225 65A6	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCATAGTGGGAGC TACTTGGTTTGACTAC

【図４９－５２９】

FIGURE 49

21-225_65A6			SEQ ID NO:5599	SEQ ID NO:13611	SEQ ID NO:21623
		AA	NYGMH	VIWYDGSNKYYGDSVKG	DQGHVGATWFDY
			SEQ ID NO:5600	SEQ ID NO:13612	SEQ ID NO:21624
iPS:434367	21-225_65H11	NA	AGCTATAGGATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAAT AGTTCCATATACTACGCA GACTCAGTGGAAGGGC	ACAAGTGGGAGC
			SEQ ID NO:5601	SEQ ID NO:13613	SEQ ID NO:21625
		AA	SYRMN	SISSSNSSIYYADSVKG	TSGS
			SEQ ID NO:5602	SEQ ID NO:13614	SEQ ID NO:21626
iPS:434369	21-225_66B1	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACAATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GCTCCGGGTACAGCAGCAGC TGGTACATGGGGATACTTTG ACTAC
			SEQ ID NO:5603	SEQ ID NO:13615	SEQ ID NO:21627
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNNAQKFQG	APGTAAAGTWGYFDY
			SEQ ID NO:5604	SEQ ID NO:13616	SEQ ID NO:21628
iPS:434373	21-225_66A7	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAAACCAAACAG TGGTGGCACAAACCAAG CACAGAAGTTCCAGGGC	GCTCCGGGCACAGTAGCAGC TGGTACATGGGGATACTTTG ACTAT
			SEQ ID NO:5605	SEQ ID NO:13617	SEQ ID NO:21629
		AA	GYYMH	WIKPNSGGTNQAQKFQG	APGTVAAGTWGYFDY
			SEQ ID NO:5606	SEQ ID NO:13618	SEQ ID NO:21630
iPS:434375	21-225_66C7	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGAGGG AAGTCATAAATACTATA CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACTTGGGTTCAGCAGTGA CTAC
			SEQ ID NO:5607	SEQ ID NO:13619	SEQ ID NO:21631
		AA	DYGMH	VIWFEGSHKYYTDSVKG	ELGFSSDY
			SEQ ID NO:5608	SEQ ID NO:13620	SEQ ID NO:21632

【図４９－５３０】

FIGURE 49

iPS:434379	21-225_66A9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTGATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGACCCGCGTACCAGTTG TTCTGACTAC
			SEQ ID NO:5609	SEQ ID NO:13621	SEQ ID NO:21633
		AA	SYGMH	VIWHDGSDKYYADSVKG	EDPRTSCSDY
			SEQ ID NO:5610	SEQ ID NO:13622	SEQ ID NO:21634
iPS:434383	21-225_66F9	NA	AGCTATAGGATGAAC	TCCATTAGTGGTACTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	ACCAATGGTTTTGATATC
			SEQ ID NO:5611	SEQ ID NO:13623	SEQ ID NO:21635
		AA	SYSMN	SISGTSSYIYYADSVKG	TNAPDI
			SEQ ID NO:5612	SEQ ID NO:13624	SEQ ID NO:21636
iPS:434385	21-225_66C10	NA	AGCTATGTTATGAGC	GGTATTAGTGGTAGTGG TGCTAGAACATACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	CTGGGGGATAGACTACTACTA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:5613	SEQ ID NO:13625	SEQ ID NO:21637
		AA	SYVMS	GISGSGARTYYADSVKG	LGIDYYYGMDV
			SEQ ID NO:5614	SEQ ID NO:13626	SEQ ID NO:21638
iPS:434387	21-225_66D11	NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGATGGTATAGCAGCAACTG CTACGACTACGGTTTGGACG TC
			SEQ ID NO:5615	SEQ ID NO:13627	SEQ ID NO:21639
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EMYSSNWYDYGLDV
			SEQ ID NO:5616	SEQ ID NO:13628	SEQ ID NO:21640

【図４９－５３１】

FIGURE 49

iPS:434389	21-225_66F11		NA	GGCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAA TGGTGGCACACTATG CACAGAAGTTTCAGGAC
					GATAGTAGAAGTTCGTGGGA CTAC
				SEQ ID NO:5617	SEQ ID NO:13629
			AA	GYHMH	WNPNNGGTHYAQKFQD
					DSRSSWDY
				SEQ ID NO:5618	SEQ ID NO:13630
					SEQ ID NO:21642
iPS:434393	21-225_67C3		NA	AGTTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG GAGACTCCGTGAAGGGC
					GATCAGGGCATAGTGGGAGC TACTTGGTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5619	SEQ ID NO:13631
			AA	SYGMH	AIWYDGSNKYYGDSVKG
					DQGIVGATWFDY
				SEQ ID NO:5620	SEQ ID NO:13632
					SEQ ID NO:21644
iPS:434397	21-225_67H4		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAAACCAAACAG TGGTGGCACAAACCAAG CACAGAAGTTTCAGGGC
					GCTCCGGGTACTGCAGCAAC TGGTACATGGGGATACTTTG ACTAC
				SEQ ID NO:5621	SEQ ID NO:13633
					SEQ ID NO:21645
			AA	GYYMH	WIKPNSGGTNQAQKFQG
					APGTAATGTWGYFDY
				SEQ ID NO:5622	SEQ ID NO:13634
					SEQ ID NO:21646
iPS:434399	21-225_67B7		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATTATATGATGGA AGTAAGAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
					AGTATCGACTTGGACTAC TGGTACATGGGGATACTTTG ACTAC
				SEQ ID NO:5623	SEQ ID NO:13635
					SEQ ID NO:21647
			AA	NYGMH	VILVDGSKKYYADSVKG
					SIPFFDY
				SEQ ID NO:5624	SEQ ID NO:13636
					SEQ ID NO:21648

【図４９－５３２】

FIGURE 49

iPS:434405	21-225_68E6		NA	AGCTTTGGCATGAAC	TACATTAGTAGAAGTAG TAGTCACATATACTACGCC AGACTCAGTGAAGGGC
					TCTAGTGGGAGCCCCTTTGA CTAC
				SEQ ID NO:5625	SEQ ID NO:13637
			AA	SFGMN	YISRSSSSIHYYADSVKG
					SSGSPFDY
				SEQ ID NO:5626	SEQ ID NO:13638
					SEQ ID NO:21650
iPS:434407	21-225_68C8		NA	AGCTATGGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATATTACGCA GACTCCAGTGATGGGC
					GTCAACAGCTTTGACTCC CTAC
				SEQ ID NO:5627	SEQ ID NO:13639
			AA	SYSMN	SISGSSSYYYADSVMG
					VNSFDS
				SEQ ID NO:5628	SEQ ID NO:13640
					SEQ ID NO:21652
iPS:434411	21-225_68F11		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA AGTAAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
					GAACTGGGGGATGACCCTCTGA CTGC
				SEQ ID NO:5629	SEQ ID NO:13641
					SEQ ID NO:21653
			AA	DYGMH	VIWYDVSNKYYADSVKG
					ELGMTSDC
				SEQ ID NO:5630	SEQ ID NO:13642
					SEQ ID NO:21654
iPS:434413	21-225_68D12		NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG AATACTCATTATAGTGGGG C	CATAGCACCACGCTGGTCCAT TGACTAC
					AGCACCTATTACATCCCG TCCCTCAAGAGT	TGACTAC
				SEQ ID NO:5631	SEQ ID NO:13643
					SEQ ID NO:21655
			AA	RSSYYWG	NIYYSGSTYYPSLKS
					HSTSWSIDY
				SEQ ID NO:5632	SEQ ID NO:13644
					SEQ ID NO:21656
iPS:434417	21-225_69C8		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTGATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GATATCCCTAGCAACTCGGC GGGGGACTAC
				SEQ ID NO:5633	SEQ ID NO:13645
					SEQ ID NO:21657

【図４９－５３３】

FIGURE 49

	21-225_70D1		AA	NYAMH	VIWYDGSDKYYADSVKG
				SEQ ID NO:5634	SEQ ID NO:13646
iPS:434423			NA	GGCTACCATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TAATGCCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC
					GATAGCATATCGTCGTGGGA CTAC
				SEQ ID NO:5635	SEQ ID NO:13647
					SEQ ID NO:21659
			AA	GYHMH	WNPNNSNATNYAQKFQG
					DSISSWDY
				SEQ ID NO:5636	SEQ ID NO:13648
					SEQ ID NO:21660
iPS:434425	21-225_70A5		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GATCAGGGCATAGTGGGAGC TACTTGGTTTGACTAC
				SEQ ID NO:5637	SEQ ID NO:13649
					SEQ ID NO:21661
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
					DQGIVGATWFDY
				SEQ ID NO:5638	SEQ ID NO:13650
					SEQ ID NO:21662
iPS:434427	21-225_70D6		NA	GGCTACTATATGTGCAC	TGGATCAACCCTAAGAG TGGTGGCACAAACTCTG CACAGAAGTTTCAGGGC
					GCTCCGGGTAAAGCAGCAGC TGGTACATGGGGATTCTTTG ACTAC
				SEQ ID NO:5639	SEQ ID NO:13651
					SEQ ID NO:21663
			AA	GYYMH	WINPKSGGTNSAQKFQG
					APGKAAAGTWGFFDY
				SEQ ID NO:5640	SEQ ID NO:13652
					SEQ ID NO:21664
iPS:434429	21-225_70H6		NA	AGTTTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GATGGATCCCAGATCCTCGGC CGGGGACTAC
				SEQ ID NO:5641	SEQ ID NO:13653
					SEQ ID NO:21665
			AA	SYGMH	VIWHDGSNKYYADSVKG
					DDPRSSAGDY

【図４９－５３４】

FIGURE 49

	21-225_70E7		NA	AATTATGTATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTTCCAGGGC
					AGCAGTGGCTGGTACGTCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:5642	SEQ ID NO:13654
					SEQ ID NO:21666
			AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
					SSGWYVFDY
				SEQ ID NO:5644	SEQ ID NO:13656
					SEQ ID NO:21668
iPS:434433	21-225_70D8		NA	AGCTATGGCATGCTC	ATTTATATGGTATGATGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GACCTACTGGACCCACGGGA CTAC
				SEQ ID NO:5645	SEQ ID NO:13657
					SEQ ID NO:21669
			AA	SYGML	IIWYDESNKYYADSVKG
					DLLDPRDY
				SEQ ID NO:5646	SEQ ID NO:13658
					SEQ ID NO:21670
iPS:434435	21-225_70G9		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAAACCTAACAG TGGTGGCACAAACCAAG CACAGAAGTTTCAGGGC
					GCTCCGGGTATAGCAGCAGC TGGTACATGGGGATACTTTG ACTAC
				SEQ ID NO:5647	SEQ ID NO:13659
					SEQ ID NO:21671
			AA	GYYMH	WIKPNSGGTNQAQKFQG
					APGIAAAGTWGYFDY
				SEQ ID NO:5648	SEQ ID NO:13660
					SEQ ID NO:21672
iPS:434437	21-225_70A12		NA	GGCTACTATATGTGCAC	TCGATCAAACCAAACAG TCGTGGCACAAACCAAG CACAGAAGTTTCAGGGC
					GCTCCGGGTACTGCAGCAAC TGGTACATGGGGATACTTTG ACTAC
				SEQ ID NO:5649	SEQ ID NO:13661
					SEQ ID NO:21673
			AA	GYYMH	WIKPNSGGTNQAQKFQG
					APGTAATGTWGYFDY
				SEQ ID NO:5650	SEQ ID NO:13662
					SEQ ID NO:21674

【図４９－５３５】

FIGURE 49

iPS:434439	21-225_70B12		NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAATAGTGCTGGCGCCGCCTTTGACTGC
					ACTTACATTACTACACA
					GACTCCAGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:13663 SEQ ID NO:21675
			AA	SYSMN	SISGNSTYIYYYTDSVKG VAAPDC
					SEQ ID NO:13664 SEQ ID NO:21676
iPS:434441	21-225_71A2		NA	GACTATGGCATGCAC	GTGATATGGTATGATGA GAATTGGGGTGGCAGGATGA
					AAGTAATAAATACTATG TTAC
					CAGCACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:13665 SEQ ID NO:21677
			AA	DYGMH	VIWYDESNKYYADSVKG ELGWQDDY
					SEQ ID NO:13666 SEQ ID NO:21678
iPS:434443	21-225_71G3		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTACTT
					TGGTAGCACAGGCTATG TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC
					SEQ ID NO:13667 SEQ ID NO:21679
			AA	NYDIN	WMHPNSGSTGYAQKFQG SSGWYYFDY
					SEQ ID NO:13668 SEQ ID NO:21680
iPS:434447	21-225_71B6		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGATAGA GAACTGGGGATGTTGTCTGA
					ACAAATAAATACTATGC CTAC
					AGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:13669 SEQ ID NO:21681
			AA	NYGMH	VIWYDRTNKYYADSVKG ELGMLSDY
					SEQ ID NO:13670 SEQ ID NO:21682
					SEQ ID NO:13671 SEQ ID NO:21683
			AA	SYSMN	SISGTSSYIYYYADSVKG TNAFDI
					SEQ ID NO:13672 SEQ ID NO:21684
iPS:434451	21-225_71B7		NA	GGCTACTATATGCAC	TCGATCAACCCTAACAG GCTCCGGGTAAAGCAGCAGC
					TGGTGGCACAAACTCTG TCGTACATGGCGATTCTTTG
					CACAGAAGTTTCAGGGC ACTAC
					SEQ ID NO:13673 SEQ ID NO:21685
			AA	GYYMH	WINPNSGGTNSAQKFQG APGKAAAGTWGFFDY
					SEQ ID NO:13674 SEQ ID NO:21686
iPS:434453	21-225_71B11		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATAG GAACTGGGGATGTTGTCTGA
					AAATAATAAATACTATG CTAC
					GAGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:13675 SEQ ID NO:21687
			AA	DYGMH	VIWYDRNNKYYGDSVKG ELGMLSDY
					SEQ ID NO:13676 SEQ ID NO:21688
iPS:434455	21-225_72F5		NA	AGCTATGGCATGATC	ACTTATTGGTAGTGGTGTT CGTTATAGCAGTGACTGGGAC
					GGTTACACATACTCCGC GGAATGGTACGACCCC
					AGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:13677 SEQ ID NO:21689
			AA	SYAMI	TISGSGGYTYYADSVKG RIAVTGTTSWYDP
					SEQ ID NO:13678 SEQ ID NO:21690
iPS:434457	21-225_72G12		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGAA GAGCTTGGTTTCAGCAGTGA
					AGTAATAAATACTATGC CTAC
					AGACTCCGTGAAGGGC

【図４９－５３６】

FIGURE 49

【図４９－５３７】

FIGURE 49

	21-225_71A7		NA	GGCTACTATATGCAC	GTTATATGGTATGATGA GAAGGTATAGCAGCAGCTG
					AAGTAATAAATACTATG GTTCGACTACGGTATGGACG
					CAGACTCCGTGAAGGGC TC
					SEQ ID NO:13689 SEQ ID NO:21701
			AA	NYYMH	VIWYDGSNKYYADSVKG ERYSSSWFDYGMDV
					SEQ ID NO:13690 SEQ ID NO:21702
iPS:434459	21-225_73A3		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAAAAG GCTCCTCGGTACAGCAGCAG
					TGGTGGCACGAATCATG TGGGTCATGGGGATGCTTTG
					TCCAGAAGTTTCAGGGC ACTAC
					SEQ ID NO:13691 SEQ ID NO:21703
			AA	GYYMH	WINPKSGGTNHVQKFQG APGTAAASGSWGFDY
					SEQ ID NO:13692 SEQ ID NO:21704
iPS:434461	21-225_73A6		NA	TACTATGCGCATGCAC	GTTATATTATATGATGTGA GAGTATCCCGGACTTTTGACTA
					AGTAAGAAATACTATGC C
					AGCCTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:13693 SEQ ID NO:21705
			AA	GCYWS	EINHSGRTNYNPSLKS DYGGMDV
					SEQ ID NO:13694 SEQ ID NO:21706
iPS:434463	21-225_73B8		NA	AGCAATGCCATGAGC	TGGGATAGCAGCAGCTGGTA
					TGGTACCACATTCTACGC CGACGTGACTCCCTTTGACT
					AGACTCCGTGAAGGGC AC
					SEQ ID NO:13687 SEQ ID NO:21699
			AA	SNAMS	DISRSGGTTFYADSVKG WDSSSWYDYVTPFDY
					SEQ ID NO:13688 SEQ ID NO:21700
iPS:434465	21-225_74F9		NA	AATTATGATATCAAC	AATTATGATATCAAC TCGATGACACCTAACAG AGCAGTGGCTGGAAACTTCTT
					TGGTAACACAGGCTGTG TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC
					SEQ ID NO:13695 SEQ ID NO:21707
			AA	NYDIN	WMNPNSGNTGCAQKFQG SSGWNTFDY
					SEQ ID NO:13696 SEQ ID NO:21708
iPS:434467	21-225_75G3		NA	AGCAATGCCATGAGC	TGGATCAACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTACTT
					TGGTAACACAGGCTATG TGACTAC
					CACAGAAGTTTCCGGGC

【図４９－５３８】

FIGURE 49

iPS:434469	21-225_73C9		NA	AATTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG GAAGGTATAGCAGCAGCTG
					AAGTAATAAATACTATG GTTCGACTACGGTATGGACG
					CAGACTCCGTGAAGGGC TC
					SEQ ID NO:13697 SEQ ID NO:21701
			AA	NYYMH	VIWYDGSNKYYADSVKG ERYSSSWFDYGMDV
					SEQ ID NO:13698 SEQ ID NO:21702
iPS:434471	21-225_75G3		NA	GGTTCCTACTGGAGC	GAAATCAATCTTATGTGG GACTACGGTGGCCCTTGACTA
					AAGTACCAACTACTACC C
					CGTCCCTCAAGAGT
					SEQ ID NO:13699 SEQ ID NO:21703
			AA	GSYWS	EINLSGSTNYNPSLKS DYGGLDY
					SEQ ID NO:13700 SEQ ID NO:21704
iPS:434473	21-225_76D1		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG GACTACGGCCGTATGGACGT
					AAGAACCAACTACAACC C
					CGTCCCTCAAGAGT
					SEQ ID NO:13701 SEQ ID NO:21705
			AA	GCYWS	EINHSGRTNYNPSLKS DYGGMDV
					SEQ ID NO:13702 SEQ ID NO:21706
iPS:434475	21-225_74F9		NA	AATTATGATATCAAC	TCGATGACACCTAACAG AGCAGTGGCTGGAAACTTCTT
					TGGTAACACAGGCTGTG TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC
					SEQ ID NO:13703 SEQ ID NO:21707
			AA	NYDIN	WMNPNSGNTGCAQKFQG SSGWNTFDY
					SEQ ID NO:13704 SEQ ID NO:21708
iPS:434477	21-225_76G12		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTACTT
					TGGTAACACAGGCTATG TGACTAC
					CACAGAAGTTTCCGGGC

10

20

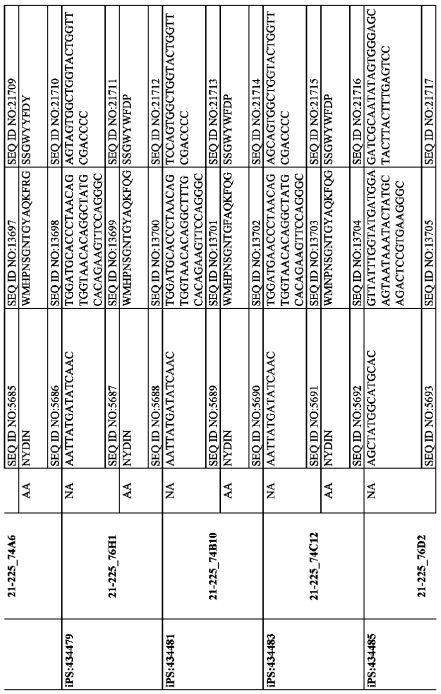
30

40

50

【図４９－５３９】

FIGURE 49

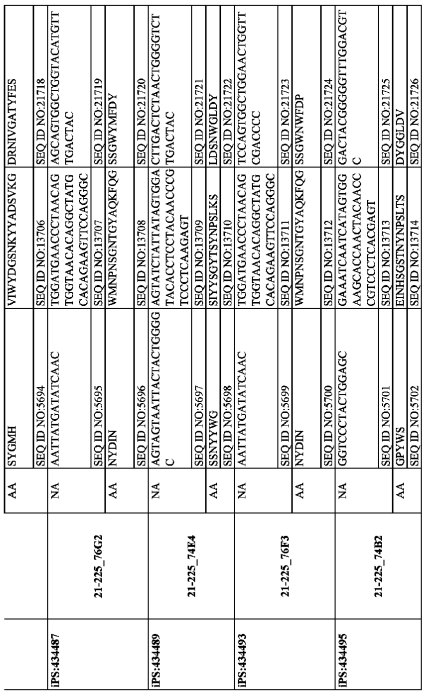


iPS:434497	21-225_76A4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C		
			SEQ ID NO:5703	SEQ ID NO:13715	SEQ ID NO:21727		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:5704	SEQ ID NO:13716	SEQ ID NO:21728		
iPS:434501	21-225_76G4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C		
			SEQ ID NO:5705	SEQ ID NO:13717	SEQ ID NO:21729		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:5706	SEQ ID NO:13718	SEQ ID NO:21730		
iPS:434503	21-225_74D7	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	GGTATCTATTATAGTGGG AGCACCTCCTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CTCCGACCTAACTGGGACTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:5707	SEQ ID NO:13719	SEQ ID NO:21731		
		AA	RSSYYWG	GIYYSGSTSYNPSLKS	LRPNWDFDY		
			SEQ ID NO:5708	SEQ ID NO:13720	SEQ ID NO:21732		
iPS:434507	21-225_74C5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG ATGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C		
			SEQ ID NO:5709	SEQ ID NO:13721	SEQ ID NO:21733		
		AA	GCYWS	EINHSGCTNFNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:5710	SEQ ID NO:13722	SEQ ID NO:21734		
iPS:434509	21-225_76F5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:5711	SEQ ID NO:13723	SEQ ID NO:21735		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		

	21-225_74A6	AA	NYDIN	SEQ ID NO:13697	SEQ ID NO:21709		
				WMNPNSGNTGYAQKFRG	SSGWYYFDY		
			SEQ ID NO:5686	SEQ ID NO:13698	SEQ ID NO:21710		
iPS:434479	21-225_76H1	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:5687	SEQ ID NO:13699	SEQ ID NO:21711		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
			SEQ ID NO:5688	SEQ ID NO:13700	SEQ ID NO:21712		
iPS:434481	21-225_74B10	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTTTG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:5689	SEQ ID NO:13701	SEQ ID NO:21713		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGFAQKFQG	SSGWYWFDP		
			SEQ ID NO:5690	SEQ ID NO:13702	SEQ ID NO:21714		
iPS:434483	21-225_74C12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:5691	SEQ ID NO:13703	SEQ ID NO:21715		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
			SEQ ID NO:5692	SEQ ID NO:13704	SEQ ID NO:21716		
iPS:434485	21-225_76D2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GITIATTTGGITATGATGGA AGITAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGCAATATAGTGGGAGC TACTTACTTTGAGTCC		
			SEQ ID NO:5693	SEQ ID NO:13705	SEQ ID NO:21717		

【図４９－５４０】

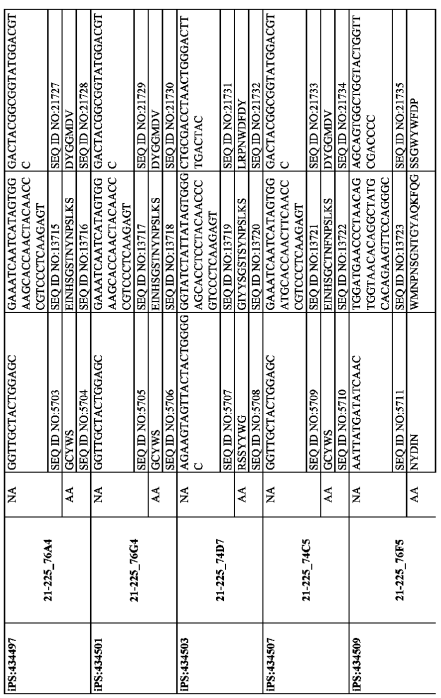
FIGURE 49



	21-225_76G2	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRNIVGATYFES		
			SEQ ID NO:5694	SEQ ID NO:13706	SEQ ID NO:21718		
iPS:434487		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACATGTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:5695	SEQ ID NO:13707	SEQ ID NO:21719		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYMFDY		
	21-225_74E4	NA	AGTAGTIAATTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGA TACACCTCCTACAACCCG TCCCTCAAGAGT	CTTGACTCTAACTGGGGTCT TGACTAC		
iPS:434489			SEQ ID NO:5696	SEQ ID NO:13708	SEQ ID NO:21720		
			SEQ ID NO:5697	SEQ ID NO:13709	SEQ ID NO:21721		
		AA	SSSYYWG	SIYYSGYTSYNPSLKS	LDSNWGLDY		
			SEQ ID NO:5698	SEQ ID NO:13710	SEQ ID NO:21722		
iPS:434493	21-225_76F3	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGAACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:5699	SEQ ID NO:13711	SEQ ID NO:21723		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWNWFDP		
			SEQ ID NO:5700	SEQ ID NO:13712	SEQ ID NO:21724		
iPS:434495	21-225_74B2	NA	GGITCCCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGGGGTTTGGACGT C		
			SEQ ID NO:5701	SEQ ID NO:13713	SEQ ID NO:21725		
		AA	QPYWS	EINHSGSTNYNPSLTS	DYGGLDY		
			SEQ ID NO:5702	SEQ ID NO:13714	SEQ ID NO:21726		

【図４９－５４１】

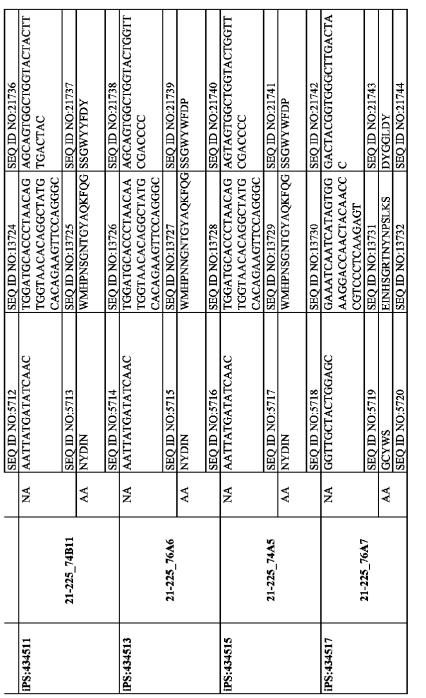
FIGURE 49



iPS:434511	21-225_74B11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:5713	SEQ ID NO:13725	SEQ ID NO:21737		
		AA	NYDIN	WMEIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY		
	21-225_76A6	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAA TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
iPS:434513			SEQ ID NO:5714	SEQ ID NO:13726	SEQ ID NO:21738		
			SEQ ID NO:5715	SEQ ID NO:13727	SEQ ID NO:21739		
		AA	NYDIN	WMEIPNNGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
			SEQ ID NO:5716	SEQ ID NO:13728	SEQ ID NO:21740		
iPS:434515	21-225_74A5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:5717	SEQ ID NO:13729	SEQ ID NO:21741		
		AA	NYDIN	WMEIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
			SEQ ID NO:5718	SEQ ID NO:13730	SEQ ID NO:21742		
iPS:434517	21-225_76A7	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGGGGCTTGACTA C		
			SEQ ID NO:5719	SEQ ID NO:13731	SEQ ID NO:21743		
		AA	GCYWS	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDY		
			SEQ ID NO:5720	SEQ ID NO:13732	SEQ ID NO:21744		

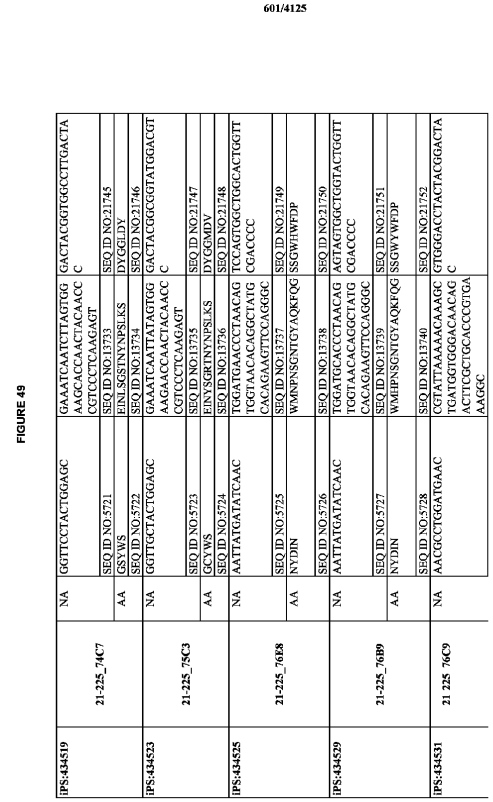
【図４９－５４２】

FIGURE 49

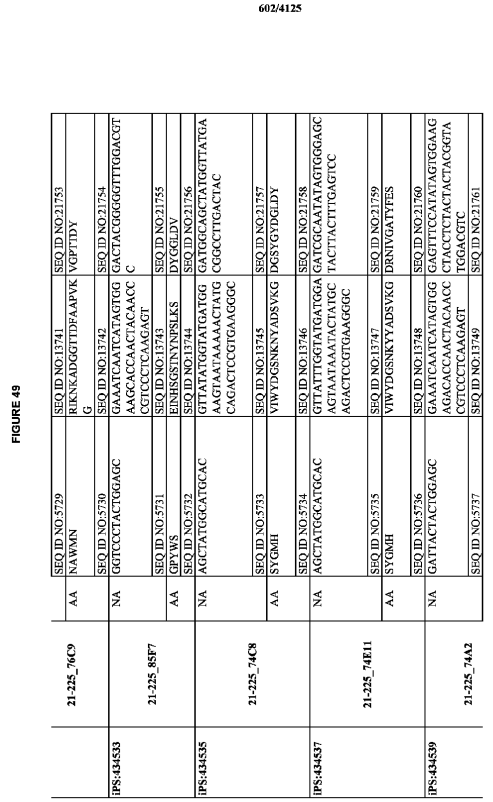


iPS:434511	21-225_74B11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:5713	SEQ ID NO:13725	SEQ ID NO:21737		
		AA	NYDIN	WMEIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY		
iPS:434513	21-225_76A6	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAA TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:5715	SEQ ID NO:13727	SEQ ID NO:21739		
		AA	NYDIN	WMEIPNNGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
iPS:434515	21-225_74A5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:5717	SEQ ID NO:13729	SEQ ID NO:21741		
		AA	NYDIN	WMEIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
			SEQ ID NO:5718	SEQ ID NO:13730	SEQ ID NO:21742		
iPS:434517	21-225_76A7	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGGGGCTTGACTA C		
			SEQ ID NO:5719	SEQ ID NO:13731	SEQ ID NO:21743		
		AA	GCYWS	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDY		
			SEQ ID NO:5720	SEQ ID NO:13732	SEQ ID NO:21744		

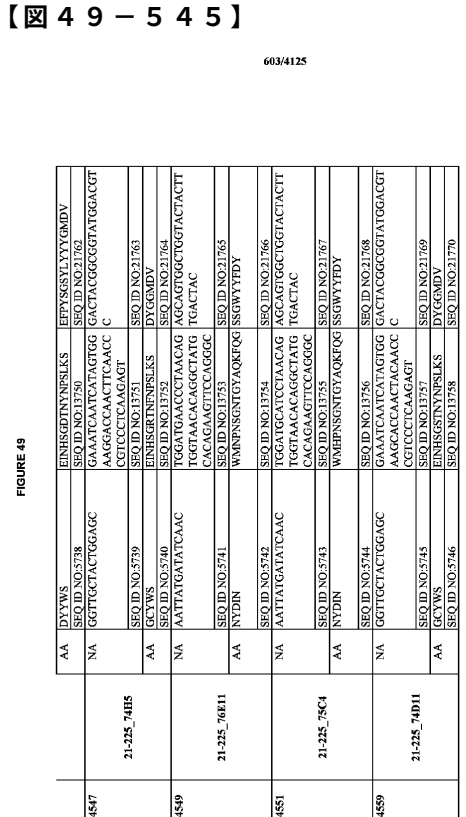
【図４９－５４３】



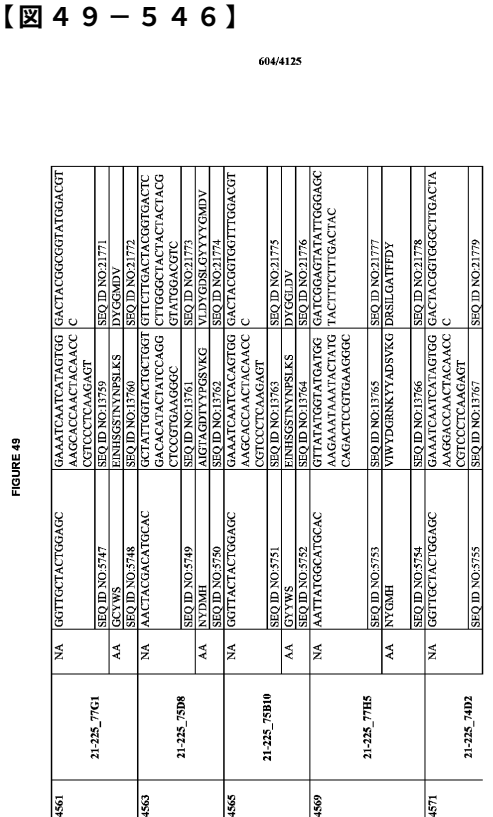
【図４９－５４４】



【図４９－５４５】



【図４９－５４６】



【図４９－５４７】

FIGURE 49

		AA	GCYWS	SEQ ID NO:5756	EINHSGRTNYNPSLKS	SEQ ID NO:21780
IPS:434573	21-225_77E6	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:13768	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATCAAAACTATG CAGCACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21780 GATGGCAGCTATGGTTACGA CGGCCTTGACTAC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:5757	VIWYDGSNQNYADSVKG	SEQ ID NO:21781 DGSYGYDGLDY
				SEQ ID NO:5758		SEQ ID NO:21782
IPS:434575	21-225_77C7	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:13770	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21782 TCCAGTGGCTGGCACTGGTT CGACCCC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:13771	WMWPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:21783 SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:5759		
IPS:434579	21-225_77F7	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5760	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACACAACC CGTCCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21784 GACTACCGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:13772		
		AA	GCYWS	SEQ ID NO:5761	EINHSGSTNYNPSLKS	SEQ ID NO:21785 DYGGMDV
				SEQ ID NO:13773		
IPS:434581	21-225_74B12	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5762	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACACAACC CGTCCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21786 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:13774		
		AA	GCYWS	SEQ ID NO:5763	EINHSGSTNYNPSLKS	SEQ ID NO:21787 DYGGMDV
				SEQ ID NO:13775		
		AA	GCYWS	SEQ ID NO:5764	EINHSGRTNYNPSLKS	SEQ ID NO:21788 DYGGMDV
				SEQ ID NO:13776		

【図４９－５４８】

FIGURE 49

		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAA TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGCACTGGTT CGACCCC	
IPS:434583	21-225_74B6	AA	NYDIN	SEQ ID NO:5765	WMWPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:21789 SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:13777		
IPS:434585	21-225_75A12	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5766	GAAATCAATTATAGTGG AAGAACCAACTACACAACC CGTCCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21790 GACTACCGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:13778		
		AA	GCYWS	SEQ ID NO:5767	EINYSGRTNYNPSLKS	SEQ ID NO:21791 DYGGMDV
				SEQ ID NO:13779		
IPS:434587	21-225_74G3	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5768	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21792 AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:13780		
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5769	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:21793 SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:13781		
IPS:434595	21-225_77A10	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5770	GAAATCAATTATAGTGG AAGAACCAACTACACAACC CGTCCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21794 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:13782		
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5771	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:21795 SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:13783		
		AA	GCYWS	SEQ ID NO:5772	EINYSGRTNYNPSLKS	SEQ ID NO:21796 DYGGMDV
				SEQ ID NO:13784		
IPS:434597	21-225_77C10	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5773	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:13785		SEQ ID NO:21797

【図４９－５４９】

FIGURE 49

		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:13794	SEQ ID NO:21806
IPS:434603	21-225_77D11	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:13786	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5774		SEQ ID NO:21798 AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:13787	SSGWYWFDP	SEQ ID NO:21799
				SEQ ID NO:5775		
IPS:434611	21-225_77C12	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:13788	GAAATCAATTATAGTGG AAGCACCAACTACACAACC CGTCCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21800 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5776		
		AA	GSYWS	SEQ ID NO:13789	EINYRGSTNYNPSLKS	SEQ ID NO:21801 DYGGMDV
				SEQ ID NO:5777		
IPS:434613	21-225_77D12	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:13790	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21802 AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5778		
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:13791	WMWPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:21803 SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:5779		
IPS:434615	21-225_76C5	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:13792	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGCACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:21804 GATGGCAGCTATGGTTACGA CGGCCTTGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5780		
				SEQ ID NO:13793	WMWPNSGNKNYADSVKG	SEQ ID NO:21805 DGSYGYDGLDY
				SEQ ID NO:5781		
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYADSVKG		

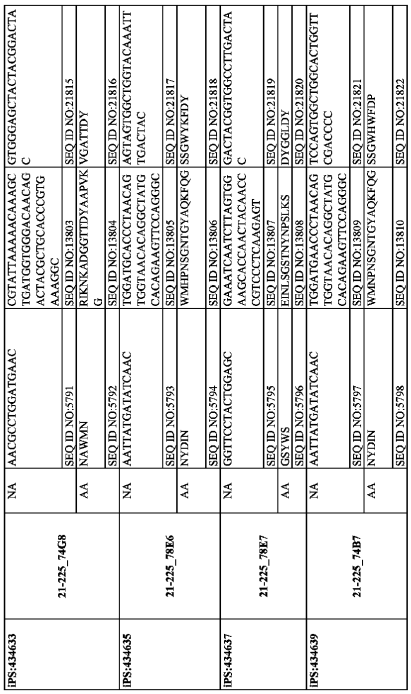
【図４９－５５０】

FIGURE 49

		AA	SFGMH	AIWYDGSNKYADSVKG	SEQ ID NO:13802	SEQ ID NO:21814
IPS:434629	21-225_74C3	NA	AGCTTTGGCATGCAC	GCTATTTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTGTGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCCGGAGTATACTGGGGAGC TGCTTTCTTTGACTAC	SEQ ID NO:21813
				SEQ ID NO:13800		
IPS:434621	21-225_74D1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACCATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGAGGGGTTCGGGGAGTT CGACTACTACAACTACGGTA TGGACGTC	SEQ ID NO:21810
				SEQ ID NO:5786		
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:13796	SEQ ID NO:21808
				SEQ ID NO:5784		
IPS:434619	21-225_78C1	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC	
				SEQ ID NO:13797		SEQ ID NO:21809
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP	
				SEQ ID NO:5785		
IPS:434617	21-225_74B8	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:13795	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21807
				SEQ ID NO:5783		
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP	
				SEQ ID NO:5782		

【図４９－５５１】

FIGURE 49



iPS:434633	21-225_74G8	NA	AACGCCTGGATGAAC	CGTATTAAAAACAAAGC TGATGGTGGGACAACAG ACTACGCTGCACCCGTG AAAGGC
			SEQ ID NO:5791	SEQ ID NO:21815
		AA	NAWMN	RIKNKADGGTTDYAAPVK
			SEQ ID NO:5792	SEQ ID NO:21816
iPS:434635	21-225_78E6	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5793	SEQ ID NO:21817
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:5794	SEQ ID NO:21818
iPS:434637	21-225_78E7	NA	GGTTCCTACTGGAGC	GAAATCAATCTTAGTGG AAGCACCACTACACAGC CGTCCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:5795	SEQ ID NO:21819
		AA	GSYWS	EINLSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:5796	SEQ ID NO:21820
iPS:434639	21-225_74B7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5797	SEQ ID NO:21821
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:5798	SEQ ID NO:21822

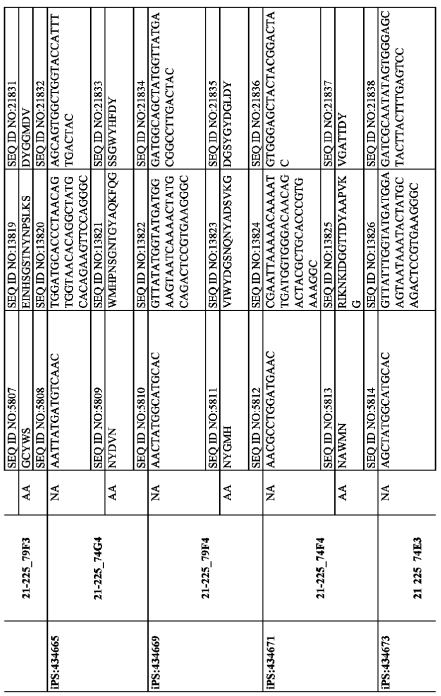
【図４９－５５２】

FIGURE 49

iPS:434649	21-225_78E11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5799	SEQ ID NO:21823
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGCAQKFQG
			SEQ ID NO:5800	SEQ ID NO:21824
iPS:434653	21-225_74B5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5801	SEQ ID NO:21825
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:5802	SEQ ID NO:21826
iPS:434655	21-225_78H12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5803	SEQ ID NO:21827
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:5804	SEQ ID NO:21828
iPS:434657	21-225_79G1	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:5805	SEQ ID NO:21829
		AA	GCYWS	EINMSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:5806	SEQ ID NO:21830
iPS:434663	21-225_79F3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT

【図４９－５５３】

FIGURE 49



21-225_79F3		AA	SEQ ID NO:5807	SEQ ID NO:21831
			GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:5808	SEQ ID NO:21832
iPS:434665	21-225_74G4	NA	AATTATGATGTCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5809	SEQ ID NO:21833
		AA	NYDVN	WMEIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:5810	SEQ ID NO:21834
iPS:434669	21-225_79F4	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATCAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:5811	SEQ ID NO:21835
		AA	NYGMH	VIWYDGSNQNYADSVKG
			SEQ ID NO:5812	SEQ ID NO:21836
iPS:434671	21-225_74F4	NA	AACGCCTGGATGAAC	CGAATTAAAAACAAAAT TGATGGTGGGACAACAG ACTACGCTGCACCCGTG AAAGGC
			SEQ ID NO:5813	SEQ ID NO:21837
		AA	NAWMN	RIKNKIDGGTTDYAAPVK G
			SEQ ID NO:5814	SEQ ID NO:21838
iPS:434673	21 225 74E3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:5815	SEQ ID NO:21839
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:5816	SEQ ID NO:21840
iPS:434675	21-225_79G6	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTTTG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5817	SEQ ID NO:21841
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGFAQKFQG
			SEQ ID NO:5818	SEQ ID NO:21842
iPS:434679	21-225_79G7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5819	SEQ ID NO:21843
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:5820	SEQ ID NO:21844
iPS:434685	21-225_79E9	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCATCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:5821	SEQ ID NO:21845
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:5822	SEQ ID NO:21846
iPS:434687	21-225_75A5	NA	GGTTGCTATCTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGTT
			SEQ ID NO:5823	SEQ ID NO:21847
		AA	GCTYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:5824	DYGGMDV

【図４９－５５４】

FIGURE 49

21-225_74E3		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:5825	SEQ ID NO:21839
			DRNIVGATYFES	
			SEQ ID NO:5826	SEQ ID NO:21840
iPS:434675	21-225_79G6	NA	AATTATGATATCAAC	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:5827	SEQ ID NO:21841
		AA	NYDIN	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:5828	SEQ ID NO:21842
iPS:434679	21-225_79G7	NA	AATTATGATATCAAC	AGTAGTGGCTGGTACAAATT TGACTAC
			SEQ ID NO:5829	SEQ ID NO:21843
		AA	NYDIN	SSGWYSFDY
			SEQ ID NO:5830	SEQ ID NO:21844
iPS:434685	21-225_79E9	NA	AATTATGATATCAAC	AGTAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
			SEQ ID NO:5831	SEQ ID NO:21845
		AA	NYDIN	SSGWYWFDY
			SEQ ID NO:5832	SEQ ID NO:21846
iPS:434687	21-225_75A5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:5833	SEQ ID NO:21847
		AA	GCTYWS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:5834	SEQ ID NO:21848

【図４９－５５５】

FIGURE 49

IPS:434689	21-225_79G10		NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5824	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21848 TCCAGTGGCTGGAAACTCGGTT CGACCCC
		SEQ ID NO:5843			SEQ ID NO:5825	SEQ ID NO:13837	SEQ ID NO:21849
		GCYWS	AA	NYDIN		WMKPNSGNTGYAQKFQG	SSGWNWFDP
IPS:434691	21-225_75G7		NA	GGTTCCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5826	SEQ ID NO:13838	SEQ ID NO:21850
		SEQ ID NO:5844			SEQ ID NO:5827	SEQ ID NO:13839	SEQ ID NO:21851
		NYDIN	AA	GSYWS		EINYRGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
IPS:434693	21-225_79F11		NA	GGTTCCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5828	SEQ ID NO:13840	SEQ ID NO:21852
		SEQ ID NO:5845			SEQ ID NO:5829	SEQ ID NO:13841	SEQ ID NO:21853
		NYDIN	AA	GCYWS		EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
IPS:434697	21-225_79F12		NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5830	SEQ ID NO:13842	SEQ ID NO:21854
		SEQ ID NO:5846			SEQ ID NO:5831	SEQ ID NO:13843	SEQ ID NO:21855
		GSYWS	AA	NYDIN		WMKPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
IPS:434699	21 225_79G12		NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5832	SEQ ID NO:13844	SEQ ID NO:21856
		SEQ ID NO:5847			SEQ ID NO:5833	SEQ ID NO:13845	SEQ ID NO:21857
		GCYWS	AA	GCYWS		EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV

【図４９－５５６】

FIGURE 49

	21-225_79G12		NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5833	SEQ ID NO:13845	SEQ ID NO:21857
			AA	GCYWS		EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
IPS:434701	21-225_80A1		NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5834	SEQ ID NO:13846	SEQ ID NO:21858
		SEQ ID NO:5848			SEQ ID NO:5835	SEQ ID NO:13847	SEQ ID NO:21859
		GCYWS	AA	GCYWS		EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
IPS:434703	21-225_80C1		NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5836	SEQ ID NO:13848	SEQ ID NO:21860
		SEQ ID NO:5849			SEQ ID NO:5837	SEQ ID NO:13849	SEQ ID NO:21861
		GCYWS	AA	GCYWS		EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
IPS:434705	21-225_80A2		NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5838	SEQ ID NO:13850	SEQ ID NO:21862
		SEQ ID NO:5850			SEQ ID NO:5839	SEQ ID NO:13851	SEQ ID NO:21863
		NYDIN	AA	NYDIN		WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
IPS:434707	21-225_80D3		NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5840	SEQ ID NO:13852	SEQ ID NO:21864
		SEQ ID NO:5851			SEQ ID NO:5841	SEQ ID NO:13853	SEQ ID NO:21865
		GSYWS	AA	NYDIN		WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
					SEQ ID NO:5842	SEQ ID NO:13854	SEQ ID NO:21866

【図４９－５５７】

FIGURE 49

IPS:434709	21-225_80E3		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C	
		SEQ ID NO:5843			SEQ ID NO:13855	SEQ ID NO:21867	
		GCYWS	AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV	
IPS:434711	21-225_80H3		NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5844	SEQ ID NO:13856	SEQ ID NO:21868
		SEQ ID NO:5845			TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	ACCAGTGGCTGGAAACTTCTT TGACTAC	
		NYDIN	AA	GCYWS	SEQ ID NO:13857	SEQ ID NO:21869	
					WMNPNSGNTGYAQKFQG	TSGWNFFDY	
		SEQ ID NO:5846			SEQ ID NO:13858	SEQ ID NO:21870	
IPS:434715	21-225_80D5		NA	GGTCCCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGGGGTTTGGACGT C	
		SEQ ID NO:5847			SEQ ID NO:13859	SEQ ID NO:21871	
		GPYWS	AA	GPYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGLDV	
IPS:434717	21-225_80A6		NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5848	SEQ ID NO:13860	SEQ ID NO:21872
		SEQ ID NO:5849			GAAATCAATCATAGTGG AAGGACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGGGGCTTGACTA C	
		GCYWS	AA	GCYWS	SEQ ID NO:13861	SEQ ID NO:21873	
IPS:434725	21-225_80B7		NA	GGTTCCTACTGGAGC	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDV	
		SEQ ID NO:5850			SEQ ID NO:13862	SEQ ID NO:21874	
		GCYWS	AA	GSYWS	GAAATCAATCAAAGTGG ACGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGGGGTATAGACGT C	
		SEQ ID NO:5851			SEQ ID NO:13863	SEQ ID NO:21875	
		GSYWS	AA	GSYWS	EINQSGRTNYNPSLKS	DYGGIDV	

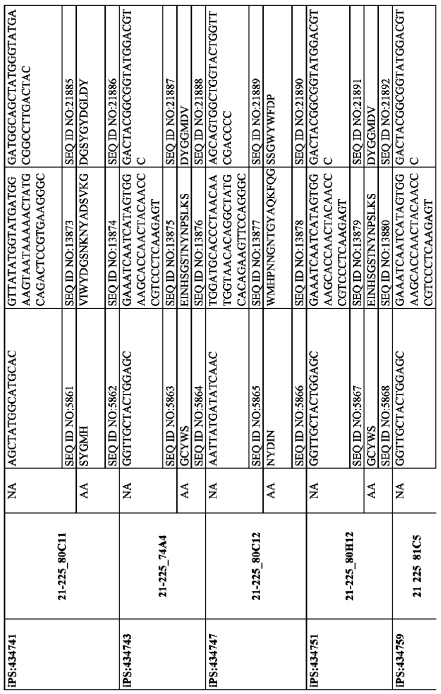
【図４９－５５８】

FIGURE 49

IPS:434729	21-225_80B12		NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5852	SEQ ID NO:13864	SEQ ID NO:21876
		SEQ ID NO:5853			TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGTC	AGCAGTGGCTGGTACATCTT TGACTAC	
		NYDIN	AA	NYDIN	SEQ ID NO:13865	SEQ ID NO:21877	
					WMNPNSGNTGYAQKFQV	SSGWYIFDY	
IPS:434731	21-225_80E9		NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:13866	SEQ ID NO:21878	
		SEQ ID NO:5854			TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC	
		SEQ ID NO:5855			SEQ ID NO:13867	SEQ ID NO:21879	
		NYDIN	AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP	
IPS:434735	21-225_80B10		NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:13868	SEQ ID NO:21880	
		SEQ ID NO:5856			GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGGGGCTTGACTA C	
		SEQ ID NO:5857			SEQ ID NO:13869	SEQ ID NO:21881	
		GCYWS	AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGLDV	
IPS:434737	21-225_74G6		NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:5858	SEQ ID NO:13870	SEQ ID NO:21882
		SEQ ID NO:5858			GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGGCAGCTATGGTTATGA CGGCCTTGACTAC	
		STGMH	AA	VIWYDGSNKNYADSVKG	SEQ ID NO:13871	SEQ ID NO:21883	
					VIWYDGSNKNYADSVKG	DGSYGYDGLDY	
		SEQ ID NO:5860			SEQ ID NO:13872	SEQ ID NO:21884	

【図４９－５５９】

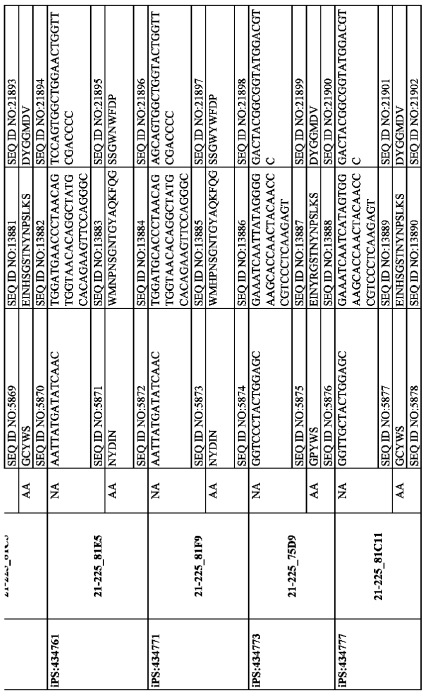
FIGURE 49



iPS:434741	21-225_80C11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGGCAGCTATGGGTATGA CGGCCTTGACTAC
				SEQ ID NO:5861	SEQ ID NO:13873	SEQ ID NO:21885
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DGSYGYDGLDY
				SEQ ID NO:5862	SEQ ID NO:13874	SEQ ID NO:21886
iPS:434743	21-225_74A4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCACACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5863	SEQ ID NO:13875	SEQ ID NO:21887
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
				SEQ ID NO:5864	SEQ ID NO:13876	SEQ ID NO:21888
iPS:434747	21-225_80C12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAA TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5865	SEQ ID NO:13877	SEQ ID NO:21889
		AA	NYDIN	WMHPNNGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:5866	SEQ ID NO:13878	SEQ ID NO:21890
iPS:434751	21-225_80H12	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCACACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5867	SEQ ID NO:13879	SEQ ID NO:21891
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
				SEQ ID NO:5868	SEQ ID NO:13880	SEQ ID NO:21892
iPS:434759	21 225 81C5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCACACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C

【図４９－５６０】

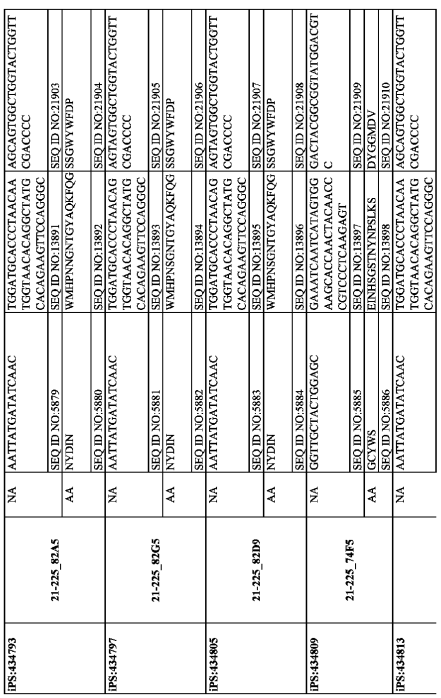
FIGURE 49



[illegible]	[illegible]		SEQ ID NO:5869	SEQ ID NO:13881	SEQ ID NO:21893
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:5870	SEQ ID NO:13882	SEQ ID NO:21894
iPS:434761	21-225_81E5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGAAACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5871	SEQ ID NO:13883	SEQ ID NO:21895
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWSWFDP
				SEQ ID NO:5872	SEQ ID NO:13884	SEQ ID NO:21896
iPS:434771	21-225_81F9	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5873	SEQ ID NO:13885	SEQ ID NO:21897
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:5874	SEQ ID NO:13886	SEQ ID NO:21898
iPS:434773	21-225_75D9	NA	GGTCCCTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGGGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5875	SEQ ID NO:13887	SEQ ID NO:21899
		AA	GPYWS	EINYRGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:5876	SEQ ID NO:13888	SEQ ID NO:21900
iPS:434777	21-225_81C11	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5877	SEQ ID NO:13889	SEQ ID NO:21901
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:5878	SEQ ID NO:13890	SEQ ID NO:21902

【図４９－５６１】

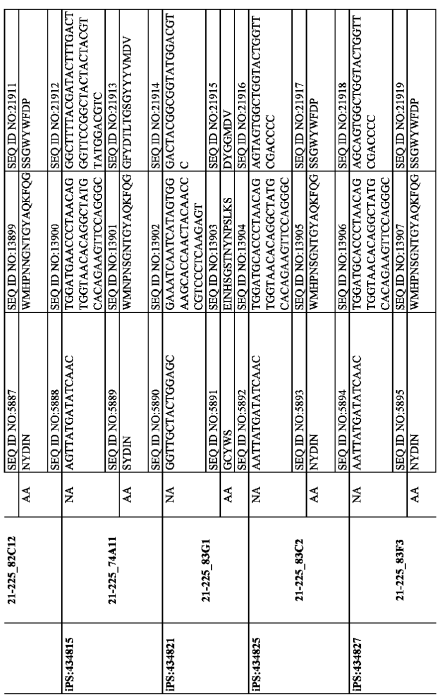
FIGURE 49



iPS:434793	21-225_82A5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAA TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5879	SEQ ID NO:21903
		AA	NYDIN	WMHPNNGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:5880	SEQ ID NO:21904
iPS:434797	21-225_82G5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5881	SEQ ID NO:21905
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:5882	SEQ ID NO:21906
iPS:434805	21-225_82D9	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5883	SEQ ID NO:21907
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:5884	SEQ ID NO:21908
iPS:434809	21-225_74F5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5885	SEQ ID NO:21909
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:5886	SEQ ID NO:21910
iPS:434813		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAA TGCTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC

【図４９－５６２】

FIGURE 49



21-225_82C12			SEQ ID NO:5887	SEQ ID NO:13899	SEQ ID NO:21911
		AA	NYDIN	WMHPNNGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:5888	SEQ ID NO:13900	SEQ ID NO:21912
iPS:434815	21-225_74A11	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGCTTTTACGATACTTTTGACT GGTTCCGGCTACTACTACGT TATGGACGTC
				SEQ ID NO:5889	SEQ ID NO:13901	SEQ ID NO:21913
		AA	SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	GFYDTLTGSGYYYYMDV
				SEQ ID NO:5890	SEQ ID NO:13902	SEQ ID NO:21914
iPS:434821	21-225_83G1	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5891	SEQ ID NO:13903	SEQ ID NO:21915
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:5892	SEQ ID NO:13904	SEQ ID NO:21916
iPS:434825	21-225_83C2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGCTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5893	SEQ ID NO:13905	SEQ ID NO:21917
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:5894	SEQ ID NO:13906	SEQ ID NO:21918
iPS:434827	21-225_83F3	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGCTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5895	SEQ ID NO:13907	SEQ ID NO:21919
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP

【図４９－５６３】

621/4125

FIGURE 49

iPS:434829	21-225_84E12	AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DGSYGYDGLDY		
				SEQ ID NO:5914	SEQ ID NO:19926	SEQ ID NO:21938	
iPS:434869		NA	GGTTCCTACTGGAGC	GAAATCAATCAAAGTGG	GACTACGGGGGTATAGACGT		
				ACGCACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5915	SEQ ID NO:19927	SEQ ID NO:21939		
		AA	GSYWS	EINQSGRTNYNPSLKS	DYGGIDV		
			SEQ ID NO:5916	SEQ ID NO:19928	SEQ ID NO:21940		
iPS:434871	21-225_85H1	NA	AGCTATGGCATACAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCCCTTTATAGTGGCAGC		
				AAGTAATAAATACTATG	TACTTACTTTGACTAC		
				CAGACTCCGTGAAGGGC			
			SEQ ID NO:5917	SEQ ID NO:19929	SEQ ID NO:21941		
		AA	SYGIH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DPFIVGATYFDY		
			SEQ ID NO:5918	SEQ ID NO:19930	SEQ ID NO:21942		
iPS:434877	21-225_85H2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGTCACCCTAATAG	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT		
				TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC		
				CACAGAAGTTCCAGGGC			
			SEQ ID NO:5919	SEQ ID NO:19931	SEQ ID NO:21943		
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
				SEQ ID NO:5920	SEQ ID NO:19932	SEQ ID NO:21944	
iPS:434879	21-225_85A3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGCGGTATGGACGT		
				AAGCACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5921	SEQ ID NO:19933	SEQ ID NO:21945		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:5922	SEQ ID NO:19934	SEQ ID NO:21946		
iPS:434829	21-225_83G3	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT		
				TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC		
				CACAGAAGTTCCAGGGC			
			SEQ ID NO:5897	SEQ ID NO:19909	SEQ ID NO:21921		
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
				SEQ ID NO:5898	SEQ ID NO:19910	SEQ ID NO:21922	
iPS:434833	21-225_83C5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGTAGTGGCTGGTACTGGTT		
				TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC		
				CACAGAAGTTCCAGGGC			
			SEQ ID NO:5899	SEQ ID NO:19911	SEQ ID NO:21923		
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
				SEQ ID NO:5900	SEQ ID NO:19912	SEQ ID NO:21924	
iPS:434835	21-225_83B6	NA	GGTTGTTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACCGGTGGGCTTGACTA		
				AAGGACCAACTACAACC	C		
				CCTCCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5901	SEQ ID NO:19913	SEQ ID NO:21925		
		AA	GCYWS	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDY		
			SEQ ID NO:5902	SEQ ID NO:19914	SEQ ID NO:21926		
iPS:434839	21-225_83B7	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGCGGTATGGACGT		
				AAGCACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5903	SEQ ID NO:19915	SEQ ID NO:21927		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:5904	SEQ ID NO:19916	SEQ ID NO:21928		
iPS:434841	21-225_83C10	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG	TCCAGTGGCTGGCACTGGTT		
				TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC		
				CACAGAAGTTCCAGGGC			

【図４９－５６４】

622/4125

FIGURE 49

	21-225_83G7	AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWHWFDP		
				SEQ ID NO:5905	SEQ ID NO:19917	SEQ ID NO:21929	
iPS:434849	21-225_83C10	NA	GGTTACTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGTGGGCTTGACTA		
				AAGCACCAACTTCAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5906	SEQ ID NO:19918	SEQ ID NO:21930		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDY		
				SEQ ID NO:5907	SEQ ID NO:19919	SEQ ID NO:21931	
		AA	GYYWS	EINHSGSTNFNPSLKS	DYGGLDY		
			SEQ ID NO:5908	SEQ ID NO:19920	SEQ ID NO:21932		
iPS:434851	21-225_75A6	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACATCTT		
				TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC		
				CACAGAAGTTCCAGGGC			
			SEQ ID NO:5909	SEQ ID NO:19921	SEQ ID NO:21933		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDY		
				SEQ ID NO:5910	SEQ ID NO:19922	SEQ ID NO:21934	
iPS:434863	21-225_84G7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG	TCCAGTGGCTGGCACTGGTT		
				TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC		
				CACAGAAGTTCCAGGAC			
			SEQ ID NO:5911	SEQ ID NO:19923	SEQ ID NO:21935		
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQD	SSGWHWFDP		
				SEQ ID NO:5912	SEQ ID NO:19924	SEQ ID NO:21936	
iPS:434867	21-225_79A12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATGGCAGCTATGGTTACGA		
				AAGTAATAAAAACTATG	CGGCCTTGACTAC		
				CAGACTCCGTGAAGGGC			
			SEQ ID NO:5913	SEQ ID NO:19925	SEQ ID NO:21937		

【図４９－５６５】

623/4125

FIGURE 49

	21-225_85H1	AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DGSYGYDGLDY		
				SEQ ID NO:5914	SEQ ID NO:19926	SEQ ID NO:21938	
iPS:434869	21-225_84E12	NA	GGTTCCTACTGGAGC	GAAATCAATCAAAGTGG	GACTACGGGGGTATAGACGT		
				ACGCACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5915	SEQ ID NO:19927	SEQ ID NO:21939		
		AA	GSYWS	EINQSGRTNYNPSLKS	DYGGIDV		
			SEQ ID NO:5916	SEQ ID NO:19928	SEQ ID NO:21940		
iPS:434871	21-225_85H2	NA	AGCTATGGCATACAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCCCTTTATAGTGGCAGC		
				AAGTAATAAATACTATG	TACTTACTTTGACTAC		
				CAGACTCCGTGAAGGGC			
			SEQ ID NO:5917	SEQ ID NO:19929	SEQ ID NO:21941		
		AA	SYGIH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DPFIVGATYFDY		
			SEQ ID NO:5918	SEQ ID NO:19930	SEQ ID NO:21942		
iPS:434877	21-225_85A3	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAATAG	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT		
				TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC		
				CACAGAAGTTCCAGGGC			
			SEQ ID NO:5919	SEQ ID NO:19931	SEQ ID NO:21943		
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
				SEQ ID NO:5920	SEQ ID NO:19932	SEQ ID NO:21944	
iPS:434879	21-225_85A3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGCGGTATGGACGT		
				AAGCACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5921	SEQ ID NO:19933	SEQ ID NO:21945		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:5922	SEQ ID NO:19934	SEQ ID NO:21946		

【図４９－５６６】

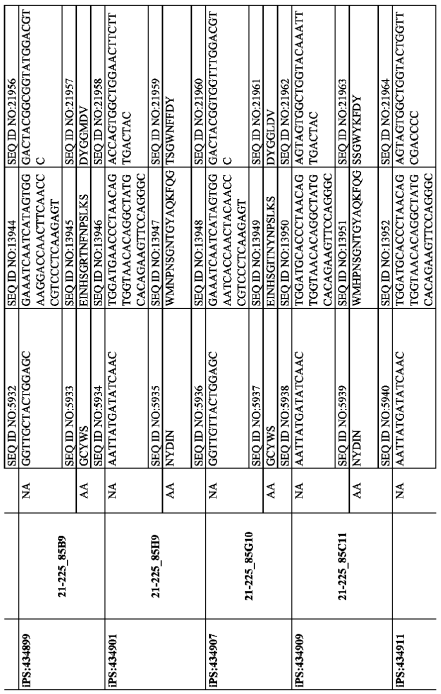
624/4125

FIGURE 49

iPS:434881	21-225_85B4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGCGGTATGGACGT		
				AAGCACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5923	SEQ ID NO:19935	SEQ ID NO:21947		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:5924	SEQ ID NO:19936	SEQ ID NO:21948		
iPS:434883	21-225_85B5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGTCACCCTAACAG	AGTAGTGGCTGGTACTGGTT		
				TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC		
				CACAGAAGTTCCAGGGC			
			SEQ ID NO:5925	SEQ ID NO:19937	SEQ ID NO:21949		
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
				SEQ ID NO:5926	SEQ ID NO:19938	SEQ ID NO:21950	
iPS:434887	21-225_85D6	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGTGG	GACTACGGCGGTATGGACGT		
				AAGAACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5927	SEQ ID NO:19939	SEQ ID NO:21951		
		AA	GCYWS	EINYSGRTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:5928	SEQ ID NO:19940	SEQ ID NO:21952		
iPS:434891	21-225_85G6	NA	GATTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGTGGCGCTTGACTA		
				AAGGACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5929	SEQ ID NO:19941	SEQ ID NO:21953		
		AA	DCYWS	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDY		
			SEQ ID NO:5930	SEQ ID NO:19942	SEQ ID NO:21954		
iPS:434895	21-225_74H7	NA	GGTCCCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGGGGTTTGGACGT		
				AAGCACCAACTACAACC	C		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:5931	SEQ ID NO:19943	SEQ ID NO:21955		
		AA	GPYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGLDV		

【図４９－５６７】

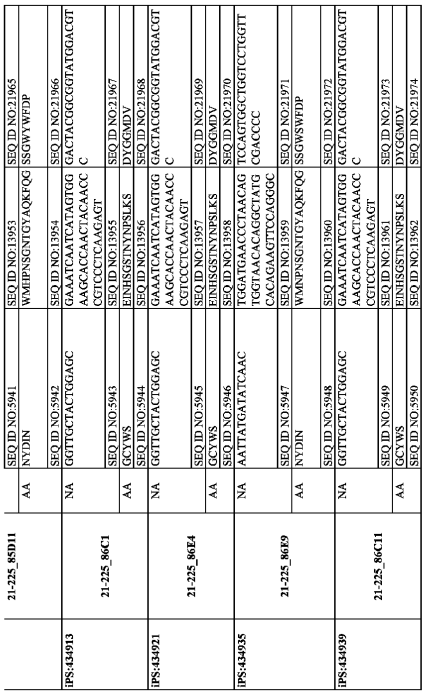
FIGURE 49



iPS:434899	21-225_85H9	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5932	SEQ ID NO:13944	GAAATCAATCATAGTGG AAGGACCAACTTCAACC	SEQ ID NO:21956 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5933	SEQ ID NO:13945	CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21957
		AA	GCYWS	GCYWS	EINHSGRTNFNPSLKS	DYGGMDV	DYGGMDV
iPS:434901	21-225_85I10	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5934	SEQ ID NO:13946	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21958 ACCAGTGGCTGGAACTTCTT TGACTAC
			AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5935	SEQ ID NO:13947		SEQ ID NO:21959
		AA	NYDIN	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG		TSGWNFFDY
iPS:434907	21-225_85G10	NA	GGTTGTTACTGGAGC	SEQ ID NO:5936	SEQ ID NO:13948	GAAATCAATCATAGTGG AATCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21960 GACTACGGGTGGTTTGGACGT C
				SEQ ID NO:5937	SEQ ID NO:13949		SEQ ID NO:21961
		AA	GCYWS	GCYWS	EINHSGTTNYNPSLKS		DYGGLDV
iPS:434909	21-225_85C11	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5938	SEQ ID NO:13950	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21962 AGTAGTGGCTGGTACAAATT TGACTAC
				SEQ ID NO:5939	SEQ ID NO:13951		SEQ ID NO:21963
		AA	NYDIN	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG		SSGWYKFDY
iPS:434911	21-225_86C1	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5940	SEQ ID NO:13952	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21964 AGTAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5941	SEQ ID NO:13953		SEQ ID NO:21965
		AA	NYDIN	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG		SSGWYWFDP
iPS:434913	21-225_86C1	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5942	SEQ ID NO:13954	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21966 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5943	SEQ ID NO:13955		SEQ ID NO:21967
		AA	GCYWS	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS		DYGGMDV
iPS:434921	21-225_86E4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5944	SEQ ID NO:13956	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21968 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5945	SEQ ID NO:13957		SEQ ID NO:21969
		AA	GCYWS	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS		DYGGMDV
iPS:434935	21-225_86I9	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5946	SEQ ID NO:13958	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21970 TCCAGTGGCTGGTCCTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5947	SEQ ID NO:13959		SEQ ID NO:21971
		AA	NYDIN	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG		SSGWSWFDP
iPS:434939	21-225_86C11	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5948	SEQ ID NO:13960	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21972 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5949	SEQ ID NO:13961		SEQ ID NO:21973
		AA	GCYWS	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS		DYGGMDV
				SEQ ID NO:5950	SEQ ID NO:13962		SEQ ID NO:21974

【図４９－５６８】

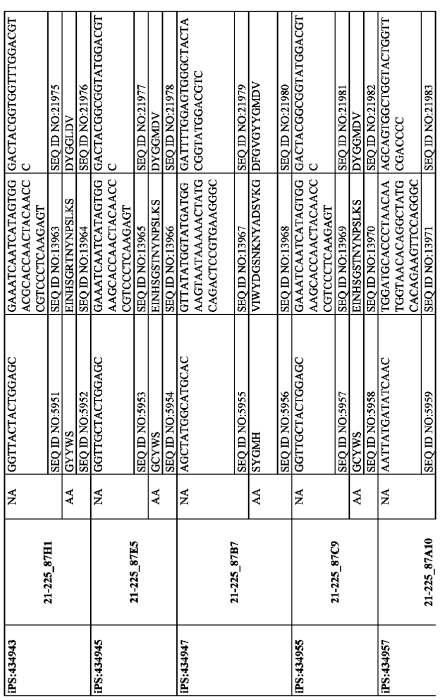
FIGURE 49



iPS:434913	21-225_86C1	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5942	SEQ ID NO:13954	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21966 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5943	SEQ ID NO:13955		SEQ ID NO:21967
		AA	GCYWS	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS		DYGGMDV
iPS:434921	21-225_86E4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5944	SEQ ID NO:13956	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21968 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5945	SEQ ID NO:13957		SEQ ID NO:21969
		AA	GCYWS	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS		DYGGMDV
iPS:434935	21-225_86I9	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5946	SEQ ID NO:13958	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:21970 TCCAGTGGCTGGTCCTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:5947	SEQ ID NO:13959		SEQ ID NO:21971
		AA	NYDIN	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG		SSGWSWFDP
iPS:434939	21-225_86C11	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5948	SEQ ID NO:13960	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:21972 GACTACGGCGGTATGGACGT C
				SEQ ID NO:5949	SEQ ID NO:13961		SEQ ID NO:21973
		AA	GCYWS	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS		DYGGMDV
				SEQ ID NO:5950	SEQ ID NO:13962		SEQ ID NO:21974

【図４９－５６９】

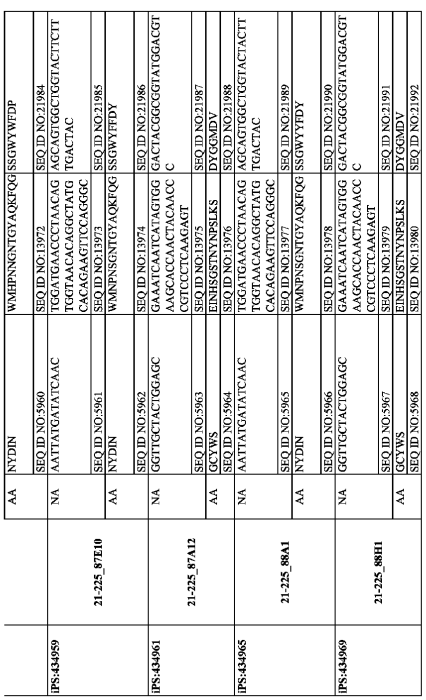
FIGURE 49



iPS:434943	21-225_87H1	NA	GGTTACTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG ACGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGGTTTGGACGT C		
		AA	GYYWS	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDV		
iPS:434945	21-225_87E5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
iPS:434947	21-225_87B7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATTTTGGAGTGGGCTACTA CGGTATGGACGTC		
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DFGVGYYGMDV		
iPS:434955	21-225_87C9	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
iPS:434957	21-225_87A10	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAA TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
				SEQ ID NO:5959	SEQ ID NO:13971		SEQ ID NO:21983

【図４９－５７０】

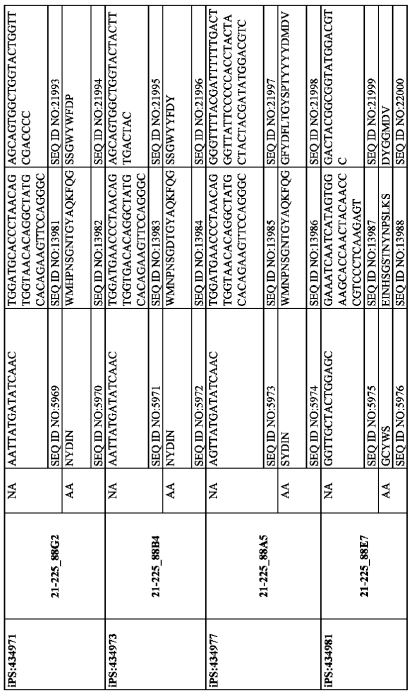
FIGURE 49



iPS:434959	21-225_87E10	AA	NYDIN	WMHPNGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTCTT TGACTAC		
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5960	SEQ ID NO:13972	SEQ ID NO:21984	
iPS:434961	21-225_87A12	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C		
		AA	GCYWS	SEQ ID NO:5963	SEQ ID NO:13975	SEQ ID NO:21987	
				EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
iPS:434965	21-225_88A1	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:5964	SEQ ID NO:13976	SEQ ID NO:21988	
				TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC		
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:5965	SEQ ID NO:13977	SEQ ID NO:21989	
				WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY		
iPS:434969	21-225_88H1	NA	GGTTGCTACTGGAGC	SEQ ID NO:5966	SEQ ID NO:13978	SEQ ID NO:21990	
				GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C		
		AA	GCYWS	SEQ ID NO:5967	SEQ ID NO:13979	SEQ ID NO:21991	
				EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
				SEQ ID NO:5968	SEQ ID NO:13980	SEQ ID NO:21992	

【図４９－５７１】

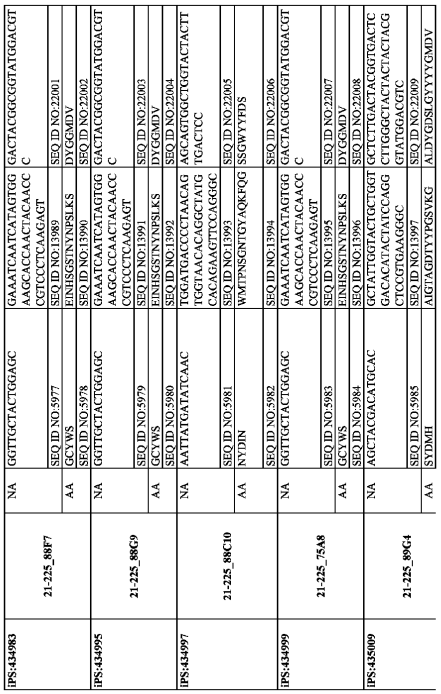
FIGURE 49



iPS:434971	21-225_88G2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
		AA	NYDIN	WMEPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDP
iPS:434973	21-225_88B4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTGACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	WMPNSGDTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
iPS:434977	21-225_88A5	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGGTTTTACGAATTTTTTGACT GGTTATTCCCCACCTACTA CTACTACGATATGGACGTC
		AA	SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	GFYDFLTGYSPTYYYYYDMDV
iPS:434981	21-225_88E7	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
iPS:434995	21-225_88C9	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
iPS:434997	21-225_88C10	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGACCCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTCC
		AA	NYDIN	WMTPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDS
iPS:435099	21-225_75A8	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
iPS:435089	21-225_89G4	NA	AGCTACGACATGCAC	GCTACTTGGTACTGCTGGT GACACATACTATCCAGG	GCTCTTGACTACGGTGACTC CTTGGGCTACTACTACTACG
		AA	SYDMH	AIGTAGDTYTPGSVKG	ALDYGDSLGYYYYGMDV

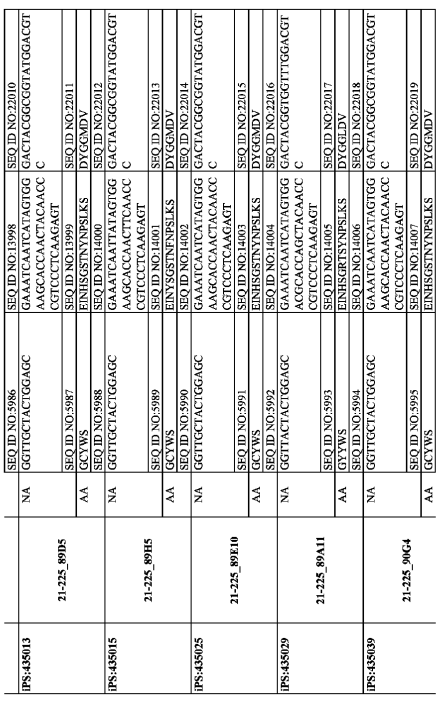
【図４９－５７２】

FIGURE 49



【図４９－５７３】

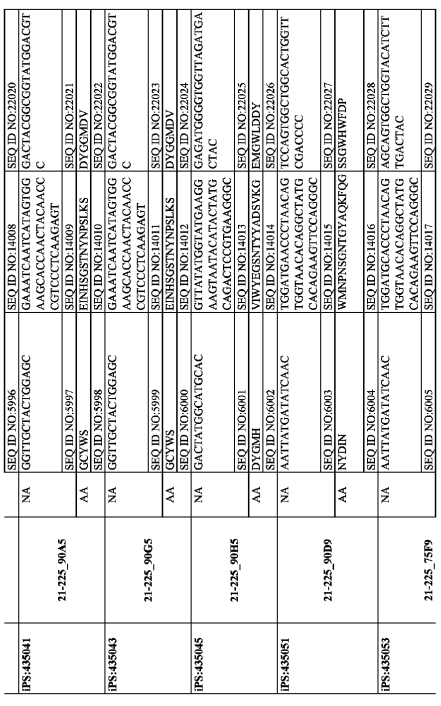
FIGURE 49



iPS:435013	21-225_89D5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
iPS:435015	21-225_89H5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGTGG AAGCACCAACTTCAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GCYWS	EINYSGSTNFNPSLKS	DYGGMDV
iPS:435025	21-225_89E10	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GYYWS	EINHSGRTSYNPSLKS	DYGGLDV
iPS:435029	21-225_89A11	NA	GGTTACTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG ACGCACCAGCTACAACC C	GACTACGGTGGTTTGGACGT C
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
iPS:435039	21-225_90G4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV

【図４９－５７４】

FIGURE 49



iPS:435041	21-225_90A5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
iPS:435043	21-225_90G5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
iPS:435045	21-225_90H5	NA	GACTATGGCCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGG AAGTAATACATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGATGGGGGTGGTTAGATGA CTAC
		AA	NYDIN	WANPNSGNTGYAQKFQG	SSGWHWFDP
iPS:435051	21-225_90D9	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGATAACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGCACTGGTT CGACCCC
		AA	NYDIN	WANPNSGNTGYAQKFQG	SSGWHWFDP
iPS:435053	21-225_75F9	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGACTAACAAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTTGGCTGGTACATCTT CGACCCC
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV

10

20

30

40

50

【図４９－５７５】

FIGURE 49

iPS:435059	21-225_90F10	NA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:6006	SEQ ID NO:14018
iPS:435055		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C
			SEQ ID NO:6007	SEQ ID NO:14019
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6008	SEQ ID NO:14020
	21-225_90C11	NA	AACTACGACATGCAC	GCTATTGGTACTGCTGGT GACACATACTATCCAGG CTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6009	SEQ ID NO:14021
		AA	NYDMH	AIGTAGDTYYPGSVKG
			SEQ ID NO:6010	SEQ ID NO:14022
iPS:435071	21-225_91F1	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:6011	SEQ ID NO:14023
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:6012	SEQ ID NO:14024
iPS:435073	21-225_91B2	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C
			SEQ ID NO:6013	SEQ ID NO:14025
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6014	SEQ ID NO:14026

		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:14018	SEQ ID NO:22030
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C
			CGTCCCTCAAGAGT	
			SEQ ID NO:14019	SEQ ID NO:22031
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:14020	SEQ ID NO:22032
		NA	AACTACGACATGCAC	GCTATTGGTACTGCTGGT GACACATACTATCCAGG CTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:14021	SEQ ID NO:22033
		AA	NYDMH	AIGTAGDTYYPGSVKG
			SEQ ID NO:14022	SEQ ID NO:22034
		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:14023	SEQ ID NO:22035
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:14024	SEQ ID NO:22036
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C
			SEQ ID NO:14025	SEQ ID NO:22037
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:14026	SEQ ID NO:22038

【図４９－５７６】

FIGURE 49

iPS:435075	21-225_91B3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6015	SEQ ID NO:14027
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6016	SEQ ID NO:14028
iPS:435077	21-225_91F3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6017	SEQ ID NO:14029
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6018	SEQ ID NO:14030
iPS:435079	21-225_91B4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6019	SEQ ID NO:14031
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6020	SEQ ID NO:14032
iPS:435087	21-225_91G8	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:6021	SEQ ID NO:14033
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:6022	SEQ ID NO:14034
iPS:435089	21-225_91E9	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6023	SEQ ID NO:14035
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS

		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:14036	SEQ ID NO:22048
iPS:435097	21-225_92B1	NA	GGTTCCTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGGGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6025	SEQ ID NO:14037
		AA	GSYWS	EINYRGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6026	SEQ ID NO:14038
iPS:435103	21-225_92B2	NA	AACTACGACATGCAC	GCTATTGGTACTGCTGGT GACACATACTATCCAGG CTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6027	SEQ ID NO:14039
		AA	NYDMH	AIGTAGDTYYPGSVKG
			SEQ ID NO:6028	SEQ ID NO:14040
iPS:435109	21-225_92H5	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6029	SEQ ID NO:14041
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO:6030	SEQ ID NO:14042
iPS:435111	21-225_92D6	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6031	SEQ ID NO:14043
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6032	SEQ ID NO:14044
iPS:435113		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC

		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:14045	SEQ ID NO:22057
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6033	SEQ ID NO:14046
iPS:435115	21-225_77C5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6034	SEQ ID NO:22058
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6035	SEQ ID NO:22059
iPS:435167	21-225_92F12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:6036	SEQ ID NO:22060
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6037	SEQ ID NO:22061
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:6038	SEQ ID NO:22062
iPS:435171	21-225_93C2	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6039	SEQ ID NO:14051
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6040	SEQ ID NO:14052
iPS:435177	21-225_93E4	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6041	SEQ ID NO:14053
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6042	SEQ ID NO:14054

【図４９－５７７】

FIGURE 49

【図４９－５７８】

FIGURE 49

		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:14055	SEQ ID NO:22063
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6043	SEQ ID NO:14056
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6044	SEQ ID NO:14057
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6045	SEQ ID NO:14058
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6046	SEQ ID NO:14059
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6047	SEQ ID NO:14060
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6048	SEQ ID NO:14061
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6049	SEQ ID NO:14062
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:6050	SEQ ID NO:14063
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6051	SEQ ID NO:14064
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6052	SEQ ID NO:14065
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6053	SEQ ID NO:14066
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6054	SEQ ID NO:14067
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6055	SEQ ID NO:14068
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6056	SEQ ID NO:14069
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6057	SEQ ID NO:14070
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6058	SEQ ID NO:14071
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6059	SEQ ID NO:14072
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6060	SEQ ID NO:14073
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6061	SEQ ID NO:14074
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6062	SEQ ID NO:14075
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6063	SEQ ID NO:14076
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6064	SEQ ID NO:14077
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6065	SEQ ID NO:14078
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6066	SEQ ID NO:14079
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6067	SEQ ID NO:14080
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6068	SEQ ID NO:14081
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6069	SEQ ID NO:14082
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6070	SEQ ID NO:14083
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6071	SEQ ID NO:14084
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6072	SEQ ID NO:14085
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6073	SEQ ID NO:14086
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6074	SEQ ID NO:14087
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6075	SEQ ID NO:14088
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6076	SEQ ID NO:14089
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6077	SEQ ID NO:14090
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6078	SEQ ID NO:14091
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6079	SEQ ID NO:14092
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6080	SEQ ID NO:14093
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6081	SEQ ID NO:14094
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6082	SEQ ID NO:14095
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6083	SEQ ID NO:14096
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6084	SEQ ID NO:14097
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6085	SEQ ID NO:14098
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6086	SEQ ID NO:14099
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6087	SEQ ID NO:14100
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6088	SEQ ID NO:14101
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6089	SEQ ID NO:14102
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6090	SEQ ID NO:14103
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6091	SEQ ID NO:14104
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6092	SEQ ID NO:14105
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6093	SEQ ID NO:14106
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6094	SEQ ID NO:14107
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6095	SEQ ID NO:14108
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6096	SEQ ID NO:14109
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6097	SEQ ID NO:14110
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6098	SEQ ID NO:14111
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6099	SEQ ID NO:14112
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6100	SEQ ID NO:14113
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6101	SEQ ID NO:14114
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6102	SEQ ID NO:14115
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6103	SEQ ID NO:14116
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6104	SEQ ID NO:14117
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6105	SEQ ID NO:14118
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6106	SEQ ID NO:14119
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6107	SEQ ID NO:14120
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6108	SEQ ID NO:14121
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6109	SEQ ID NO:14122
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6110	SEQ ID NO:14123
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6111	SEQ ID NO:14124
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6112	SEQ ID NO:14125
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6113	SEQ ID NO:14126
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6114	SEQ ID NO:14127
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6115	SEQ ID NO:14128
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6116	SEQ ID NO:14129
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6117	SEQ ID NO:14130
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6118	SEQ ID NO:14131
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6119	SEQ ID NO:14132
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS
			SEQ ID NO:6120	SEQ ID NO:14133
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6121	SEQ ID NO:14134
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO:6122	SEQ ID NO:14135
		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6123	SEQ ID NO:14136
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS

【図４９－５７９】

FIGURE 49

iPS:435183	21-225_93E9	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGGACCAACTACAACC C	GACTACGGTGGGGCTTGACTA C
			SEQ ID NO:6043	SEQ ID NO:14055	SEQ ID NO:22067
		AA	GCYWS	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDY
			SEQ ID NO:6044	SEQ ID NO:14056	SEQ ID NO:22068
iPS:435195	21-225_94D3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATTATAGTGG AAGAACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:6045	SEQ ID NO:14057	SEQ ID NO:22069
		AA	GCYWS	EINYSGRTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:6046	SEQ ID NO:14058	SEQ ID NO:22070
iPS:435197	21-225_94F3	NA	AACGATATCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAAATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:6047	SEQ ID NO:14059	SEQ ID NO:22071
		AA	NDIMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EKYSSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:6048	SEQ ID NO:14060	SEQ ID NO:22072
iPS:435203	21-225_75A7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGAC	TCCAGTGGCTGGCACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6049	SEQ ID NO:14061	SEQ ID NO:22073
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQD	SSGWHWFDP
			SEQ ID NO:6050	SEQ ID NO:14062	SEQ ID NO:22074

【図４９－５８０】

FIGURE 49

iPS:435209	21-225_75A10	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGAC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT CGACTAC
			SEQ ID NO:6051	SEQ ID NO:14063	SEQ ID NO:22075
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:6052	SEQ ID NO:14064	SEQ ID NO:22076
iPS:435211	21-225_94E11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGAC	TCCAGTGGCTGGAAGTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6053	SEQ ID NO:14065	SEQ ID NO:22077
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWKWFDP
			SEQ ID NO:6054	SEQ ID NO:14066	SEQ ID NO:22078
iPS:435215	21-225_94E12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGAC	ACCAGTGGCTGGAAGTTCTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6055	SEQ ID NO:14067	SEQ ID NO:22079
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	TSGWKFFDY
			SEQ ID NO:6056	SEQ ID NO:14068	SEQ ID NO:22080
iPS:435217	21-225_94F12	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:6057	SEQ ID NO:14069	SEQ ID NO:22081
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:6058	SEQ ID NO:14070	SEQ ID NO:22082
iPS:435219	21-225_95D2	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
				CGTCCCTCAAGAGT	

【図４９－５８１】

FIGURE 49

21-225_95D2			SEQ ID NO:6059	SEQ ID NO:14071	SEQ ID NO:22083
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
iPS:435221	21-225_95G2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGCAATATAGTGGGAGC TACTTACTTTGAGTCC
			SEQ ID NO:6061	SEQ ID NO:14073	SEQ ID NO:22085
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRNVGATYFES
			SEQ ID NO:6062	SEQ ID NO:14074	SEQ ID NO:22086
iPS:435227	21-225_95G4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGAACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6063	SEQ ID NO:14075	SEQ ID NO:22087
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWNWFDP
			SEQ ID NO:6064	SEQ ID NO:14076	SEQ ID NO:22088
iPS:435235	21-225_95F9	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC C	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:6065	SEQ ID NO:14077	SEQ ID NO:22089
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:6066	SEQ ID NO:14078	SEQ ID NO:22090
iPS:435237	21-225_95G9	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:6067	SEQ ID NO:14079	SEQ ID NO:22091
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:6068	SEQ ID NO:14080	SEQ ID NO:22092

【図４９－５８２】

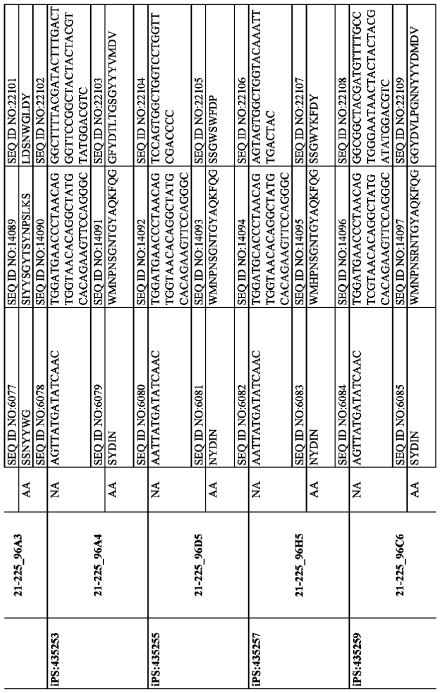
FIGURE 49

iPS:435239	21-225_95H10	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:6069	SEQ ID NO:14081	SEQ ID NO:22093
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:6070	SEQ ID NO:14082	SEQ ID NO:22094
iPS:435245	21-225_95E12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6071	SEQ ID NO:14083	SEQ ID NO:22095
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:6072	SEQ ID NO:14084	SEQ ID NO:22096
iPS:435247	21-225_96G1	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAA TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6073	SEQ ID NO:14085	SEQ ID NO:22097
		AA	NYDIN	WMHPNNGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:6074	SEQ ID NO:14086	SEQ ID NO:22098
iPS:435249	21-225_96E2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAATAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6075	SEQ ID NO:14087	SEQ ID NO:22099
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:6076	SEQ ID NO:14088	SEQ ID NO:22100
iPS:435251	21-225_96A3	NA	AGTAGTAATTACTACTGGGG	AGTATCTATTATAGTGGA TACACCTCCTACAACCCG TCCCTCAAGAGT	CTTGACTCTAACTGGGGTCT TGACTAC

【図４９－５８３】

641/4125

FIGURE 49

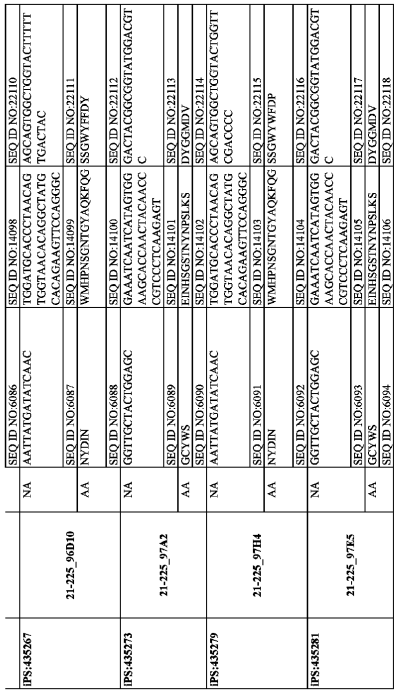


iPS:435291	21-225_146E1	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGTTTAGTGGGAGCTAC CGCTGATGCTTTGATATC		
			SEQ ID NO:6095	SEQ ID NO:14107	SEQ ID NO:22119		
		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DRLVGATDAFDI		
			SEQ ID NO:6096	SEQ ID NO:14108	SEQ ID NO:22120		
iPS:435293	21-225_146F1	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG GAGTACCTCCTACAACC CGTCCCTCCAAGAGT	AGTATATATTATAGTGG GAGTACCTCCTACAACC GACTAC	CTTGATCTCCTGTGGAGTTTT GACTAC		
			SEQ ID NO:6097	SEQ ID NO:14109	SEQ ID NO:22121		
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSTSYNPSLKS	LDLLWSFDY		
			SEQ ID NO:6098	SEQ ID NO:14110	SEQ ID NO:22122		
iPS:435295	21-225_146H1	NA	AGCTATCCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGTGACGGACTATACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC		
			SEQ ID NO:6099	SEQ ID NO:14111	SEQ ID NO:22123		
		AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP		
iPS:435297	21-225_146I3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	ATGGGTATAGAAGTGGCTGT GGACTACTACTACGGTATGG ACGTC		
			SEQ ID NO:6101	SEQ ID NO:14113	SEQ ID NO:22125		
		AA	SYGMH	VIWYDGSYKYYADSVKG	MGIEVAVDYYYYGMDV		
iPS:435299	21-225_146D4	NA	AATTTATGATATCAAC	TGGGTGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:6103	SEQ ID NO:14115	SEQ ID NO:22127		

【図４９－５８４】

642/4125

FIGURE 49

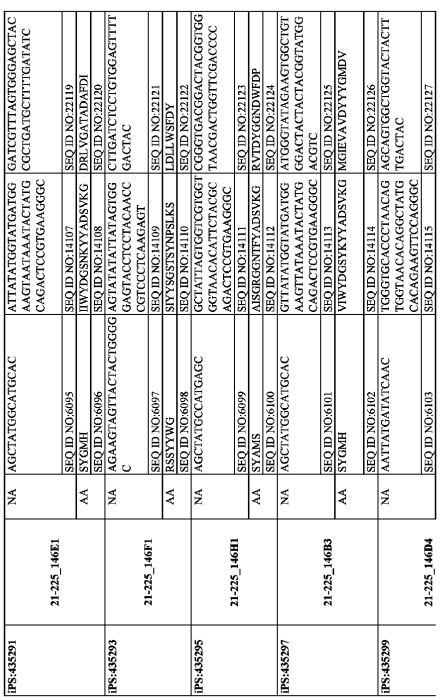


	21-225_96A3	AA	SEQ ID NO:6077	SEQ ID NO:14089	SEQ ID NO:22101		
			SSNYYWG	SIYYSGTTSTNPSLKS	LDSNWGLDY		
iPS:435253	21-225_96A4	NA	SEQ ID NO:6078	SEQ ID NO:14090	SEQ ID NO:22102		
			AGTTATATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGCTTTTACGATACTTTGACT GGTTCCGGCTACTACTACGT TATGGACGTC		
		AA	SYDIN	WMWPNSGNTGYAQKFQG	GFVDTLTGSGVYYYVMDV		
			SEQ ID NO:6080	SEQ ID NO:14092	SEQ ID NO:22104		
iPS:435255	21-225_96D5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGTCCTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:6081	SEQ ID NO:14093	SEQ ID NO:22105		
		AA	NYDIN	WMWPNSGNTGYAQKFQG	SSGWSWFDP		
			SEQ ID NO:6082	SEQ ID NO:14094	SEQ ID NO:22106		
iPS:435257	21-225_96H5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACGTTTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:6083	SEQ ID NO:14095	SEQ ID NO:22107		
		AA	NYDIN	WMWPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYKFDY		
			SEQ ID NO:6084	SEQ ID NO:14096	SEQ ID NO:22108		
iPS:435259	21-225_96C6	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGCGGCTACGATGTTTTGCC TGGGAATAACTACTACTACG ATATGGACGTC		
			SEQ ID NO:6085	SEQ ID NO:14097	SEQ ID NO:22109		
		AA	SYDIN	WMWPNSRNTGYAQKFQG	GGYDVLFGNNYYYDMDV		

【図４９－５８５】

643/4125

FIGURE 49

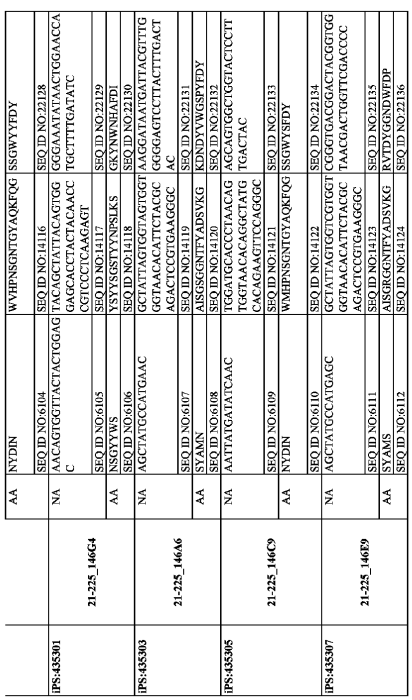


	21-225_146G4	AA	NYDIN	WVHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY		
			SEQ ID NO:6104	SEQ ID NO:14116	SEQ ID NO:22128		
iPS:435301		NA	AACAGTGGTTACTACTGGAG C	TACAGCTATTACAGTGG GAGCACCTACACAACC CGTCCCTCCAAGAGT	GGGAAATATAACTGGAACCA TGCTTTTGATATC		
			SEQ ID NO:6105	SEQ ID NO:14117	SEQ ID NO:22129		
		AA	NSGYYWS	YSYYSGSTYYNPSLKS	GKYNWNHADFDI		
			SEQ ID NO:6106	SEQ ID NO:14118	SEQ ID NO:22130		
iPS:435303	21-225_146A6	NA	AGCTATGCCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AAGGATAATGATTACGTTTG GGGGAGTCCTTACTTTGACT AC		
			SEQ ID NO:6107	SEQ ID NO:14119	SEQ ID NO:22131		
		AA	SYAMN	AISGSGGNTFYADSVKG	KDNDYVWGSPYFDY		
			SEQ ID NO:6108	SEQ ID NO:14120	SEQ ID NO:22132		
iPS:435305	21-225_146C9	NA	AATTTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTCCTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:6109	SEQ ID NO:14121	SEQ ID NO:22133		
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYSFDY		
			SEQ ID NO:6110	SEQ ID NO:14122	SEQ ID NO:22134		
iPS:435307	21-225_146E9	NA	AGCTATCCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC		
			SEQ ID NO:6111	SEQ ID NO:14123	SEQ ID NO:22135		
		AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP		
			SEQ ID NO:6112	SEQ ID NO:14124	SEQ ID NO:22136		

【図４９－５８６】

644/4125

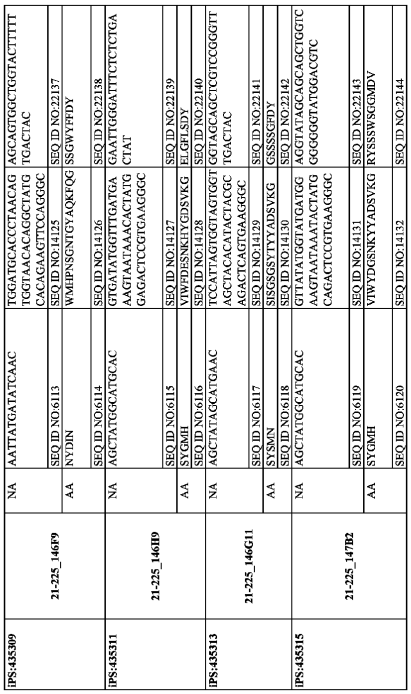
FIGURE 49



	21-225_96D10	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TCGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT TGACTAC		
			SEQ ID NO:6087	SEQ ID NO:14099	SEQ ID NO:22111		
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY		
			SEQ ID NO:6088	SEQ ID NO:14100	SEQ ID NO:22112		
iPS:435273	21-225_97A2	NA	GGTTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGTG AAGCACCACACTACACCC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGGTATGGACGT C		
			SEQ ID NO:6089	SEQ ID NO:14101	SEQ ID NO:22113		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:6090	SEQ ID NO:14102	SEQ ID NO:22114		
iPS:435279	21-225_97H4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC		
			SEQ ID NO:6091	SEQ ID NO:14103	SEQ ID NO:22115		
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP		
			SEQ ID NO:6092	SEQ ID NO:14104	SEQ ID NO:22116		
iPS:435281	21-225_97K5	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCACACTACACCC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C		
			SEQ ID NO:6093	SEQ ID NO:14105	SEQ ID NO:22117		
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV		
			SEQ ID NO:6094	SEQ ID NO:14106	SEQ ID NO:22118		

【図４９－５８７】

FIGURE 49



iPS:435309	21-225_146H9		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT
					TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC
					CACAGGAAGTTCCAGGGC	
			AA	NYDIN	WMEPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
			NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC
					AAGTAATAAATACTATG	GGGGGGTATGGACGTC
					CAGACTCCGTGAAGGGC	
			AA	SYGMH	VIWPDESNKHYGDSVKG	FLGFLSDY
					SEQ ID NO:6115	SEQ ID NO:22139
iPS:435313	21-225_146G11		NA	AGCTATGGCATGAAC	TCCATTATGGTAGTGGT	GGTAGCAGCTCGTCCGGGTT
					AGCTACACATACTACGC	TGACTAC
					AGACTCAGTGAAGGGC	
			AA	SYSMN	SISGSGSYTYYADSVKG	GSSSSGFDY
					SEQ ID NO:6118	SEQ ID NO:22142
iPS:435315	21-225_147B2		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	AGGTATAGCAGCAGCTGGTC
					AAGTAATAAATACTATG	GGGGGGTATGGACGTC
					CAGACTCCGTGAAGGGC	
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGMDV
					SEQ ID NO:6120	SEQ ID NO:22144

【図４９－５８８】

FIGURE 49

iPS:435317	21-225_147D2		NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA	TTCATCTATTACACTGGG	GGGGGAGCTTACTACTCCTA
				C	AGCACCTACTACAACCC	CTACGGTATGGACGTC
					GTCCCTTCAAGAAGT	
			AA	SGIDYYWN	FIYYTGSTYYNPSLKS	GGAYYSYYGMDV
					SEQ ID NO:6122	SEQ ID NO:22146
iPS:435319	21-225_147E3		NA	AATAGTGGTTACTACTATAG	TACATCTATTACAGTGGG	GGGGGATATAACTGGAAACCA
				C	GGCACCTACTACAACCC	TGCTTTTCGATTTC
					GTCCCTCAAGAAGT	
			AA	NSGYYYS	YIYYSGSTYYNPSLKS	GGYNWNHAFDF
					SEQ ID NO:6124	SEQ ID NO:22148
iPS:435321	21-225_147E4		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT
					TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC	
			AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
					SEQ ID NO:6126	SEQ ID NO:22150
iPS:435323	21-225_147D5		NA	AATTATGATATCAAC	TGGGTGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTACTT
					TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC	
			AA	NYDIN	WVHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
					SEQ ID NO:6128	SEQ ID NO:22152
iPS:435325	21-225_147H5		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GAGGAGGTATACGCAGCTGGCTG
					AAGTAATAAATACTATG	GTACGACTACGGTTTGGACG
					CAGACTCCGTGAAGGGC	TC
					SEQ ID NO:6129	SEQ ID NO:22153

【図４９－５８９】

FIGURE 49

iPS:435327	21-225_147C6		AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGLDV
					SEQ ID NO:6130	SEQ ID NO:22154
			NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT
					TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC
					CACAGAAGTTCCAGGGC	
					SEQ ID NO:6131	SEQ ID NO:22155
			AA	NYDIN	WMEPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
					SEQ ID NO:6132	SEQ ID NO:22156
iPS:435329	21-225_147A8		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	AGGTATAGCAGCAGCTGGAC
					AAGTAATAAATACTATG	GGGGGGTATGGACGTC
					CAGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6133	SEQ ID NO:22157
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWTGGMDV
					SEQ ID NO:6134	SEQ ID NO:22158
iPS:435331	21-225_147C8		NA	GCTTACTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGTGTTTTTGACTA
					AAGTACCAACTACAAAC	C
					CGTCCCTCAAGAGT	
					SEQ ID NO:6135	SEQ ID NO:22159
			AA	AYYWS	EINHSGSTNYKPSLKS	DYGVFDY
					SEQ ID NO:6136	SEQ ID NO:22160
iPS:435333	21-225_147E9		NA	AGCTATGAGCATGAAC	TCCATTATGGTAGAAA	GATCGGGGCAGTTGC
					CACTACCATATACTATGC	
					AGACTCTGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6137	SEQ ID NO:22161
			AA	SYSMN	SISGRNTTIYYADSVKG	DRGSC
					SEQ ID NO:6138	SEQ ID NO:22162

【図４９－５９０】

FIGURE 49

iPS:435335	21-225_147D10		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT	AAGGATTATGATTACGTTTG
					GGTAACACATCTACGC	GGGGAGTCCTTACTTTGACT
					AGACTCCGTGAAGGGC	AC
					SEQ ID NO:6139	SEQ ID NO:22163
			AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY
					SEQ ID NO:6140	SEQ ID NO:22164
iPS:435339	21-225_147D12		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT	AAGGATTATGATTACGTTTG
					GGTAACACATCTACGC	GGGGAGTCCTTACTTTGACT
					AGACTCCGTGAAGGGC	AC
					SEQ ID NO:6141	SEQ ID NO:22165
			AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY
					SEQ ID NO:6142	SEQ ID NO:22166
iPS:435341	21-225_148B2		NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATCTGGTATGATGGA	GATCATTTCGATTTTTGGAGT
					AGTTATAAATACTATGC	GGTCACTTTGACTAC
					AGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6143	SEQ ID NO:22167
			AA	SYGMH	IIWYDGSYKYYADSVKG	DHFDFWSGHFDY
					SEQ ID NO:6144	SEQ ID NO:22168
iPS:435343	21-225_148E2		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT	AAGGATTATGATTACGTTTG
					GGTAACACATCTACGC	GGGGAGTCCTTACTTTGACT
					AGACTCCGTGAAGGGC	AC
					SEQ ID NO:6145	SEQ ID NO:22169
			AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY
					SEQ ID NO:6146	SEQ ID NO:22170
iPS:435345	21-225_148G3		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT
					TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC	
					SEQ ID NO:6147	SEQ ID NO:22171
			AA	NYDIN	WMEPNSGNTGYAQNFQG	SSGWYFFDY

【図４９－５９１】

FIGURE 49

iPS:435347	21-225_148C4		NA	SEQ ID NO:6148	SEQ ID NO:22172
				AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTCAGTGGTT CGGGTGACGGACTACGGTGG
					GGTAACACATTCTACGC TAACGACTGGTTCGACCCC
					ACGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6149	SEQ ID NO:14161	SEQ ID NO:22173
		AA	SYAMN	AHSGSGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
			SEQ ID NO:6150	SEQ ID NO:14162	SEQ ID NO:22174
iPS:435349		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AGGTATAGCAGCAGCTGGTC
				AAGTAATAAATACTATG GGGGGGTATGGACGTC
				CAGACTCCGTGAAGGGC	
	21-225_148F5			SEQ ID NO:6151	SEQ ID NO:14163	SEQ ID NO:22175
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
					SEQ ID NO:6152	SEQ ID NO:14164	SEQ ID NO:22176
iPS:435351		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCCACCCTAACAA GATCCTGTAGTAGTACCAGC
				TGGTGGCACAAACTATG TGCCCCCTTTGACTAC
	21-225_148B6			CACAGACGTTTCAGGGC	
				SEQ ID NO:6153	SEQ ID NO:14165	SEQ ID NO:22177
		AA	GYYMH	WIHPNNGGTNYAQTFQG	DPVVVPAAPFDY
				SEQ ID NO:6154	SEQ ID NO:14166	SEQ ID NO:22178
iPS:435353		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTCTT
				TGGTAACACAGGCTATG TGACTAC
	21-225_148F8			CACAGAAGTTCCAGGGC	
				SEQ ID NO:6155	SEQ ID NO:14167	SEQ ID NO:22179
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
					SEQ ID NO:6156	SEQ ID NO:14168	SEQ ID NO:22180

【図４９－５９２】

FIGURE 49

iPS:435355	21-225_148H9		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT CGGGTGACGGACTACGGTGG
					GGTAACACATTCTACGC TAACGACTGGTTCGACCCC
					AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6157	SEQ ID NO:14169	SEQ ID NO:22181
		AA	SYAMS	AISGRGGNTYYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
			SEQ ID NO:6158	SEQ ID NO:14170	SEQ ID NO:22182
iPS:435357	21-225_148G10		NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG GATCGTTACGATTTTTGGAG
					AAGTAATAAATACTATG TGGTCACTTTGACTAC
					CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6159	SEQ ID NO:14171	SEQ ID NO:22183
		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DRYDFWSGHFDY
			SEQ ID NO:6160	SEQ ID NO:14172	SEQ ID NO:22184
iPS:435359	21-225_148H10		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AGGTATAGCAGCAGCTGGTC
					AAGTAATAAATACTATG GGGGGGTATGGACGTC
					GAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6161	SEQ ID NO:14173	SEQ ID NO:22185
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYGDSVKG	RYSSSWSGGMDV
					SEQ ID NO:6162	SEQ ID NO:14174	SEQ ID NO:22186
iPS:435361	21-225_148E11		NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG	AGTATCTATTATAGTGGG CTTGATCCCCAGTGGAGTTT
					C AGCACCTCCTACAACCC TGACTAC
					GTCCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6163	SEQ ID NO:14175	SEQ ID NO:22187
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSTSYNPSLKS	LDPQWSFDY
			SEQ ID NO:6164	SEQ ID NO:14176	SEQ ID NO:22188
iPS:435363	21-225_148F12		NA	AATGGTTGGTTACTACTGGAA	TACATCTATTACAGTGGG TACAGTACCTACGACTACTA
				C	AGCACCTACTACAACCC CTACGGTATGGACGTC
					GTCCCTCAAGAGT

【図４９－５９３】

FIGURE 49

iPS:435365	21-225_149F1		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTGTT
					TGGTAACACAGGCTATG TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:6165	SEQ ID NO:14177	SEQ ID NO:22189
		AA	NGGYYWN	YIYYSGSTYYNPSLKS	YSTYDYYYGMDV
			SEQ ID NO:6166	SEQ ID NO:14178	SEQ ID NO:22190
		NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATCTGGTATGATGGA GATCATTTCGATTTTGGAGT
				AGTTATAAATACTATGC GGTCACTTTGACTAC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:6167	SEQ ID NO:14179	SEQ ID NO:22191
		AA	SYGMH	IIWYDGSKYKYYADSVKG	DHFDFWSGHFDY
			SEQ ID NO:6168	SEQ ID NO:14180	SEQ ID NO:22192
iPS:435367	21-225_149G1		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGG GAAATAGGATTCAGTGAGGA
					AAGTAATAAATACTATG CTAC
					CAGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6169	SEQ ID NO:14181	SEQ ID NO:22193
		AA	DYGMH	VIWYEGSNKYYADSVKG	EIGFSEDY
					SEQ ID NO:6170	SEQ ID NO:14182	SEQ ID NO:22194
iPS:435369	21-225_149A2		NA	AATTATGATATCAAC	TGGGTGCACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTACTT
					TGGTAACACAGGCTATG TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:6171	SEQ ID NO:14183	SEQ ID NO:22195
		AA	NYDIN	WVHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
					SEQ ID NO:6172	SEQ ID NO:14184	SEQ ID NO:22196
iPS:435371	21-225_149A3		NA	AACTATGCCATGACC	GCTATTAGTGGTCCGTGGT CGGGTGACGGACTACGGTGG
					GGTAACACATTCTACGC TAACGACTGGTTCGACCCC
					AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6173	SEQ ID NO:14185	SEQ ID NO:22197
		AA	NYAMT	AISGRGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
			SEQ ID NO:6174	SEQ ID NO:14186	SEQ ID NO:22198

【図４９－５９４】

FIGURE 49

iPS:435373	21-225_149E3		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTGTT
					TGGTAACACAGGCTATG TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:6175	SEQ ID NO:14187	SEQ ID NO:22199
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDY
			SEQ ID NO:6176	SEQ ID NO:14188	SEQ ID NO:22200
iPS:435375	21-225_149H4		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTACTT
					TGGTAACACAGACTATG TGACTAC
					CACAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO:6177	SEQ ID NO:14189	SEQ ID NO:22201
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTDYAQKFQG	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:6178	SEQ ID NO:14190	SEQ ID NO:22202
iPS:435377	21-225_149G5		NA	AATGGTTGGTTACTACTGGAA C	TACATCTATTACAGTGGG TACAGTACCTACGACTACTA
					AGCACCTACTACAACCC CTACGGTATGGACGTC
					GTCCCTCAAGAGT
			SEQ ID NO:6179	SEQ ID NO:14191	SEQ ID NO:22203
		AA	NGGYYWN	YIYYSGSTYYNPSLKS	YSTYDYYYGMDV
			SEQ ID NO:6180	SEQ ID NO:14192	SEQ ID NO:22204
iPS:435379	21-225_149B6		NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT CTACAACTCCGGAAGATGTTTTT
					GGTAGCACATTCTACGC TGATATC
					AGACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO:6181	SEQ ID NO:14193	SEQ ID NO:22205
		AA	SYAMS	VISGSGGSTFYADSVKG	RTPEDVFDI
			SEQ ID NO:6182	SEQ ID NO:14194	SEQ ID NO:22206
iPS:435381	21-225_149C6		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGT AACGGATTATGATACTTTG
					GGTAACACATTCTACGC GCGGGATGTCCTTACTTTGACT
					AGACTCCGTGAAGGGC AC
			SEQ ID NO:6183	SEQ ID NO:14195	SEQ ID NO:22207

【図４９－５９５】

FIGURE 49

iPS:435405	21-225_150B7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT TGACTAC	
		AA	NYDIN	WMEPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFPDY	
iPS:435407	21-225_150E7	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAATAGIGGTTCAGTGAGGA CTAC	
		AA	DYGMH	VIWYEENNKYYADSVKG	EIGFSEDY	
iPS:435409	21-225_150C8	NA	ACCTATAGCATGACT	TACATTAGTAAGGAGTAG TAGTACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	TCGGCATTTAGCCCTTTTGAT TAC	
		AA	TYSMT	YISRSSSTIYYADSVKG	SAFSPFDY	
iPS:435413	21-225_150B11	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGTTACCATTTTTGGAG TGGTCACTTTGACTAC	
		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DRYDFWSGHFDY	

【図４９－５９６】

FIGURE 49

iPS:435383	21-225_149D7	NA	AACAGTGGTTACTACTGGAG C	SYAMS	AISGSGGNTTYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY
				SEQ ID NO:6184	SEQ ID NO:14196	SEQ ID NO:22208
		AA	NSGYYWS	YSYYSGSTYYNPSLKS	GGYNWNHAFDI	
iPS:435391	21-225_149F8	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT AC	AAGGATTATGATTACGTTTG GCGGAGTCCTTACTTTGACT	
				SEQ ID NO:6186	SEQ ID NO:14198	SEQ ID NO:22210
		AA	SYAMS	AISGRGGNTTFYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY	
iPS:435393	21-225_149D10	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGA AAGTAATAAGTACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:6187	SEQ ID NO:14199	SEQ ID NO:22211
		AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EIGFSEDY	
iPS:435395	21-225_149D11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AAGGATTATGATTACGTTTG GCGGAGTCCTTACTTTGACT AC	
				SEQ ID NO:6188	SEQ ID NO:14200	SEQ ID NO:22212
		AA	SYAMS	AISGRGGNTTFYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY	
iPS:435397	21-225_149F12	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAATAGGGTTCAGTGAGGA CTAC	
				SEQ ID NO:6189	SEQ ID NO:14201	SEQ ID NO:22213
		AA	DYGMH	VIWYEENNKYYADSVKG	EIGFSEDY	
iPS:435399	21-225_150D2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:6190	SEQ ID NO:14202	SEQ ID NO:22214
		AA	NYDIN	WMEPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYPDY	
iPS:435401	21-225_150E2	NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAGTATAGCAGCAGCTG GTACGGGTACGGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:6196	SEQ ID NO:14208	SEQ ID NO:22220
		AA	SYYMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EEYSSSWYGYGMDV	
iPS:435403	21-225_150C5	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AAGGATTATGATTACGTTTG GCGGAGTCCTTACTTTGACT AC	
				SEQ ID NO:6197	SEQ ID NO:14209	SEQ ID NO:22221
		AA	SYAMS	AISGSGGNTTYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY	
iPS:435405	21-225_150B7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:6201	SEQ ID NO:14213	SEQ ID NO:22225
		AA	NYDIN	WMEPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFPDY	
				SEQ ID NO:6202	SEQ ID NO:14214	SEQ ID NO:22226
iPS:435407	21-225_150E7	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAATAGIGGTTCAGTGAGGA CTAC	
				SEQ ID NO:6203	SEQ ID NO:14215	SEQ ID NO:22227
		AA	DYGMH	VIWYEENNKYYADSVKG	EIGFSEDY	
iPS:435409	21-225_150C8	NA	ACCTATAGCATGACT	TACATTAGTAAGGAGTAG TAGTACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	TCGGCATTTAGCCCTTTTGAT TAC	
				SEQ ID NO:6204	SEQ ID NO:14216	SEQ ID NO:22228
		AA	TYSMT	YISRSSSTIYYADSVKG	SAFSPFDY	
iPS:435413	21-225_150B11	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGTTACCATTTTTGGAG TGGTCACTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:6205	SEQ ID NO:14217	SEQ ID NO:22229
		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DRYDFWSGHFDY	
				SEQ ID NO:6206	SEQ ID NO:14218	SEQ ID NO:22230
				SEQ ID NO:6207	SEQ ID NO:14219	SEQ ID NO:22231
				SEQ ID NO:6208	SEQ ID NO:14220	SEQ ID NO:22232

【図４９－５９７】

FIGURE 49

【図４９－５９８】

FIGURE 49

iPS:435415	21-225_150C11	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC AG	
				SEQ ID NO:6209	SEQ ID NO:14221	SEQ ID NO:22233
		AA	SYAMN	AISGSGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP	
iPS:435417	21-225_150D11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATTCTATGATGGA AGTAATAAACACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGTTTACGCAGCAGCTGGTC GGGGGGTATGGACGTC	
				SEQ ID NO:6210	SEQ ID NO:14222	SEQ ID NO:22234
		AA	SYGMH	VIFYDGSNKHYADSVKG	RFSSSWSGGMDV	
				SEQ ID NO:6211	SEQ ID NO:14223	SEQ ID NO:22235
iPS:435419	21-225_150C12	NA	AGCTATGCCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC AG	
				SEQ ID NO:6212	SEQ ID NO:14224	SEQ ID NO:22236
		AA	SFSMN	SISSSSYIYYADSVKG	DTPLVY	
				SEQ ID NO:6213	SEQ ID NO:14225	SEQ ID NO:22237
iPS:435421	21-225_151F1	NA	AGCTTTAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT TATTACATATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	GATACACCACTGGTTTAC	
		AA	SYAMS	AISRGRGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP	
				SEQ ID NO:6214	SEQ ID NO:14226	SEQ ID NO:22238
				SEQ ID NO:6215	SEQ ID NO:14227	SEQ ID NO:22239
		AA	SFSMN	SISSSSYIYYADSVKG	DTPLVY	
				SEQ ID NO:6216	SEQ ID NO:14228	SEQ ID NO:22240
iPS:435423	21-225_151G5	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGATACCATTTTTGGAG TGGTCACTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:6217	SEQ ID NO:14229	SEQ ID NO:22241

【図４９－５９９】

FIGURE 49

		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DRYDFWSGHFDY
iPS:435425	21-225_151B12	NA	SEQ ID NO:6218	SEQ ID NO:14230	SEQ ID NO:22242
			AGCTATGGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTAGTGGTT AAAAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:6219	SEQ ID NO:14231	SEQ ID NO:22243
		AA	SYAMN	AISGSGKNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
			SEQ ID NO:6220	SEQ ID NO:14232	SEQ ID NO:22244
iPS:435427	21-225_151C9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGTATTACTATGGTTCGG GGAGCTAGAAGATGACTGGT TCGACCCC
			SEQ ID NO:6221	SEQ ID NO:14233	SEQ ID NO:22245
		AA	SYGMH	VISYDGSNKYYADSVKG	GVLLWFGELEDDWFDP
			SEQ ID NO:6222	SEQ ID NO:14234	SEQ ID NO:22246
iPS:435429	21-225_151A10	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCATTACGATTTTTGGAG TGGTCACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6223	SEQ ID NO:14235	SEQ ID NO:22247
		AA	NYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DHYDFWSGHFDY
			SEQ ID NO:6224	SEQ ID NO:14236	SEQ ID NO:22248
iPS:435431	21-225_152D2	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGCTGTGGT CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC	CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:6225	SEQ ID NO:14237	SEQ ID NO:22249
		AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
			SEQ ID NO:6226	SEQ ID NO:14238	SEQ ID NO:22250

【図４９－６００】

FIGURE 49

iPS:435433	21-225_152E3	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTTACTTTTT TGACTAC
			SEQ ID NO:6227	SEQ ID NO:14239	SEQ ID NO:22251
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
			SEQ ID NO:6228	SEQ ID NO:14240	SEQ ID NO:22252
iPS:435435	21-225_152H3	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTTACTGGTT TGACTAC
			SEQ ID NO:6229	SEQ ID NO:14241	SEQ ID NO:22253
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDY
			SEQ ID NO:6230	SEQ ID NO:14242	SEQ ID NO:22254
iPS:435437	21-225_152F4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6231	SEQ ID NO:14243	SEQ ID NO:22255
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:6232	SEQ ID NO:14244	SEQ ID NO:22256
iPS:435439	21-225_152G4	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:6233	SEQ ID NO:14245	SEQ ID NO:22257
		AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
			SEQ ID NO:6234	SEQ ID NO:14246	SEQ ID NO:22258
iPS:435441	21-225_152F6	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGGGTACGATTTTTGGAG TGGTTACCTTGGCTAC

【図４９－６０１】

FIGURE 49

	21-225_152F6	AA	SYGMH	IIWYDGSTKYYADSVKG	EGYDFWSGYLGY
iPS:435443	21-225_152E7	NA	AACAGTGGTTACTACTGGAG C	TACAGTTATTACAGTGG CGAGCACCTACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGGATATAACTGGAACCA TGCTTTTGATATC
			SEQ ID NO:6237	SEQ ID NO:14249	SEQ ID NO:22261
		AA	NSGYYWS	YSYYSGSTYYNPSLKS	GGYNWNHAFDI
			SEQ ID NO:6238	SEQ ID NO:14250	SEQ ID NO:22262
iPS:435445	21-225_152F7	NA	AGCTATATCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC TC	GAGGAGTATAGCAGCAGCTG GTACGGGTACGGTATGGACG
			SEQ ID NO:6239	SEQ ID NO:14251	SEQ ID NO:22263
		AA	SYIMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EEYSSSWYGYGMDV
			SEQ ID NO:6240	SEQ ID NO:14252	SEQ ID NO:22264
iPS:435447	21-225_152H7	NA	AGCTATGCCCATGAAC	GCTATTAGTGGTACTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AAGGGATAATGATTACGTTTG GGGGAGTCCTTACTTTGACT AC
			SEQ ID NO:6241	SEQ ID NO:14253	SEQ ID NO:22265
		AA	SYAMN	AISGSGGNTFYADSVKG	KDNDYYWGSPYFDY
			SEQ ID NO:6242	SEQ ID NO:14254	SEQ ID NO:22266
iPS:435449	21-225_152H9	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATGGTGGG AGCGCCTCCTACAACCC GTCCCCTCAAGAGT	CTTGATCTCCAGTGGAGTTTT GACTTC
			SEQ ID NO:6243	SEQ ID NO:14255	SEQ ID NO:22267
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSSASYNPSLKS	LDLQWSFDF
			SEQ ID NO:6244	SEQ ID NO:14256	SEQ ID NO:22268

【図４９－６０２】

FIGURE 49

iPS:435451	21-225_152D10	NA	AATTACTACTGGAGC	CGTATCGATACCATGTGG GATCACCAACTACAACC CTCCCTCAAGAGT	GAGGGGGGATTGGGAGCTAC CTTCTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6245	SEQ ID NO:14257	SEQ ID NO:22269
		AA	NYYWS	RIDYSGITNYNPSLKS	EGGLGATFFDY
			SEQ ID NO:6246	SEQ ID NO:14258	SEQ ID NO:22270
iPS:435453	21-225_152G10	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AAGGATTATGATTACGTTTG GGGGAGTCCTTACTTTGACT AC
			SEQ ID NO:6247	SEQ ID NO:14259	SEQ ID NO:22271
		AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	KDYDYYWGSPYFDY
			SEQ ID NO:6248	SEQ ID NO:14260	SEQ ID NO:22272
iPS:435455	21-225_152B11	NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:6249	SEQ ID NO:14261	SEQ ID NO:22273
		AA	SYAMN	AISGRGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
			SEQ ID NO:6250	SEQ ID NO:14262	SEQ ID NO:22274
iPS:435457	21-225_152C11	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGCTTACGATTTTTGGAG TGGTTATTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6251	SEQ ID NO:14263	SEQ ID NO:22275
		AA	NYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	EAYDFWSGYFDY
			SEQ ID NO:6252	SEQ ID NO:14264	SEQ ID NO:22276
iPS:435459	21-225_152E12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
			SEQ ID NO:6253	SEQ ID NO:14265	SEQ ID NO:22277

【図４９－６０３】

FIGURE 49

		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
iPS:435461	21-225_153A1	NA	AGCTATGTCATGAGT	GCTATTAGTGGAAGTGG TGATAGAACATACTACTG CAGACTCCGTGAAGGGC	ACGGCGACTAAGGACTAC
		AA	SYVMS	AISGSGDRTYYADSVKG	TATKDY
iPS:435463	21-225_153D2	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGGGTACGATTTTTGGAG TGGTTACCTTGGCTAC
		AA	SYGMH	IIWYDGSYKYYADSVKG	EGYDFWSGYLGY
iPS:435465	21-225_153A6	NA	AACAGTGGTTACTACTGGAG C	TACAGCTATTACAGTGG GAGCACCTACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGGATATAACTGGAACCA TGCTTTTCGATATC
		AA	NSGYYWS	YSYYSGSTYYNPSLKS	GGYNWNHATDI
iPS:435467	21-225_153B9	NA	AGTTACTACTGGAGC	CGTATCGATACCAGTGG GATCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GAGGGGGGAGTGGGAGCTA CGTACTTTGACTAC
		AA	SYYWS	RIDTSGTTNYNPSLKS	EGGVGATYFDY

【図４９－６０４】

FIGURE 49

		AA	AGCTATGGCATGCAC	CTTATATTCTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGCTATAGCCGCAGCTGGGC CGGGGGTATGGACGTC
iPS:435469	21-225_153G9	NA			
		AA	SYGMH	LIFYDGSNKYYADSVKG	RYSRSWAGGMDV
iPS:435471	21-225_153F11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTCTT TGACAAC
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDN
iPS:435475	21-225_154H6	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACATCTT TGACTAC
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYIFDY
iPS:435479	21-225_154I9	NA	AGCTATGGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGT AGCACAACTATCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGGGATTTCGATTTTTGGA GTGGTTACCTTGGCTTTGACT AC
		AA	AISQRGDVTFYADSVKG	RGFWRFLEWLGGFDY	
iPS:435481		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT CGACTAC

【図４９－６０５】

FIGURE 49

	21-225_154A11		SEQ ID NO:6271	SEQ ID NO:14283	SEQ ID NO:22295
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
iPS:435483	21-225_155A4	NA	AGCTATGTCCCATGAGC	SEQ ID NO:14284	SEQ ID NO:22296
			GCTATTAGTTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AAGGATTATGATTACGTTTTG GGTACTTTGACTAC	
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:14285	SEQ ID NO:22297
iPS:435485	21-225_155B4	NA	AGCTATGCCCATGAGC	AISGSGGNTFYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY
			GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:14286	SEQ ID NO:22298
		AA	SYAMS	AAGGATTATGATTACGTTTTG GGCGCAGTCCTTACTTTGACT AC	
				SEQ ID NO:14287	SEQ ID NO:22299
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	KDYDYVWGSPYFDY
iPS:435487	21-225_155C4	NA	AGCTATGCCCATGAGC	SEQ ID NO:14288	SEQ ID NO:22300
			GCTATTAGTGGTCGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACGACTGGTTCGACCCC	
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:14289	SEQ ID NO:22301
iPS:435489	21-225_155A5	NA	AGCTATGGCATGCAC	AISRGRGGNTFYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
			ATTATATGGTATGATGG AAGTAGTAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:14290	SEQ ID NO:22302
		AA	NYDIN	GATCGATACGATTTTTGGAG TGGTCACTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:14291	SEQ ID NO:22303
		AA	SYGMH	IIWYDGSSKYYADSVKG	DRYDFWSGHFDY
			SEQ ID NO:6280	SEQ ID NO:14292	SEQ ID NO:22304

【図４９－６０６】

FIGURE 49

iPS:435491	21-225_155I5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAGTACAGGCTATG CACAGAGGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTATTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:14293	SEQ ID NO:22305
			WAMIPNSGSTGYAQRFQG	SSGWYYFDY	
iPS:435495	21-225_155I6	NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:14294	SEQ ID NO:22306
			TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:14295	SEQ ID NO:22307
			WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
iPS:435497	21-225_155I9	NA	AGCTATGCCCATGAAC	SEQ ID NO:14296	SEQ ID NO:22308
			ACTATTGATGGTAGAGG TCTTGGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GACCATGACTACGGTGACTA CAATATCTACTTTGACTAC	
		AA	SYAMN	SEQ ID NO:14297	SEQ ID NO:22309
iPS:435499	21-225_156G1	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	TISGRGLGTYYADSVKG	DHDYGDYNYFDY
			AGTATCTATTATAGTGGG GTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:14298	SEQ ID NO:22310
		AA	SYAMN	SEQ ID NO:14299	SEQ ID NO:22311
iPS:435501	21-225_156H1	NA	AATTATGATATCAAC	SYYSGSSAYNPSLKS	LDLOWSFDF
			TGGTGTCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	SEQ ID NO:14300	SEQ ID NO:22312
		AA	NYDIN	ACGACGTTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:14301	SEQ ID NO:22313

【図４９－６０７】

FIGURE 49

		AA	NYDIN	WVHPNSONTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:6290	SEQ ID NO:14302	SEQ ID NO:22314
iPS:435503	21-225_156E4	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTCGTGGTT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGTGACGGACTACGGTGG TAACGACTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:6291	SEQ ID NO:14303	SEQ ID NO:22315
		AA	SYAMS	AISGRGGNTPYADSVKG	RVTDYGGNDWFDP
iPS:435505			SEQ ID NO:6292	SEQ ID NO:14304	SEQ ID NO:22316
	21-225_157C1	NA	AGCTATAGAATGAAC	TCCATGAGTAATAGTAG TAGTTCCATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	CAGGCAGCCCAGGACTAC
			SEQ ID NO:6293	SEQ ID NO:14305	SEQ ID NO:22317
		AA	SYRMN	SMSNSSSSIYYADSVKG	QAAQDY
iPS:435509			SEQ ID NO:6294	SEQ ID NO:14306	SEQ ID NO:22318
	21-225_157H1	NA	AGTTATGCCATGAGG	GATATTATGTGGTAGTGG TGGTACCACATACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	ACCTACCTC
			SEQ ID NO:6295	SEQ ID NO:14307	SEQ ID NO:22319
		AA	SYAMR	DISGSGGTTYYADSVKG	TYL
iPS:435511			SEQ ID NO:6296	SEQ ID NO:14308	SEQ ID NO:22320
	21-225_157C3	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA AATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTGGGGTTCCTCTGA CTAT
			SEQ ID NO:6297	SEQ ID NO:14309	SEQ ID NO:22321
		AA	TYGMH	VIWYDVNNKYYADSVKG	ELGFLSDY
			SEQ ID NO:6298	SEQ ID NO:14310	SEQ ID NO:22322

【図４９－６０８】

FIGURE 49

		AA	ACCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGAGCAGTGGCTGGTACGA GGATGCTCTTGATATC
iPS:435513	21-225_157F3		SEQ ID NO:6299	SEQ ID NO:14311	SEQ ID NO:22323
		AA	TYAMS	VISGSGGSTYYADSVKG	RSSGWYFDALDI
iPS:435515			SEQ ID NO:6300	SEQ ID NO:14312	SEQ ID NO:22324
	21-225_157E4	NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GTAGCTACCTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6301	SEQ ID NO:14313	SEQ ID NO:22325
		AA	SYTMN	SISGSSSYIYYADSVKG	VATPDY
iPS:435521			SEQ ID NO:6302	SEQ ID NO:14314	SEQ ID NO:22326
	21-225_157H4	NA	AGTTATAGACATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT ACTTACATATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	GATAGAGGGTCCATC
			SEQ ID NO:6303	SEQ ID NO:14315	SEQ ID NO:22327
		AA	SYSMN	SISSSSTYIYYADSVKG	DRGSI
iPS:435523			SEQ ID NO:6304	SEQ ID NO:14316	SEQ ID NO:22328
	21-225_157G5	NA	AGCTATGTCATGAGC	GCTATGGTGGTAGTGG TGGTAGAACATACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	TATACCTGGGAACGGCTAC
			SEQ ID NO:6305	SEQ ID NO:14317	SEQ ID NO:22329
		AA	SYXMS	AMSGSGGRTYYADSVKG	YYWNGY
iPS:435525			SEQ ID NO:6306	SEQ ID NO:14318	SEQ ID NO:22330
	21-225_157E7	NA	AGTGGTGATTACTACTGGGG	AGTATCTACTATAGTGG GAGCACCTACTACAATC C	CATAAACGTGGCTGGTCCCTT TGACTAC
			SEQ ID NO:6307	SEQ ID NO:14319	SEQ ID NO:22331
		AA	SGSYYWG	SIYYSGSTYYNPSLKS	HEVAGPPDY
			SEQ ID NO:6308	SEQ ID NO:14320	SEQ ID NO:22332

【図４９－６０９】

FIGURE 49

		AA	SYTMN	SISGSSYIYYADSVKG	VAHFDY
			SEQ ID NO:6318	SEQ ID NO:14330	SEQ ID NO:22342
iPS:435537	21-225_158G1	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTGGT AGTTACATAAACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	TCCAAGTTTGACTCC
			SEQ ID NO:6319	SEQ ID NO:14331	SEQ ID NO:22343
		AA	SYSMN	SISGSGSYINYADSVKG	SKFDS
			SEQ ID NO:6320	SEQ ID NO:14332	SEQ ID NO:22344
iPS:435539	21-225_158H1	NA	AGTTATGGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTGGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	AGCAGTGGCTGGTCT
			SEQ ID NO:6321	SEQ ID NO:14333	SEQ ID NO:22345
		AA	SYGMN	SISGSGSYIYYADSVKG	SSGWS
			SEQ ID NO:6322	SEQ ID NO:14334	SEQ ID NO:22346
iPS:435543	21-225_158D4	NA	GACTATGTGATGATGAG	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACCGTATACTAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:6323	SEQ ID NO:14335	SEQ ID NO:22347
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EPYTSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:6324	SEQ ID NO:14336	SEQ ID NO:22348
iPS:435545	21-225_158F4	NA	AGTCACTTCTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GACCACCAACTACACCC CCTCCCTCAAGAGT	TTGAGCAGTGGCTGGTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:6325	SEQ ID NO:14337	SEQ ID NO:22349
		AA	SIHWS	RIYTSGTTNYTPSLKS	LSSGWFDY
			SEQ ID NO:6326	SEQ ID NO:14338	SEQ ID NO:22350

【図４９－６１０】

FIGURE 49

		AA	SYTMN	SISGSSYIYYADSVKG	VAHFDY
			SEQ ID NO:6318	SEQ ID NO:14330	SEQ ID NO:22342
iPS:435537	21-225_157H12	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTGGT AGTTACATAAACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	TCCAAGTTTGACTCC
			SEQ ID NO:6319	SEQ ID NO:14331	SEQ ID NO:22343
		AA	SYSMN	SISGSGSYINYADSVKG	SKFDS
			SEQ ID NO:6320	SEQ ID NO:14332	SEQ ID NO:22344
iPS:435539	21-225_158G1	NA	AGTTATGGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTGGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	AGCAGTGGCTGGTCT
			SEQ ID NO:6321	SEQ ID NO:14333	SEQ ID NO:22345
		AA	SYGMN	SISGSGSYIYYADSVKG	SSGWS
			SEQ ID NO:6322	SEQ ID NO:14334	SEQ ID NO:22346
iPS:435543	21-225_158D4	NA	GACTATGTGATGATGAG	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACCGTATACTAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:6323	SEQ ID NO:14335	SEQ ID NO:22347
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EPYTSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:6324	SEQ ID NO:14336	SEQ ID NO:22348
iPS:435545	21-225_158F4	NA	AGTCACTTCTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GACCACCAACTACACCC CCTCCCTCAAGAGT	TTGAGCAGTGGCTGGTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:6325	SEQ ID NO:14337	SEQ ID NO:22349
		AA	SIHWS	RIYTSGTTNYTPSLKS	LSSGWFDY
			SEQ ID NO:6326	SEQ ID NO:14338	SEQ ID NO:22350

【図４９－６１１】

669/4125

FIGURE 49

iPS:435547	21-225_158F5	NA	AGTTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT ACGTACATATACTACGC	GATCGGGGCAGCAGC	
				SEQ ID NO:6327	AGACTCAGTGAAGGGC SEQ ID NO:14339	SEQ ID NO:22351
		AA	SYSMN	SISGSSTYIYYYADSVKG	DRGSS	
				SEQ ID NO:6328	SEQ ID NO:14340	SEQ ID NO:22352
iPS:435549	21-225_158H5	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATCAGTGGTAGTAGT ACTTACATATACTACGCA	GATCGGGGCAGCAGC	
				SEQ ID NO:6329	GACTCAGTGAAGGGC SEQ ID NO:14341	SEQ ID NO:22353
		AA	SYSMN	SISGSSTYIYYYADSVKG	DRGSS	
				SEQ ID NO:6330	SEQ ID NO:14342	SEQ ID NO:22354
iPS:435551	21-225_158H6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATCGATGTA ACTAATAAATACTATGC	GAACTGGGATGGGCCGGAGG ACTAC	
				SEQ ID NO:6331	AGACTCCGTGAAGGGC SEQ ID NO:14343	SEQ ID NO:22355
		AA	SYGMH	VIWYDVTNKYYADSVKG	ELGWAEDY	
				SEQ ID NO:6332	SEQ ID NO:14344	SEQ ID NO:22356
iPS:435553	21-225_158G8	NA	AGCTATACCATGAAC	TTGATTAGTGGCAGTAGT AGTTACATACTACGC	GATCGAGGCAGCCTC	
				SEQ ID NO:6333	AGACTCAGTGAAGGGC SEQ ID NO:14345	SEQ ID NO:22357
		AA	SYTMN	LISGSSSTYYYADSVKG	DRGSL	
				SEQ ID NO:6334	SEQ ID NO:14346	SEQ ID NO:22358
iPS:435557	21-225_158B12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG	AGCAGTGGCTGGTACCGCTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:6335	CACAGAAGTTCCAGGGC SEQ ID NO:14347	SEQ ID NO:22359

【図４９－６１２】

670/4125

FIGURE 49

	21-225_158H12	AA	NYDIN	WMNPNSGNTGTYAQKFQG	SSGWYRFDY	
				SEQ ID NO:6336	SEQ ID NO:14348	SEQ ID NO:22360
iPS:435559		NA	AGCTATGTCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGGACAGACTACGC	GGGGGCTGGAACCACGAC	
				SEQ ID NO:6337	AGACTCCGTAAAGGGC SEQ ID NO:14349	SEQ ID NO:22361
		AA	SYVMS	AISGSGGRTDYADSVKG	GGWNHD	
				SEQ ID NO:6338	SEQ ID NO:14350	SEQ ID NO:22362
iPS:435561	21-225_159F1	NA	AGCTATAGAATGAAC	TCCATAAGTGGTAGTGG TAATTACATAGACTACG	CGTTGGGGACGTC	
				SEQ ID NO:6339	CAGACTCAGTGAAGGGC SEQ ID NO:14351	SEQ ID NO:22363
		AA	SYRMN	SISGSGNYTDYADSVKG	GWDV	
				SEQ ID NO:6340	SEQ ID NO:14352	SEQ ID NO:22364
iPS:435563	21-225_159H2	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG	AAGAAAACTGGGGACTAC	
				SEQ ID NO:6341	TACAGAAGTTCCAGGGC SEQ ID NO:14353	SEQ ID NO:22365
		AA	SYDIN	WMNPNSGNTGTYVQKFQG	KKTGDY	
				SEQ ID NO:6342	SEQ ID NO:14354	SEQ ID NO:22366
iPS:435565	21-225_159C4	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATCATATTCTGGA AACAATAAATACTATGC	CGGAGCAGCTCGTGGGGGGG CTACGGTATGGACGTC	
				SEQ ID NO:6343	AGACTCCGTGAAGGGC SEQ ID NO:14355	SEQ ID NO:22367
		AA	NYGMH	VISYSGNNKYYADSVKG	RSSSWGGYGMDV	
				SEQ ID NO:6344	SEQ ID NO:14356	SEQ ID NO:22368

【図４９－６１３】

671/4125

FIGURE 49

iPS:435569	21-225_159C5	NA	AGCTATGGCATACAC	GTTGTATGGTATGATGTA AATTATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGCTGGGGTTCCTCTCTGA CTAC	
				SEQ ID NO:6345	SEQ ID NO:14357	SEQ ID NO:22369
		AA	SYGIH	VVWYDVNNKYYADSVK G	ELGFLSDY	
				SEQ ID NO:6346	SEQ ID NO:14358	SEQ ID NO:22370
iPS:435571	21-225_159C8	NA	GACTATGTCATGCAG	GTTATATGGTATGATGTG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACCGTATAATAGTGGCTG GTACGACTACCGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:6347	SEQ ID NO:14359	SEQ ID NO:22371
		AA	DYVMQ	VIWYDGSNKYYADSVKG	EPYNSGWYDYGMDV	
				SEQ ID NO:6348	SEQ ID NO:14360	SEQ ID NO:22372
iPS:435573	21-225_159D8	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACCGTATAGTAGTGGCTG GTACGACTACCGTATGGACG TC	
				SEQ ID NO:6349	SEQ ID NO:14361	SEQ ID NO:22373
		AA	NYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EPYSSGWYDYGMDV	
				SEQ ID NO:6350	SEQ ID NO:14362	SEQ ID NO:22374
iPS:435575	21-225_159H11	NA	AGCTATACCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GTGAGCCTGGGCCTGACTGC	
				SEQ ID NO:6351	SEQ ID NO:14363	SEQ ID NO:22375
		AA	SYTMN	SISGSSSYIYYADSVKG	VSWADC	
				SEQ ID NO:6352	SEQ ID NO:14364	SEQ ID NO:22376

【図４９－６１４】

672/4125

FIGURE 49

iPS:435577	21-225_160B1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGCCTACGATTTTTGGAG TGGTTATTATGACTAC	
				SEQ ID NO:6353	SEQ ID NO:14365	SEQ ID NO:22377
		AA	SYGMH	VIWYDGSYKYYADSVKG	EAYDFWSGYYDY	
				SEQ ID NO:6354	SEQ ID NO:14366	SEQ ID NO:22378
iPS:435579	21-225_160G1	NA	AGCTATCATCATGAGC	GCTATGAGTGGTATAGTGG TGGTCACACATACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	CATGGATACAGC	
				SEQ ID NO:6355	SEQ ID NO:14367	SEQ ID NO:22379
		AA	SYVMS	AMSGSGGHTYYADSVKG	HGYS	
				SEQ ID NO:6356	SEQ ID NO:14368	SEQ ID NO:22380
iPS:435581	21-225_160H1	NA	AGCTATCGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTACT GGTTACATGTACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATAAAGATTAC	
				SEQ ID NO:6357	SEQ ID NO:14369	SEQ ID NO:22381
		AA	SYRMN	SISSSTGYMYYADSVKG	DKDY	
				SEQ ID NO:6358	SEQ ID NO:14370	SEQ ID NO:22382
iPS:435583	21-225_160F2	NA	AGTTATGGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTACT AGTTACATACTACGC AGACTCCAGTGAAGGGC	AGCAGTGGCTGGTCT	
				SEQ ID NO:6359	SEQ ID NO:14371	SEQ ID NO:22383
		AA	SYGMN	SISGSGSYIYYADSVKG	SSGWS	
				SEQ ID NO:6360	SEQ ID NO:14372	SEQ ID NO:22384
iPS:435585	21-225_160G3	NA	AGCTATGTCATGAGC	GCTATGAGTGGTAGTGG TGGTCACACATACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	CATGGATACAGC	
				SEQ ID NO:6361	SEQ ID NO:14373	SEQ ID NO:22385

【図４９－６１５】

FIGURE 49

iPS:435609	21-225_161F7	NA	SYGMH	SEQ ID NO:6380
			VISYGGSNKYHADSVKG	SEQ ID NO:14392
			GACTTTGGCTTGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:6381
		AA	DFGLH	SEQ ID NO:14393
			VIWFDGSNKYYADSVKG	EHGWLSDY
iPS:435611	21-225_161F10	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATTCTGGA AGAAATGATTTCTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:6383
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:14395
			IISYSGRNDFYADSVKG	RIAAAGHYGMDV
iPS:435613	21-225_161D11	NA	GACTTTGGCTTGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:6385
		AA	DFGLH	SEQ ID NO:14397
			VIWFDGSNKYYADSVKG	EHGWLSDY
			SEQ ID NO:6386	SEQ ID NO:14398
iPS:435615	21-225_161G12	NA	GACTATGTCATGCAG	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:6387
		AA	DVVMQ	VIWVDGSNKYYADSVKG
				SEQ ID NO:6388

		AA	SYVMS	AMSG6SGGHTYYADSVKG	HGYS
				SEQ ID NO:6362	SEQ ID NO:14374	SEQ ID NO:22386
iPS:435587	21-225_160H3	NA	AGAAGTAGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGTACCTCCTACAACCC GTCTCTCGAGAGT	CTCTCTCAACGGTGGGACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:6363	SEQ ID NO:14375	SEQ ID NO:22387
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSTSYNPSLES	LSQRWDFDY
			SEQ ID NO:6364	SEQ ID NO:14376	SEQ ID NO:22388
iPS:435589	21-225_160A4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATC CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGCGGCTGGTACATTTT TGACTAC
				SEQ ID NO:6365	SEQ ID NO:14377	SEQ ID NO:22389
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYPQKFQG	SSGWYIFDY
				SEQ ID NO:6366	SEQ ID NO:14378	SEQ ID NO:22390
iPS:435591	21-225_160C4	NA	GACTATGTCATGCAG	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACCGTATAATAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:6367	SEQ ID NO:14379	SEQ ID NO:22391
		AA	DYVMQ	VIWVDGSNKYYADSVKG	EPYNSGWYDYGMDV
				SEQ ID NO:6368	SEQ ID NO:14380	SEQ ID NO:22392
iPS:435593	21-225_160F4	NA	AGTTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT ACGTACATATACTACGC AGACTCCAGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGCAGC TC
				SEQ ID NO:6369	SEQ ID NO:14381	SEQ ID NO:22393
		AA	SYSMN	SISGSSTYTYYADSVKG	DRGSS
			SEQ ID NO:6370	SEQ ID NO:14382	SEQ ID NO:22394

【図４９－６１６】

FIGURE 49

iPS:435595	21-225_160H4	NA	AGCTATAGGATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT AGTTACATAGACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:6371	SEQ ID NO:14383	SEQ ID NO:22395
		AA	SYRMN	SISGSSSSYIDYADSVKG	KSWFDY
			SEQ ID NO:6372	SEQ ID NO:14384	SEQ ID NO:22396
iPS:435599	21-225_160B10	NA	AGAAGTAGCTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCGCCTACCACACATTCC GTCCCTCAAGAGT	CATGACCCAAACTGGGGAGT TGACTAC
				SEQ ID NO:6373	SEQ ID NO:14385	SEQ ID NO:22397
		AA	RSSYYWG	NIYYSGSAYTHPSLKS	HDPNWGVDY
			SEQ ID NO:6374	SEQ ID NO:14386	SEQ ID NO:22398
iPS:435601	21-225_160G10	NA	AGCTTTGGCATGCAC	GTCATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GTTGGTATAGAAGTGGCTGG TGACTACTACTTCGGTATGG AAGTC
				SEQ ID NO:6375	SEQ ID NO:14387	SEQ ID NO:22399
		AA	SFGMH	VIWVDGSYKYYADSVKG	VGIEVAGDYYYFGMEV
				SEQ ID NO:6376	SEQ ID NO:14388	SEQ ID NO:22400
iPS:435605	21-225_161A4	NA	AGCAACTACATGAGC	GTTATTTATACCGGTGGT AGCACATACAACGCAGA CTCCGTGAAGGGC	AATTGGGGGAAATGGCTGGCCC CTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6377	SEQ ID NO:14389	SEQ ID NO:22401
		AA	SNYMS	VIYTGGSTYNADSVKG	NWGMAGPFDY
			SEQ ID NO:6378	SEQ ID NO:14390	SEQ ID NO:22402
iPS:435607	21-225_161G4	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGGTGGA AGTAATAAATACCATGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGAGCAGCTCCGTCGGGGGG CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:6379	SEQ ID NO:14391	SEQ ID NO:22403

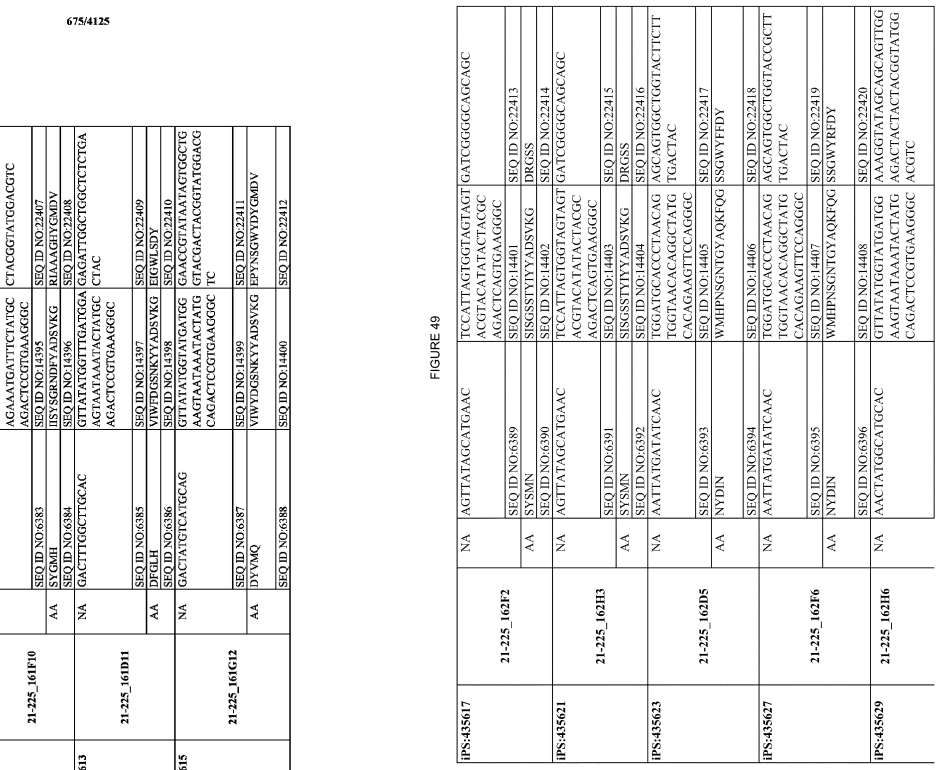
【図４９－６１７】

FIGURE 49

iPS:435617	21-225_162F2	NA	AGTTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT ACGTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGCAGC
				SEQ ID NO:6389	SEQ ID NO:14401	SEQ ID NO:22413
		AA	SYSMN	SISGSSTYTYYADSVKG	DRGSS
			SEQ ID NO:6390	SEQ ID NO:14402	SEQ ID NO:22414
iPS:435621	21-225_162H3	NA	AGTTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT ACGTACATATACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GATCGGGGCAGCAGC
				SEQ ID NO:6391	SEQ ID NO:14403	SEQ ID NO:22415
		AA	SYSMN	SISGSSTYTYYADSVKG	DRGSS
			SEQ ID NO:6392	SEQ ID NO:14404	SEQ ID NO:22416
iPS:435623	21-225_162D5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:6393	SEQ ID NO:14405	SEQ ID NO:22417
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
				SEQ ID NO:6394	SEQ ID NO:14406	SEQ ID NO:22418
iPS:435627	21-225_162F6	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACCGCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:6395	SEQ ID NO:14407	SEQ ID NO:22419
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYRFDY
				SEQ ID NO:6396	SEQ ID NO:14408	SEQ ID NO:22420
iPS:435629	21-225_162H6	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AAAGGTATAGCAGCAGTTGG AGACTACTACTACGGTATGG ACGTC

【図４９－６１８】

FIGURE 49



10

20

30

40

50

【図４９－６１９】

FIGURE 49

21-225_162H6		SEQ ID NO:6397	SEQ ID NO:14409	VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:22421
	AA	NYGMH		VIWYDGSNKYYADSVKG	KGHAAVGDYYYGMDV
		SEQ ID NO:6398	SEQ ID NO:14410		SEQ ID NO:22422
iPS:435635	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTGGTTATAGCACTACTAT		
21-225_163F1			AGTTACATATACTACGC		
			AGACTCAGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:6399	SEQ ID NO:14411	SEQ ID NO:22423	
	AA	SYSMN	SISGSSGSYIYYADSVKG	YSSSHY	
		SEQ ID NO:6400	SEQ ID NO:14412	SEQ ID NO:22424	
iPS:435637	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCACTAGTGGGAGTTCTGATCGAGGCAGCCTC		
21-225_163E2			ACTTACATATACTACGCA		
			GACTCAGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:6401	SEQ ID NO:14413	SEQ ID NO:22425	
	AA	SYSMN	SISGSSTYIYYADSVKG	DRGSL	
		SEQ ID NO:6402	SEQ ID NO:14414	SEQ ID NO:22426	
iPS:435639	NA	AGTTATAGCATGAGC	TCCATTAGTGGTAGTAGTTTGAGGCGGTATGGACGTC		
21-225_163G6			GCTTACATATACTACGCA		
			GACTCCAGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:6403	SEQ ID NO:14415	SEQ ID NO:22427	
	AA	SYSMS	SISGSSAYIYYADSVKG	LSGMDV	
		SEQ ID NO:6404	SEQ ID NO:14416	SEQ ID NO:22428	
iPS:435641	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGTGATCGAGGCAGCCTC		
21-225_163H9			ACTTACATATACTACGCA		
			GACTCAGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:6405	SEQ ID NO:14417	SEQ ID NO:22429	
	AA	SYSMN	SISGSSTYIYYADSVKG	DRGSL	
		SEQ ID NO:6406	SEQ ID NO:14418	SEQ ID NO:22430	

【図４９－６２０】

FIGURE 49

iPS:435643	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGTGATCGCCCGTATGGACGTC		
21-225_163G10			ACTTACATATACTACGCA		
			GACTCAGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:6407	SEQ ID NO:14419	SEQ ID NO:22431	
	AA	SYSMN	SISGSSTYIYYADSVKG	ARMDV	
		SEQ ID NO:6408	SEQ ID NO:14420	SEQ ID NO:22432	
iPS:435649	NA	CATTATGATATCAAC	TCGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACATGTT	
21-225_165H2			TCATAAGACAGGCTATG	TGACTAC	
			CACAGAAGTTCCAGGGC		
		SEQ ID NO:6409	SEQ ID NO:14421	SEQ ID NO:22433	
	AA	HYDIN	WMHPNSIIKTGYAQKFQG	SSGWYMPDY	
		SEQ ID NO:6410	SEQ ID NO:14422	SEQ ID NO:22434	
iPS:435653	NA	AGCTATAGCATGAGC	TCCATTAGTGGGAGTAG	CTAACTGGCCTTTGACTAC	
21-225_166H12			TAGTTACAGTTACTACGC		
			AGACTCAGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:6411	SEQ ID NO:14423	SEQ ID NO:22435	
	AA	SYSMS	SISGSSSYSYYADSVKG	LTGFDY	
		SEQ ID NO:6412	SEQ ID NO:14424	SEQ ID NO:22436	
iPS:435655	NA	AGCTTTGGCACTGCAC	GTCATATGGTATGGAGTGGCTGG		
21-225_167E2			AACTTATAAATACTATGC	TGACTACTACTACGGTATGG	
			AGACTCCGTGAAGGGC	AAGTC	
		SEQ ID NO:6413	SEQ ID NO:14425	SEQ ID NO:22437	
	AA	SFGMH	VIWYDGTYKYYADSVKG	VGHVAGDYYYGMDV	
		SEQ ID NO:6414	SEQ ID NO:14426	SEQ ID NO:22438	
iPS:435657	NA	AGCTTTGGCATGCAC	GTCATATGGTATGAGAGTGGCTGG		
21-225_167H10			AAGTTATAAATACCATG	TGACTACTACTACGGTATGG	
			CAGCATCGTGGAAGGGC	AAGTC	
		SEQ ID NO:6415	SEQ ID NO:14427	SEQ ID NO:22439	

【図４９－６２１】

FIGURE 49

21-225_167D12	AA	SFGMH	VIWYDGSYKYHADSVKG	VGIEVAGDYYYGMEV
		SEQ ID NO:6416	SEQ ID NO:14428	SEQ ID NO:22440
iPS:435659	NA	AGCTATGTCATGAGC	GCTATGAGTGGTAGTGGTTATACCTGGAACGGCTAC	
			TGGTAGAACATACTACG	
			CAGACTCCGTGAAGGGC	
		SEQ ID NO:6417	SEQ ID NO:14429	SEQ ID NO:22441
	AA	SYVMS	AMSGSGGRTYYADSVKG	YTWNGY
		SEQ ID NO:6418	SEQ ID NO:14430	SEQ ID NO:22442
iPS:435663	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGGATACAA
21-225_169B1			AAGTAATAAATACTATG	TGACCCGGTTATGGACTAC
			CAGACTCCGTGAGGGGC	
		SEQ ID NO:6419	SEQ ID NO:14431	SEQ ID NO:22443
	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVRG	DPLRGYNDPVMDY
		SEQ ID NO:6420	SEQ ID NO:14432	SEQ ID NO:22444
iPS:435665	NA	AGTTACTACTGGAGT	CGTATCGATACCAGTGG	GAGGGAGGAGTGGGAGCTA
21-225_169F2			GATCACCAACTACAACC	CCTACTTTGACTAC
			CCTCCCCTCAAGAGT	
		SEQ ID NO:6421	SEQ ID NO:14433	SEQ ID NO:22445
	AA	SYYWS	RIDTSGITNYNPSLKS	EGGVGATYFDY
		SEQ ID NO:6422	SEQ ID NO:14434	SEQ ID NO:22446
iPS:435667	NA	GGCCATAGCATGAAC	TACATTAGCCTTAGTGGT	AGGGGGATTACTGTGGTTCG
21-225_169E3			AGTACCATAAAGTACGC	GAATGAGGACGGTTTGGACG
			AGACTCTGTGAAGGGC	TC
		SEQ ID NO:6423	SEQ ID NO:14435	SEQ ID NO:22447
	AA	GHSMN	YISLSGSTIKYADSVKG	RGITVVRNEDGLDV
		SEQ ID NO:6424	SEQ ID NO:14436	SEQ ID NO:22448

【図４９－６２２】

FIGURE 49

21-225_169F9	NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGGATACAA	
			AACTAATAAATACTATG	TGACCCGGTTATGGACTAC	
			CAGACTCCGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:6425	SEQ ID NO:14437	SEQ ID NO:22449	
	AA	TYGMH	IIWYDGTNKYYADSVKG	DPLRGYNDPVMDY	
		SEQ ID NO:6426	SEQ ID NO:14438	SEQ ID NO:22450	
iPS:435671	NA	AGTTACTACTGGAGT	CGTATCGATACCAGTGG	GAGGGAGGAGTGGGAGCTA	
21-225_169H5			GATCACCAACTACAACC	CCTACTTTGACTAC	
			CCTCCCTCAAGAGT		
		SEQ ID NO:6427	SEQ ID NO:14439	SEQ ID NO:22451	
	AA	SYYWS	RIDTSGITNYNPSLKS	EGGVGATYFDY	
		SEQ ID NO:6428	SEQ ID NO:14440	SEQ ID NO:22452	
iPS:435673	NA	GGCCATAGCATGAAC	TACATTAGCATTAGTAGT	AGGGGGATTACTGTGGTTCG	
21-225_169I6			AGTACCATAAAGTACGC	GAATGAGGACGGTTTGGACG	
			AGACTCTGTGAAGGGC	TC	
		SEQ ID NO:6429	SEQ ID NO:14441	SEQ ID NO:22453	
	AA	GHSMN	YISSSSTIKYADSVKG	RGITVVRNEDGLDV	
		SEQ ID NO:6430	SEQ ID NO:14442	SEQ ID NO:22454	
iPS:435675	NA	AGTTACTACTGGACC	CGTATCTATACCAGTGG	GTCGGGAGGTACTACTACGG	
21-225_169D7			GAGCACCAACTACAACC	TATGGACCGTC	
			CCTCCCTCAAGAGT		
		SEQ ID NO:6431	SEQ ID NO:14443	SEQ ID NO:22455	
	AA	SYYWT	RIYTSGSTNYNPSLKS	VGRYYYGMDV	
		SEQ ID NO:6432	SEQ ID NO:14444	SEQ ID NO:22456	
iPS:435677	NA	GGCTACTTTATGCAC	TGGATCAAGCCTACAGAG	GGCGGGACTACGGTGGCTAC	
21-225_169C10			TGGTGGCACAAACTCTG	GTGGCGGGTCTTTGACTAC	
			CACAGAGGTTTCAGGGC		
		SEQ ID NO:6433	SEQ ID NO:14445	SEQ ID NO:22457	
	AA	GYPMH	WIKPKSGGTNSAQIFQG	EGTTYATWGVFDY	

【図４９－６２３】

FIGURE 49

iPS:435679				NA	SEQ ID NO:6434	SEQ ID NO:14446	SEQ ID NO:22458
					AGCTATGTCATGAGT	GCTATTAGTGGTAGTGGT	GTGGCTTTCTTTGACTAT
						AGTAGAATATACTACGC	
		21-225_169D10				GGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6435	SEQ ID NO:14447	SEQ ID NO:22459
				AA	SYVMS	AISGSGSRIYYADSVKG	VAFFDY
					SEQ ID NO:6436	SEQ ID NO:14448	SEQ ID NO:22460
iPS:435681				NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GAAAGGTATAGCAGTGGCTG
						AAGTAATAAATACTATG	GTACGACTACGGTATGGACG
						CAGACTCCGTGAAGGGC	TC
		21-225_169D11					
					SEQ ID NO:6437	SEQ ID NO:14449	SEQ ID NO:22461
				AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV
					SEQ ID NO:6438	SEQ ID NO:14450	SEQ ID NO:22462
iPS:435683				NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GATGCCCACGATTTTTGGAG
						AAGTTATAAATACTATG	TGGTTACTTTGACTCC
		21-225_170A1				CAGATTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6439	SEQ ID NO:14451	SEQ ID NO:22463
				AA	SYGMH	IIWYDGSYKYYADSVKG	DAHDFWSGYFDS
					SEQ ID NO:6440	SEQ ID NO:14452	SEQ ID NO:22464
iPS:435685				NA	AGCTATGTCATGAGT	GCTATTAGTGGTAGTGGT	GTGGCTTTCTTTGACTAT
						AATAGAATATACTACGC	
		21-225_170E1				AGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6441	SEQ ID NO:14453	SEQ ID NO:22465
				AA	SYVMS	AISGSGNRIYYADSVKG	VAFFDY
					SEQ ID NO:6442	SEQ ID NO:14454	SEQ ID NO:22466
iPS:435687				NA	AGTTATTACTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG	GTCGGGAGGTACTACTATGG
		21-225_170H11				GAGCACCAACTACAACC	TATGGACGTC
						CCTCCCTCAAGAGT	

【図４９－６２４】

682/4125

FIGURE 49

	21-225_170H11			SEQ ID NO:6443	SEQ ID NO:14455	SEQ ID NO:22467
			AA	SYVWS	RIYTSGSTNYNPSLKS	VGRYYYGMDV
				SEQ ID NO:6444	SEQ ID NO:14456	SEQ ID NO:22468
iPS:435689			NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GAGACGTATAGCAGCAGCTG
					AAGTAATAAATACTATG	GTACGACTACGGTATGGACG
					AAGACTCCGTGAAGGGC	TC
		21-225_170F3				
				SEQ ID NO:6445	SEQ ID NO:14457	SEQ ID NO:22469
			AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYEDSVKG	ETYSSSWYDYGMDV
					SEQ ID NO:6446	SEQ ID NO:22470
iPS:435693			NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGATACAA
					AACTAATAAATACTATG	TGACCCGGTTATGGACTAC
		21-225_170G4			CAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:6447	SEQ ID NO:14459	SEQ ID NO:22471
			AA	TYGMH	IIWYDGTNKYYADSVKG	DPLRGYNDPVMDY
				SEQ ID NO:6448	SEQ ID NO:14460	SEQ ID NO:22472
iPS:435695			NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGATACAA
					AACTAATAAATACTATG	TGACCCGGTTATGGACTAC
		21-225_170D5			CAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:6449	SEQ ID NO:14461	SEQ ID NO:22473
			AA	SYGMH	IIWYDGTNKYYADSVKG	DPLRGYNDPVMDY
				SEQ ID NO:6450	SEQ ID NO:14462	SEQ ID NO:22474
iPS:435697			NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGATACAA
					GACTATATAAATACTATG	TGACCCGGTTATGGACTAC
		21-225_170G5			CAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:6451	SEQ ID NO:14463	SEQ ID NO:22475
			AA	TYGMH	IIWYDGTNKYYADSVKG	DPLRGYNDPVMDY

【図４９－６２５】

683/4125

FIGURE 49

iPS:435699				NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG
						AAGTAATAAATACTATG
		21-225_170D6				CAGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:6461	SEQ ID NO:14473
				AA	TYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG
					SEQ ID NO:6462	SEQ ID NO:14474
iPS:435701				NA	AGCTGTGCCATGACC	GCTATTATGGTCGTGGTT
						GGTACCACGTTCTACGC
		21-225_170F6				AGACTCCGTGAGGGGC
					SEQ ID NO:6463	SEQ ID NO:14475
				AA	SCAMT	AISGRGGTTFYADSVRG
					SEQ ID NO:6464	SEQ ID NO:14476
iPS:435703				NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG
						AACTAATAAATACTATG
		21-225_170D11				CAGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:6465	SEQ ID NO:14477
				AA	SYGMH	VISYDGNNRHYADSVQG
					SEQ ID NO:6466	SEQ ID NO:14478
iPS:435705				NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG
						GACTAATAAATACTATG
		21-225_171C3				CAGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:6467	SEQ ID NO:14479
				AA	TYGMH	IIWYDGTNKYYADSVKG
					SEQ ID NO:6468	SEQ ID NO:14480
iPS:435707				NA	AGCTATGTCCATGACT	GCTATTAGTGGTAGTGGT
						GCTAACACTTCAACCG
		21-225_171A9				AGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:6469	SEQ ID NO:14481

SEQ ID NO:22476		
GGGCGGACTACGGTGGCTAC		
GTGGGGGGTCTTTGACTAC		
SEQ ID NO:22477		
GGTTVATWGVFDY		
SEQ ID NO:22478		
AGCAGTGGCTGGTACTGGTT		
CGACCCC		
SEQ ID NO:22479		
SSGWYWFDP		
SEQ ID NO:22480		
GATCCCTTACGTGGATACAA		
TGACCCGGTTATGGACTAC		
SEQ ID NO:22481		
DPLRGYNDPVMDY		
SEQ ID NO:22482		
GATCCCTTACGTGGATACAA		
TGACCCGGTTATGGACTAC		
SEQ ID NO:22483		
DPLRGYNDPVMDY		
SEQ ID NO:22484		

【図４９－６２６】

684/4125

FIGURE 49

iPS:435709				NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG
						AAGTAATAAATACTATG
		21-225_171A4				CAGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:6461	SEQ ID NO:14473
				AA	TYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG
					SEQ ID NO:6462	SEQ ID NO:14474
iPS:435711				NA	AGCTGTGCCATGACC	GCTATTATGGTCGTGGT
						GGTACCACGTTCTACGC
		21-225_171G4				AGACTCCGTGAGGGGC
					SEQ ID NO:6463	SEQ ID NO:14475
				AA	SCAMT	AISGRGGTTFYADSVRG
					SEQ ID NO:6464	SEQ ID NO:14476
iPS:435713				NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGACGG
						AAACAATAGACACTATG
		21-225_171D7				CAGACTCCGTGCAGGGC
					SEQ ID NO:6465	SEQ ID NO:14477
				AA	SYGMH	VISYDGNNRHYADSVQG
					SEQ ID NO:6466	SEQ ID NO:14478
iPS:435715				NA	AGCTCTGCCATGAGC	GTTATTATGGTAGTGGT
						GCTAGCACATTCTACAC
		21-225_171A8				AGACTCCGTGAAGGGC
					SEQ ID NO:6467	SEQ ID NO:14479
				AA	SSAMS	SNSSGWFDY
					SEQ ID NO:6468	SEQ ID NO:14480
iPS:435717				NA	AGCTATGTCCATGACT	GCTATTAGTGGTAGTGGT
						GCTAACACTTCAACCG
		21-225_171A9				CTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6469	SEQ ID NO:14481

GATCCCTTACGTGGATACAA		
TGACCCGGTTATGGACTAC		
SEQ ID NO:22485		
DPLRGYNDPVMDY		
SEQ ID NO:22486		
GATCTTATTGGGGGAGCTAC		
TTACTTTGACTAC		
SEQ ID NO:22487		
DLIGGATYFDY		
SEQ ID NO:22488		
GATCGTCACCGTTTGGACTA		
CTACGCTTTGGACGTC		
SEQ ID NO:22489		
DRHRLDYYALDV		
SEQ ID NO:22490		
CTCGGGAGGTACTACTACTA		
TGACCCGGTTATGGACTAC		
SEQ ID NO:22491		
SNSSGWFDY		
SEQ ID NO:22492		
CTCGGGAGGTACTACTACTA		
TGACCCGGTTATGGACTAC		
SEQ ID NO:22493		

【図４９－６２７】

FIGURE 49

				AA	SYAMT	ASIGSCGNTTNADSVKG	LGIDYYYYGMDV
iPS:435719					SEQ ID NO:6470	SEQ ID NO:14482	SEQ ID NO:22494
				NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTGGTAGTAGT	GATAGGGGCAGCTCC
						ACTTACATACTACGC	
		21-225_171A11				AGACTCAGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6471	SEQ ID NO:14483	SEQ ID NO:22495
				AA	SYSMN	SISGSSSYTYYADSVKG	DRGSS
					SEQ ID NO:6472	SEQ ID NO:14484	SEQ ID NO:22496
iPS:435721				NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGATACAA
						AAGTAATAAATACTATG	TGACCCCGGTTATGGACTAC
						CAGACTCCGTGAAGGGC	
		21-225_172B3			SEQ ID NO:6473	SEQ ID NO:14485	SEQ ID NO:22497
				AA	TYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DPLRGYNDPVMDY
					SEQ ID NO:6474	SEQ ID NO:14486	SEQ ID NO:22498
iPS:435723				NA	AACTATGGTATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GAGGCGTACGATTTTTGGAG
						AAGTAATAAATACTATG	TCGTTATTGGGACTAC
		21-225_172B7				TAGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6475	SEQ ID NO:14487	SEQ ID NO:22499
				AA	NYGMH	IIWYDGSNKYYVDSVKG	EAYDFWSGYQWDY
					SEQ ID NO:6476	SEQ ID NO:14488	SEQ ID NO:22500
iPS:435725				NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGATACAA
						AACTAATAAATACTATG	TGACCCGGTTATGGACTAC
		21-225_172G8				CAGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6477	SEQ ID NO:14489	SEQ ID NO:22501
				AA	TYGMH	IIWYDGTNKYYADSVKG	DPLRGYNDPVMDY
					SEQ ID NO:6478	SEQ ID NO:14490	SEQ ID NO:22502

【図４９－６２８】

FIGURE 49

				NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACCGGTT
						TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC
		21-225_172E11				CACAGAAGTTCCAGGGC	
					SEQ ID NO:6479	SEQ ID NO:14491	SEQ ID NO:22503
				AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYRFDY
					SEQ ID NO:6480	SEQ ID NO:14492	SEQ ID NO:22504
iPS:435729				NA	AGCTATGGCCATGAGC	TTTATTAGTGGTAGTGGT	AGGGATACCTACAACGGTTG
						GGTAACACATTCTACGC	GGATGCTTTTGTATATC
		21-225_173E7				AGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6481	SEQ ID NO:14493	SEQ ID NO:22505
				AA	SYAMS	FISGSGGNTFYADSVKG	RDTYNGWDAFDI
					SEQ ID NO:6482	SEQ ID NO:14494	SEQ ID NO:22506
iPS:435731				NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GAGGCCTACGATTTTTGGAG
						AAGTAATAAATACTATG	TCGTTTCTTTGACTCC
		21-225_173A11				CAGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6483	SEQ ID NO:14495	SEQ ID NO:22507
				AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	EAYDFWSGPFDS
					SEQ ID NO:6484	SEQ ID NO:14496	SEQ ID NO:22508
iPS:435733				NA	AGCTATGGCATACAC	CTTATATTTTATGATGGA	CGGTATAGCAGCAGCTGGTC
						AGTAATAAATACTATGC	CGGTGGTATGGACGTC
		21-225_173C11				AGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6485	SEQ ID NO:14497	SEQ ID NO:22509
				AA	SYGIH	LIFYDGSNKYYADSVKG	RYSSSWSGGMDV
					SEQ ID NO:6486	SEQ ID NO:14498	SEQ ID NO:22510

【図４９－６２９】

FIGURE 49

				NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGATACAA
						AACTAACAAATACTATG	TGACCCGGTTATGGACTAC
		21-225_173H12				CAGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6487	SEQ ID NO:14499	SEQ ID NO:22511
				AA	SYGMH	IIWYDGTNKYYADSVKG	DPLRGYNDPVMDY
					SEQ ID NO:6488	SEQ ID NO:14500	SEQ ID NO:22512
iPS:435737				NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT
						TGGTAACACAGGCTATG	CGACCCC
		21-225_174G5				CACAGAAGTTCCAGGGC	
					SEQ ID NO:6489	SEQ ID NO:14501	SEQ ID NO:22513
				AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
					SEQ ID NO:6490	SEQ ID NO:14502	SEQ ID NO:22514
iPS:435739				NA	AGCTCTGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGTGGT	TCGAATAGCAGTGGCTGGTT
						GGTAGCACATTCTACAC	TGACTAC
		21-225_174G7				AGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6491	SEQ ID NO:14503	SEQ ID NO:22515
				AA	SSAMS	VISGSGGSTFYTDSVKG	SNSSGWFDY
					SEQ ID NO:6492	SEQ ID NO:14504	SEQ ID NO:22516
iPS:435741				NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GAAAGGTATAGCAGTGGCTG
						AAGTAATAAATACTATG	GTACGACTACGGTATGGACG
						CAGACTCCGTGAAGGGC	TC
		21-225_174G10			SEQ ID NO:6493	SEQ ID NO:14505	SEQ ID NO:22517
				AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV
					SEQ ID NO:6494	SEQ ID NO:14506	SEQ ID NO:22518

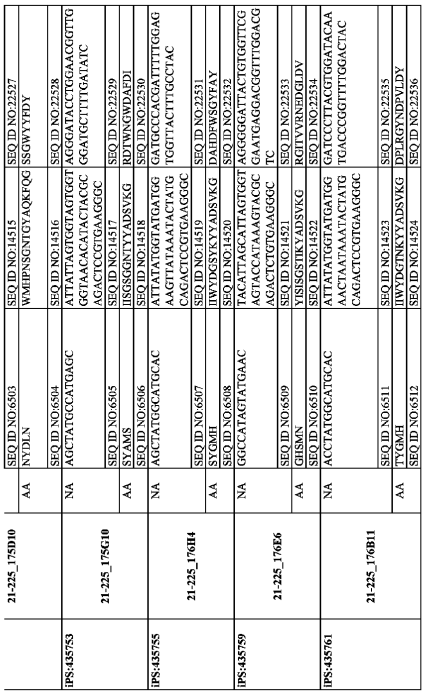
【図４９－６３０】

FIGURE 49

				NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCCCTTACGTGGATACAA
						AAGTAATAAATACTATG	TGACCCGGTTATGGACTAC
		21-225_175G1				CAGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6495	SEQ ID NO:14507	SEQ ID NO:22519
				AA	TYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DPLRGYNDPVMDY
					SEQ ID NO:6496	SEQ ID NO:14508	SEQ ID NO:22520
iPS:435745				NA	GGCTACTTTTATGCAC	TGGATCAAGCCTAAAAG	GGGGGGACTACGGTGACTAC
						TGGTGGCACAAACTGTG	GTGGGGGGTCTTTGACTAC
		21-225_175G3				CACAGAGGTTTCAGGGC	
					SEQ ID NO:6497	SEQ ID NO:14509	SEQ ID NO:22521
				AA	GYFMH	WIKPKSGGTNCAQRFQG	GGTTVTTWGVFDY
					SEQ ID NO:6498	SEQ ID NO:14510	SEQ ID NO:22522
iPS:435747				NA	AGCTATGTCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGT	ACAGCGGGCCTTGACTAC
						GATAGAACATACTACGC	
		21-225_175C4				AGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6499	SEQ ID NO:14511	SEQ ID NO:22523
				AA	SYVMS	AISGSGDRTYYADSVKG	TAGFDY
					SEQ ID NO:6500	SEQ ID NO:14512	SEQ ID NO:22524
iPS:435749				NA	AGCTATGCCATGAGC	TCTATTAGTGGTCGTGGT	TCGAATAGCAGTGGCTGGTT
						GGTAGCACGTTCTACGC	TGACTAC
		21-225_175C10				AGACTCCGTGAAGGGC	
					SEQ ID NO:6501	SEQ ID NO:14513	SEQ ID NO:22525
				AA	SYAMS	SISGRGGSTFYADSVKG	SNSSGWFDY
					SEQ ID NO:6502	SEQ ID NO:14514	SEQ ID NO:22526
iPS:435751				NA	AATTATGATCTCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTACTT
						TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC
						CACAGAAGTTCCAGGGC	

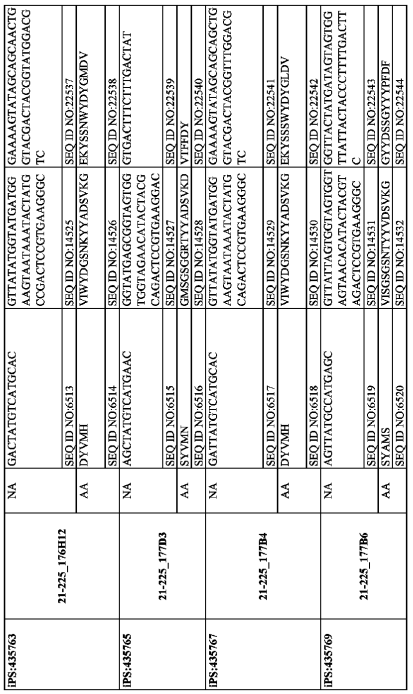
【図４９－６３１】

FIGURE 49



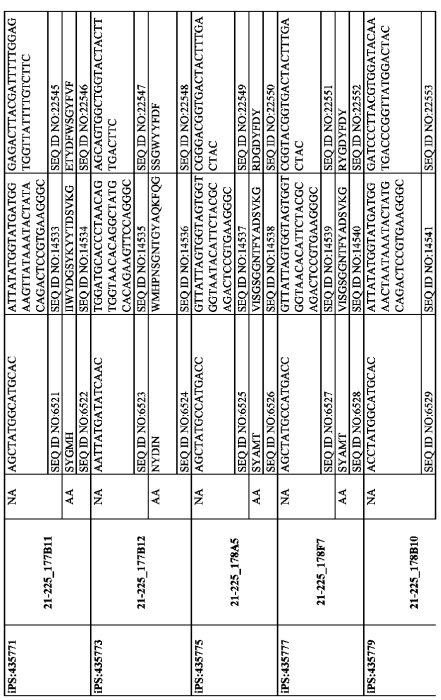
【図４９－６３２】

FIGURE 49



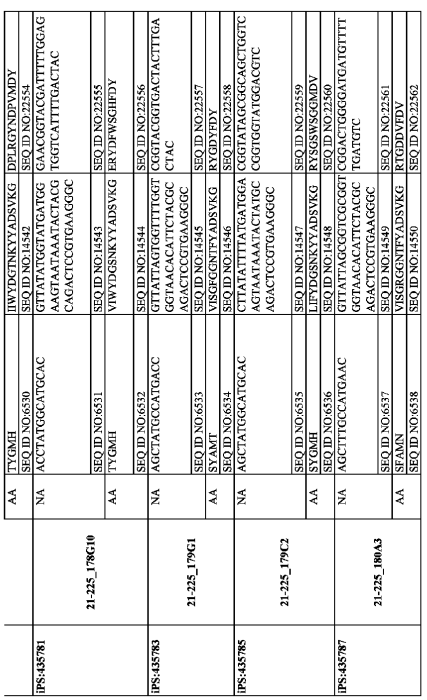
【図４９－６３３】

FIGURE 49



【図４９－６３４】

FIGURE 49



10

20

30

40

50

【図４９－６３５】

693/4125

FIGURE 49

iPS:435789	21-225_180C4		NA	GCCTATGGCATGCAC	ATTATTTGGTATGATGGA AGTTATCAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	ACCGGTGTGGATCCCTGGGA CTACTACAACGGAATGGACG TC
					SEQ ID NO:6539	SEQ ID NO:22563
			AA	AYGMH	IIWYDGSYKYYADSVKG	TGVDPWDYYNGMDV
					SEQ ID NO:6540	SEQ ID NO:22564
iPS:435791	21-225_180H7		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAACACTATG CAGACTCCGCGAAGGGC	GAGGTTGGCTGGTCCGATGA CTAC
					SEQ ID NO:6541	SEQ ID NO:22565
			AA	DYGMH	VIWYDENNKHYADSAKG	EVGWSDDY
					SEQ ID NO:6542	SEQ ID NO:22566
iPS:435793	21-225_180F8		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTGATAAATACTATG AAGACTCCGTGAAGGGC	GATCATCCCGGTGGAGCTA CGGAGACTAC
					SEQ ID NO:6543	SEQ ID NO:22567
			AA	SYGMH	VIWYDGSDKYYEDSVKG	DHPRWSYGDY
					SEQ ID NO:6544	SEQ ID NO:22568
iPS:435795	21-225_181C2		NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCATTACGATTTTTGGAG TGGGCACTTTGACTTC
					SEQ ID NO:6545	SEQ ID NO:22569
			AA	SYGMH	IIWYDGSYKYYADSVKG	DHYDPWSGHFDF
					SEQ ID NO:6546	SEQ ID NO:22570

【図４９－６３６】

694/4125

FIGURE 49

iPS:435797	21-225_181G2		NA	AGCTACAATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAA TGGTGGCTCAAACTATA CACAGAAGTTTCAGGGC	AAGTTTGGGGAC
					SEQ ID NO:6547	SEQ ID NO:22571
			AA	SYNMH	WNPNNGGSNYTQKFQG	KFGD
					SEQ ID NO:6548	SEQ ID NO:22572
iPS:435799	21-225_181G3		NA	AGCTATGCCCAATGAGT	GTTATTAGTGGTATGGTGT GGTAACACATTCTACGG AGACTCCGTGAAGGGC	CGGGAGACCTACGACTGGGG ATCCGATGCTTTTGATATC
					SEQ ID NO:6549	SEQ ID NO:22573
			AA	SYAMS	VISGSGGNTYYGDSVKG	RETYDWGSDAFDI
					SEQ ID NO:6550	SEQ ID NO:22574
iPS:435801	21-225_181E5		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCTGGTACATCTT TGACTAC
					SEQ ID NO:6551	SEQ ID NO:22575
			AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYIFDY
					SEQ ID NO:6552	SEQ ID NO:22576
iPS:435805	21-225_181A8		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAACACTATG CAGACTCCGCGAAGGGC	GAGGTTGGCTGGTCCGATGA CTAC
					SEQ ID NO:6553	SEQ ID NO:22577
			AA	DYGMH	VIWYDENNKHYADSAKG	EVGWSDDY
					SEQ ID NO:6554	SEQ ID NO:22578

【図４９－６３７】

695/4125

FIGURE 49

iPS:435807	21-225_181C10		NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCATTACGATTTTTGGAG TGGGCACTTTGACTAC
					SEQ ID NO:6555	SEQ ID NO:22579
			AA	SYGMH	IIWYDGSYKYYADSVKG	DHYDPWSGHFDY
					SEQ ID NO:6556	SEQ ID NO:22580
iPS:435809	21-225_182H5		NA	AGCTATGCCATGAGT	GTTATTAGTGGTATGAGG TGGTACCACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGACTGGGGATGATGTTTT TGATATC
					SEQ ID NO:6557	SEQ ID NO:22581
			AA	SYAMS	VISGRGGTTTPYADSVKG	RTGDDVFDI
					SEQ ID NO:6558	SEQ ID NO:22582
iPS:435811	21-225_183H6		NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATGCTGGA AGTACTAAATTCTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	AGGCCCCCGCAGTGGCTGGT AGAGGGCTACGGTATGGACG TC
					SEQ ID NO:6559	SEQ ID NO:22583
			AA	SYGMH	IISYAGSTKFYADSVKG	RPPQWLVFGYGMDV
					SEQ ID NO:6560	SEQ ID NO:22584
iPS:435813	21-225_183A12		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATCTGCTGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGTATAGCAGTGGCTGGGA CTGGTTCGACCCC
					SEQ ID NO:6561	SEQ ID NO:22585
			AA	SYGMH	VISSAGSNKYYADSVKG	RYSSGWDWTDP
					SEQ ID NO:6562	SEQ ID NO:22586
iPS:435815	21-225_190G10		NA	GACTATAGCATGAAC	TCTATTAGTAGTGGTAGT GGTTACATACACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GCCAACTATGGCCCTTGACTA C
					SEQ ID NO:6563	SEQ ID NO:22587
			AA	DYSMN	SISSGSGYIHYADSVKG	ATMALDY

【図４９－６３８】

696/4125

FIGURE 49

iPS:435817	21-225_190B11		NA	AATTACTACTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GATCGGGGATACTATGGCTA CTACGGTATCGACGTC
					SEQ ID NO:6564	SEQ ID NO:22588
			AA	NYYWS	RIYTSGSTNYNPSLKS	DRGYYGYYGMDV
					SEQ ID NO:6565	SEQ ID NO:22589
iPS:435819	21-225_190C11		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
					SEQ ID NO:6566	SEQ ID NO:22590
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
					SEQ ID NO:6567	SEQ ID NO:22591
iPS:435821	21-225_190E11		NA	AACTATGGCCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GCCCAGGGGGGTCTACTACTA CGTTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6568	SEQ ID NO:22592
			AA	NYGMH	IIWPDGSNKYYADSVKG	AOGVYYYVMDV
					SEQ ID NO:6569	SEQ ID NO:22593
iPS:435823	21-225_190F11		NA	AGCTATGCCATGAAC	ACTATTAGTGGTACTGGT CGTAAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAGGATTACTATGATAG TAGTGGCCCCGGGGTTCGACC CC
					SEQ ID NO:6570	SEQ ID NO:22594
			AA	SYAMN	TISGTGRTTYYADSVKG	EHDYYDSSGPGFDP
					SEQ ID NO:6571	SEQ ID NO:22595
					SEQ ID NO:6572	SEQ ID NO:22596

【図４９－６３９】

FIGURE 49

iPS:435825	21-225_190G11	NA	ATTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
		AA	IYGMH	SEQ ID NO:6573	SEQ ID NO:22597
				SEQ ID NO:6574	VIWYDGSNKNYADSVKG SEQ ID NO:22598
iPS:435827	21-225_190H11	NA	AGCTACCACTGGAGC	CTTATCTATACCAGTAGG AGCACCATTTACAACCC CTCCCTCAAGAGT	CTCCGGTATAACTGGAACTT CCCTTACTTTGACTAC
		AA	SYHWS	SEQ ID NO:6575	SEQ ID NO:22599
			LIYTSRSTIYNPSLKS	SEQ ID NO:6576	LRYNWNPPYFDY
iPS:435829	21-225_190B12	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAA C	SEQ ID NO:14588	SEQ ID NO:22600
				TATATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	TCCGGGTATAATTGGGACGC CGGGGTCGACCCC
				SEQ ID NO:6577	SEQ ID NO:22601
		AA	SGGYYWN	SEQ ID NO:14589	YIYYSGSTYYNPSLKS SEQ ID NO:22602
			YIYYSGSTYYNPSLKS	SEQ ID NO:14590	SEQ ID NO:22603
iPS:435831	21-225_190C12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA GGTTATAAAAACTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	GGTACCCACGGGTACTACTA CGGTTGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:6579	SEQ ID NO:22604
			VISYDGGYKNYVDSVKG	SEQ ID NO:14591	GTHGYYYGVDV
				SEQ ID NO:6580	SEQ ID NO:22605
iPS:435833	21-225_190D12	NA	AGCTATGGCATGAGC	GCTATTATTGGTAATGGT GGTAGGACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATATGGGTACAGATACAGCTA TGGTTTCTTTGACTAC
		AA	IYGMH	SEQ ID NO:6581	SEQ ID NO:22606
			VIWYDGSNKNYADSVKG	SEQ ID NO:14593	SEQ ID NO:22607

【図４９－６４０】

FIGURE 49

		AA	SYAMS	AIGNGGRTYYADSVKG	DMGRYSYGFFDY
			SEQ ID NO:6582	SEQ ID NO:14594	SEQ ID NO:22606
iPS:435835	21-225_190F12	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATGACTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATAGAAGCGTCGGCTACGA CGGTTTAGATGTC
			SEQ ID NO:6583	SEQ ID NO:14595	SEQ ID NO:22607
		AA	NYGMH	VIWYDGSNDYYADSVKG	DRSVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6584	SEQ ID NO:14596	SEQ ID NO:22608
iPS:435837	21-225_198G3	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AACTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6585	SEQ ID NO:14597	SEQ ID NO:22609
		AA	TYGMH	VIWYDGTNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6586	SEQ ID NO:14598	SEQ ID NO:22610
iPS:435839	21-225_191B1	NA	AGTTATCACTGGAGC	CATATCTATACCAGTGG GAGCACCAAGTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	CTCCGGTATAACTGGAACTT CCCTTTCTTTGACTAT
			SEQ ID NO:6587	SEQ ID NO:14599	SEQ ID NO:22611
		AA	SYHWS	HIYTSGSTKYNPSLKS	LRYNWNPPFFDY
			SEQ ID NO:6588	SEQ ID NO:14600	SEQ ID NO:22612
iPS:435841	21-225_191D8	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TCGTTACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
			SEQ ID NO:6589	SEQ ID NO:14601	SEQ ID NO:22613
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
			SEQ ID NO:6590	SEQ ID NO:14602	SEQ ID NO:22614

【図４９－６４１】

FIGURE 49

iPS:435843	21-225_191F1	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6591	SEQ ID NO:14603	SEQ ID NO:22615
		AA	SGGYYWN	YIPYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6592	SEQ ID NO:14604	SEQ ID NO:22616
iPS:435845	21-225_191G1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGGGGGGTGGGTTACTA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6593	SEQ ID NO:14605	SEQ ID NO:22617
		AA	SYGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DRGVGYYGLDV
				SEQ ID NO:14606	SEQ ID NO:22618
iPS:435847	21-225_191A3	NA	AGTGGTGGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6595	SEQ ID NO:14607	SEQ ID NO:22619
		AA	SGDYYWN	YIPYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6596	SEQ ID NO:14608	SEQ ID NO:22620
iPS:435849	21-225_191C3	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTTCTACTACG GTATGGACGTC
		AA	SGDYYWN	YIPYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHFYYGMDV
			SEQ ID NO:6597	SEQ ID NO:14609	SEQ ID NO:22621
iPS:435851	21-225_191D3	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6598	SEQ ID NO:14610	SEQ ID NO:22622
		AA	SYHWS	LIYTSRSTNYNPSLKS	LRYNWNFPYFDY
			SEQ ID NO:6602	SEQ ID NO:14614	SEQ ID NO:22626
iPS:435855	21-225_191G3	NA	AATTATGATATCAAC	CGGATGEAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACATCTT TGACTAC
			SEQ ID NO:6603	SEQ ID NO:14615	SEQ ID NO:22627
		AA	NYDIN	RMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYIFDY
			SEQ ID NO:6604	SEQ ID NO:14616	SEQ ID NO:22628
iPS:435857	21-225_191A4	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA GGTTATAAAAACTATGC CGGTGTGGACGTC AGACTCCGTGAAGGGC	GGTACCCACGGGTACTACTA CGGTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6605	SEQ ID NO:14617	SEQ ID NO:22629
		AA	SYGMH	VISYDGGYKNYADSVKG	GTHGYYYGVDV
			SEQ ID NO:6606	SEQ ID NO:14618	SEQ ID NO:22630
iPS:435859	21-225_190E6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6607	SEQ ID NO:14619	SEQ ID NO:22631
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6608	SEQ ID NO:14620	SEQ ID NO:22632

【図４９－６４２】

FIGURE 49

		AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6600	SEQ ID NO:14612	SEQ ID NO:22624
iPS:435853	21-225_191E3	NA	AGCTACCACTGGAGC	CTTATCTATACCAGTAGG AGCACCAATTACAACCC CTCCCTCAAGAGT	CTCCGGTATAACTGGAACTT CCCTTACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6601	SEQ ID NO:14613	SEQ ID NO:22625
		AA	SYHWS	LIYTSRSTSYNPSLKS	LRYNWNFPYFDY
			SEQ ID NO:6614	SEQ ID NO:14624	SEQ ID NO:22626
iPS:435855	21-225_191G3	NA	AATTATGATATCAAC	CGGATGEAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACATCTT TGACTAC
			SEQ ID NO:6603	SEQ ID NO:14615	SEQ ID NO:22627
		AA	NYDIN	RMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYIFDY
			SEQ ID NO:6604	SEQ ID NO:14616	SEQ ID NO:22628
iPS:435857	21-225_191A4	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA GGTTATAAAAACTATGC CGGTGTGGACGTC AGACTCCGTGAAGGGC	GGTACCCACGGGTACTACTA CGGTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6605	SEQ ID NO:14617	SEQ ID NO:22629
		AA	SYGMH	VISYDGGYKNYADSVKG	GTHGYYYGVDV
			SEQ ID NO:6606	SEQ ID NO:14618	SEQ ID NO:22630
iPS:435859	21-225_190E6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6607	SEQ ID NO:14619	SEQ ID NO:22631
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6608	SEQ ID NO:14620	SEQ ID NO:22632

【図４９－６４３】

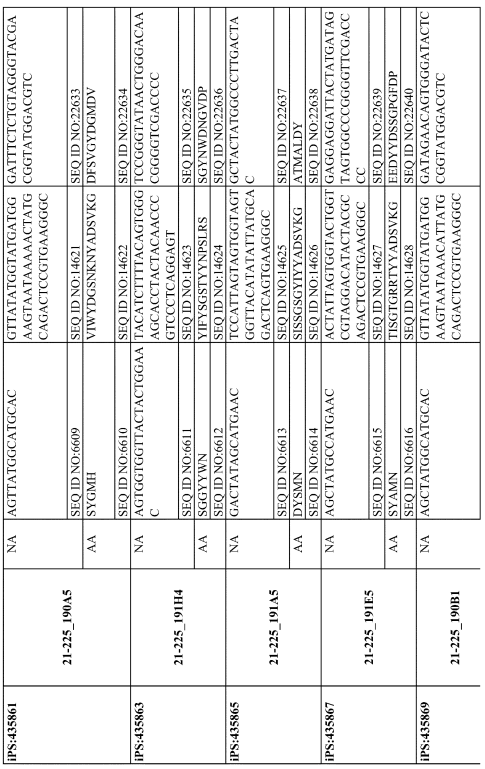


FIGURE 49

iPS:435861	21-225_190A5		NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATTTCTCTGTAGGGTACGA CGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH		SEQ ID NO:6609	SEQ ID NO:14621	SEQ ID NO:22633
					SEQ ID NO:6610	SEQ ID NO:14622	SEQ ID NO:22634
iPS:435863	21-225_191H4		NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCCTCAGGAGT	TCCGGGTATAACTGGGACAA CGGGGTCGACCCCC
					SEQ ID NO:6611	SEQ ID NO:14623	SEQ ID NO:22635
		AA	SGGYYWN		YIFYSGSTYYNPSLRS	SGYNWDNGVDP	
					SEQ ID NO:6612	SEQ ID NO:14624	SEQ ID NO:22636
iPS:435865	21-225_191A5		NA	GACTATAGCATGAAC	TCCATTACTAGTGGTAGT GGTTACATATTATTGCA GACTCAGTGAAGGGC	GCTACTATGGCCCTTGACTA C	
					SEQ ID NO:6613	SEQ ID NO:14625	SEQ ID NO:22637
		AA	DYSMN		SISSGSGYIYYADSVKG	ATMALDY	
					SEQ ID NO:6614	SEQ ID NO:14626	SEQ ID NO:22638
iPS:435867	21-225_191E5		NA	AGCTATGCCATGAAC	ACTATTAGTGGTACTGGT CGTAGGACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAGGATTACTATGATAG TACTGGCCCCGGGGTTCGACC CC	
					SEQ ID NO:6615	SEQ ID NO:14627	SEQ ID NO:22639
		AA	SYAMN		TISGTGRRTYYADSVKG	EEDYYDSSGPGFDP	
					SEQ ID NO:6616	SEQ ID NO:14628	SEQ ID NO:22640
iPS:435869	21-225_190B1		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAACATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGAACAGTGGGATACTC CGGTATGGACGTC	

【図４９－６４４】

FIGURE 49

	21-225_190B1		NA	SEQ ID NO:6617	SEQ ID NO:14629	SEQ ID NO:22641	
		AA	SYGMH		VIWYDGSNKHYADSVKG	DRTVGYSGMDV	
iPS:435871	21-225_191E6		NA	SEQ ID NO:6618	SEQ ID NO:14630	SEQ ID NO:22642	
				AGCTACCACTGGAGC	CTTATCTATACCAGTAGG AGCACCAATTACAACCC CTCCCCTCAAGAGT	CTCCGGTATAACTGGAACTT CCCTTACTTTGACTTC	
				SEQ ID NO:6619	SEQ ID NO:14631	SEQ ID NO:22643	
		AA	SYHWS		LIYTSRSTNYNPSLKS	LRYNWNFPYFDF	
				SEQ ID NO:6620	SEQ ID NO:14632	SEQ ID NO:22644	
iPS:435873	21-225_190G4		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC	
				SEQ ID NO:6621	SEQ ID NO:14633	SEQ ID NO:22645	
		AA	SYGMH		VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGYGYDGLDV	
				SEQ ID NO:6622	SEQ ID NO:14634	SEQ ID NO:22646	
iPS:435875	21-225_190H9		NA	ACCTATGCCATGAGT	GCTATTAGTCGTAGTGGT GGTAACACACACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATGGATTCGGTGGGAGCTC CTACTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:6623	SEQ ID NO:14635	SEQ ID NO:22647	
		AA	TYAMS		ASRSGGNTHYADSVKG	DGFGGSSYFDY	
				SEQ ID NO:6624	SEQ ID NO:14636	SEQ ID NO:22648	
iPS:435877	21-225_1841F7		NA	AGCTACAATATGGCAC	TGGATCACACCTAACAA TCGTTGGCTCAAACTATA CACAGAAGTTTCAGGGC	AAGTTTGGGGAC	
				SEQ ID NO:6625	SEQ ID NO:14637	SEQ ID NO:22649	
		AA	SYNMH		WINPNNGGSNYTQKFQG	KFGD	

【図４９－６４５】

FIGURE 49

iPS:435879	21-225_184H10		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATTGGTATGATGAA ACTATAAACACTATGG AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:14638 GAGGTTGGCTGGCACGATGA CTAT	SEQ ID NO:22650
					SEQ ID NO:14639	SEQ ID NO:22651	
		AA	DYGMH		VIWYDETNKHYGDSVKG	EVGWHDDY	
					SEQ ID NO:14640	SEQ ID NO:22652	
iPS:435881	21-225_184D11		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGATGAA ACTAATAAACACTATGG AGACTCCGTGAAGGGC	GAGGTTGGCTGGCACGATGA CTAT	
					SEQ ID NO:14641	SEQ ID NO:22653	
		AA	DYGMH		VIWYDETNKHYGDSVKG	EVGWHDDY	
					SEQ ID NO:14642	SEQ ID NO:22654	
iPS:435883	21-225_185A1		NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGCAGTAGTGGT AGTTACATATTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	AGCAACCTTTTTGACTGC	
					SEQ ID NO:14643	SEQ ID NO:22655	
		AA	SYSMN		SISSSGSYIYYADSVKG	SNLFDC	
					SEQ ID NO:14644	SEQ ID NO:22656	
iPS:435885	21-225_185E10		NA	AGCTACAATATGCAC	TCGTATCACAACCTAACAA ITGGTGGCTCAAACTATA CACAGAAGTTTCAGGGC	AAGTTTGGGGAC	
					SEQ ID NO:14645	SEQ ID NO:22657	
		AA	SYNMH		WINPNNGGSNYTQKFQG	KFGD	
					SEQ ID NO:14646	SEQ ID NO:22658	

【図４９－６４６】

FIGURE 49

iPS:435887	21-225_186F7		NA	ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATATTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCATTACGATTTTTGGAG TGGGCACTTTGACTAC	
					SEQ ID NO:14647	SEQ ID NO:22659	
		AA	TYGMH		IIWYDGSYKYYADSVKG	DHYDFWSGHFDY	
					SEQ ID NO:14648	SEQ ID NO:22660	
iPS:435889	21-225_186A11		NA	AGCTATGCCATGAGT	GTTATTAGTGGTAGAGG TCGTACCACATTCTACCGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGGACTGGGGATGATGTTTT TGATATC	
					SEQ ID NO:14649	SEQ ID NO:22661	
		AA	SYAMS		VISGRGGTFYYADSVKG	RTGDDVFDI	
					SEQ ID NO:14650	SEQ ID NO:22662	
iPS:435891	21-225_188H5		NA	AGCTACAATATGCAC	TCGTATCAACCCTAACAG TCGTGGCTCAAACTATA CACAGAAGTTTCAGGGC	AAGTTTGGGGAC	
					SEQ ID NO:14651	SEQ ID NO:22663	
		AA	SYNMH		WINPNSGGSNYTQKFQG	KFGD	
					SEQ ID NO:14652	SEQ ID NO:22664	
iPS:435895	21-225_188E8		NA	AGCTCTGCCATGAAC	GTTATTAGTGGTAGTGGT AGTTACATCATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	AGGAACACCGATGATGCTTT TGATATC	
					SEQ ID NO:14653	SEQ ID NO:22665	
		AA	SSAMN		VISGSGGYTYYADSVKG	RNTDDAFDI	
					SEQ ID NO:14654	SEQ ID NO:22666	
iPS:435897	21-225_188B9		NA	AGCTACAATATGGCAC	TCGATCACACCTAACAG TCGTTGGCTCAAACTATA CACAGAAGTTTCAGGGC	AAGTTTGGGGAC	
					SEQ ID NO:14655	SEQ ID NO:22667	
		AA	SYNMH		WINPNSGGSNYTQKFQG	KFGD	
				SEQ ID NO:6644	SEQ ID NO:14656	SEQ ID NO:22668	

【図４９－６４７】

FIGURE 49

iPS:435899	21-225_188G11	NA	AGTTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGATACGATTTTTGGAG TGGTCATTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6645	SEQ ID NO:22669
		AA	SYGMH	IIWYDGSYKYYADSVKG	ERYDFWSGHPDY
				SEQ ID NO:6646	SEQ ID NO:22670
iPS:435901	21-225_189G2	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGATTCTGATTTTGGAG TGGTTATTCCGACTAC
				SEQ ID NO:6647	SEQ ID NO:22671
		AA	NYGMH	IIWYDGSYKYYADSVKG	DRFDFWSGYSDY
				SEQ ID NO:6648	SEQ ID NO:22672
iPS:435903	21-225_190E2	NA	GACTACTACATGAGC	TACATTAGTAGTAATGTGGT ACTACCGTATTCTACGCA GACTCTGTGAAGAGGC	GAATGTGGTGGGAGCCGACTA C
				SEQ ID NO:6649	SEQ ID NO:22673
		AA	DYYMS	YISSSGTTVFYADSVKG	EWVGADY
				SEQ ID NO:6650	SEQ ID NO:22674
iPS:435905	21-225_190A3	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAA C	TTCATCTTTTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GCGGATTACGATGGTTCGGG GTATTGGACGTC
				SEQ ID NO:6651	SEQ ID NO:22675
		AA	SGGYYWN	FIFYSGSTYYNPSLKS	GIDYDGSGSYHYYYGMDV
				SEQ ID NO:6652	SEQ ID NO:22676
iPS:435907	21-225_190G3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGG AAGTTATAAAACTATGT AGACTCCGTGAAGGGC	CGGTGTGGACGTC
				SEQ ID NO:6653	SEQ ID NO:22677
		AA	SYGMH	VISYDGGYKNYYDSVKG	GTHGYYYGYDV
				SEQ ID NO:6654	SEQ ID NO:22678

【図４９－６４８】

FIGURE 49

iPS:435909	21-225_190H3	NA	AGCTATGCCCATGAGC	GCTATTATGGTCGTGGT GGTAACACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATGGATTCCGGTGGGAGCTC CTATTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6655	SEQ ID NO:22679
		AA	SYAMS	AISGRGGNTYYADSVKG	DGFGGSSYFDY
				SEQ ID NO:6656	SEQ ID NO:22680
iPS:435911	21-225_190B4	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GCGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTACTACG GTATGGACGTC
				SEQ ID NO:6657	SEQ ID NO:22681
		AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GIDYDGSGSYHYYYGMDV
				SEQ ID NO:6658	SEQ ID NO:22682
iPS:435913	21-225_190A7	NA	AGTGGTGTTTACTACTGGGAG C	AACATCTATTACAGTGG GAGCACCTACAACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GCGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTACTACG GTTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6659	SEQ ID NO:22683
		AA	SGVYYWS	NIYYSGSTYNNPSLKS	GIDYDGSGSYHYYYGLDV
				SEQ ID NO:6660	SEQ ID NO:22684
iPS:435915	21-225_190H4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG TCACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACATCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:6661	SEQ ID NO:22685
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFDY
				SEQ ID NO:6662	SEQ ID NO:22686
iPS:435917	21-225_190D5	NA	AATTACTACTGGAGC	CGTATCTATGCCAGTGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GATCGGGGATACTATGGCTA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:6663	SEQ ID NO:22687
		AA	NYYWS	RIYASGSTNYNPSLKS	DRGYYGYYGMDV

【図４９－６４９】

FIGURE 49

iPS:435919	21-225_190H5	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA GGTTATAAAAACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	CGTACCCACGGGTACTACTACTA CGGTGTGGACGTC
				SEQ ID NO:6665	SEQ ID NO:22689
		AA	SYGMH	VISYDGGYKNYADSVKG	GTHGYYYGVDV
				SEQ ID NO:6666	SEQ ID NO:22690
iPS:435921	21-225_190D6	NA	AGCTTTATCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC TC	GAGGAGTATAGCAGTGGCTG GTTCGGGTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:6667	SEQ ID NO:22691
		AA	SFIMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EEYSSGWFGYGMDV
				SEQ ID NO:6668	SEQ ID NO:22692
iPS:435923	21-225_190I6	NA	GACTACTACATGAGC	TACATTAGTAGTAGTGGT ACTACCGTATTCTACGCA GACTCTGTGAAGGGC	GAATGGGGTGGGAGCCGACTA C
				SEQ ID NO:6669	SEQ ID NO:22693
		AA	DYYMS	YISSSGTTVFYADSVKG	EWVGADY
				SEQ ID NO:6670	SEQ ID NO:22694
iPS:435925	21-225_190D7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAAACCCTAATAG TGGTAATACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACATCTTCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:6671	SEQ ID NO:22695
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY
				SEQ ID NO:6672	SEQ ID NO:22696

【図４９－６５０】

FIGURE 49

iPS:435927	21-225_190E7	NA	AGTTACCACTGGAGT	CATATCTATACCAGTAG GAGCACCAAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	CTCCGGTATAAACTGGAACTT CCCTTACTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6673	SEQ ID NO:22697
		AA	SYHWS	HIYYSRSTNYNPSLKS	LRYNWNFPYFDY
				SEQ ID NO:6674	SEQ ID NO:22698
iPS:435929	21-225_190D9	NA	AGCTATGCCATGAGT	ACTATTAGTGGTACTGGT CGTAGGACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC CC	GAGGAGGATTACTATGATAG TAGTGGCCCCGGGGTTCGACC CC
				SEQ ID NO:6675	SEQ ID NO:22699
		AA	SYAMS	TISGTGRRTYYADSVKG	EHDYYDSSGPGFDP
				SEQ ID NO:6676	SEQ ID NO:22700
iPS:435933	21-225_190F8	NA	ACTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6677	SEQ ID NO:22701
		AA	TYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DQGVGYDGLDV
				SEQ ID NO:6678	SEQ ID NO:22702
iPS:435935	21-225_190H8	NA	AGCTATGCCATGAGC	ACTATTAGTGGTACTGGT CGTAGGACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC CC	GACGAGGATTACTATGATAG TAGTGGCCCCGGGGTTCGACC CC
				SEQ ID NO:6679	SEQ ID NO:22703
		AA	SYAMS	TISGTGRRTYYADSVKG	EEDYYDSSGPGFDP
				SEQ ID NO:6680	SEQ ID NO:22704
iPS:435937	21-225_190H9	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATGACTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATAGAAGCGTCGGCTACGA CGGTTTAGATGTC
				SEQ ID NO:6681	SEQ ID NO:22705

【図４９－６５１】

FIGURE 49

IPS:435939	21-225_191H7	NA	NYGMH	VIWTDGSNDYYADSVKG	DRSVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6682	SEQ ID NO:14694	SEQ ID NO:22706
			AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG GCAGCCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6683	SEQ ID NO:14695	SEQ ID NO:22707
		AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6684	SEQ ID NO:14696	SEQ ID NO:22708
IPS:435941	21-225_191E8	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTAATCAATACTATGC CGACTCCGTGAAGGGC	GCCCACGGGGTCTACTACTA CGCTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6685	SEQ ID NO:14697	SEQ ID NO:22709
		AA	NYGMH	IIWFDGSNQYYADSVKG	AHGVYYYYAMDV
			SEQ ID NO:6686	SEQ ID NO:14698	SEQ ID NO:22710
IPS:435943	21-225_191C9	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAA C	TATATCTATTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	TCCGGGTATAATTGGGACGC CGGGGTCGACCCC
			SEQ ID NO:6687	SEQ ID NO:14699	SEQ ID NO:22711
		AA	SGGYYWN	YIYYSGSTYYNPSLKS	SGYNWDAGVDP
			SEQ ID NO:6688	SEQ ID NO:14700	SEQ ID NO:22712
IPS:435945	21-225_191A10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6689	SEQ ID NO:14701	SEQ ID NO:22713
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6690	SEQ ID NO:14702	SEQ ID NO:22714

【図４９－６５２】

FIGURE 49

IPS:435947	21-225_191E10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6691	SEQ ID NO:14703	SEQ ID NO:22715
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6692	SEQ ID NO:14704	SEQ ID NO:22716
IPS:435953	21-225_191B12	NA	GACTACTACATGAGC	TACATTTAGTAGTAGTGGTI ACTACCGTATTCTACGCA GACTCTGTGAAGGGC	GAATGGGTGGGAGCCGACTA C
			SEQ ID NO:6693	SEQ ID NO:14705	SEQ ID NO:22717
		AA	DYYMS	YISSSGTTVFYADSVKG	EWVGADY
			SEQ ID NO:6694	SEQ ID NO:14706	SEQ ID NO:22718
IPS:435957	21-225_191G12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6695	SEQ ID NO:14707	SEQ ID NO:22719
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6696	SEQ ID NO:14708	SEQ ID NO:22720
IPS:435961	21-225_192A2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTTATAAATACTATG CACGCCTTGGACTACTTCT ACGGTATGGACGTC	CTACGCCTTGGACTACTTCT ACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6697	SEQ ID NO:14709	SEQ ID NO:22721
		AA	SYGMH	VIWYDGSYKYYADSVKG	EDSPYSGYALDYFYGMDV
			SEQ ID NO:6698	SEQ ID NO:14710	SEQ ID NO:22722

【図４９－６５３】

FIGURE 49

IPS:435963	21-225_192D2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGTGGGGTTGGCTACTA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6699	SEQ ID NO:14711	SEQ ID NO:22723
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DRGVGYYGMDV
			SEQ ID NO:6700	SEQ ID NO:14712	SEQ ID NO:22724
IPS:435965	21-225_192H2	NA	AGCTCTGCCATGAGC	GCCATTAGTGGTAGTGG TGGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CTCATAGCAGTAGTTGGGTC CCACTACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6701	SEQ ID NO:14713	SEQ ID NO:22725
		AA	SSAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	LIAVVGSHYFDY
			SEQ ID NO:6702	SEQ ID NO:14714	SEQ ID NO:22726
IPS:435967	21-225_192H3	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TTCATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6703	SEQ ID NO:14715	SEQ ID NO:22727
		AA	SGDYYWN	FIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6704	SEQ ID NO:14716	SEQ ID NO:22728
IPS:435971	21-225_192D3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGGGGGGGTGGGTTACTA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6705	SEQ ID NO:14717	SEQ ID NO:22729
		AA	SYGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DRGVGYYGLDV
			SEQ ID NO:6706	SEQ ID NO:14718	SEQ ID NO:22730

【図４９－６５４】

FIGURE 49

IPS:435973	21-225_192H3	NA	AGTGTTAGTTACTACTGGAG C	AACCTCTATTACAGTGG GAGCACCTACTACAACC CGTCCCTCAGGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTACCACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6707	SEQ ID NO:14719	SEQ ID NO:22731
		AA	SVSYYWS	NLYYSGSTYYNPSLRS	GDYDGSGSYHYYYHGMDV
			SEQ ID NO:6708	SEQ ID NO:14720	SEQ ID NO:22732
IPS:435977	21-225_192E4	NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAACAAAAACTATG TAGACTCCGTGAGGGC	GATAGAAGCGTCGGCTACGA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6709	SEQ ID NO:14721	SEQ ID NO:22733
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYVDSYRG	DRSVGYDGMDV
			SEQ ID NO:6710	SEQ ID NO:14722	SEQ ID NO:22734
IPS:435979	21-225_192H4	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGCAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAAGGTGTGGGGTACTA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6711	SEQ ID NO:14723	SEQ ID NO:22735
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYYGMDV
			SEQ ID NO:6712	SEQ ID NO:14724	SEQ ID NO:22736
IPS:435983	21-225_192E5	NA	AATGGTGGATACTACTGGAG C	TACACTCTTTACAGCGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GCGGGATATAACTGGGACAA CGGCGTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6713	SEQ ID NO:14725	SEQ ID NO:22737
		AA	NGGYYWS	YIFYSGSTYYNPSLKS	AGYNWDAGFDY
			SEQ ID NO:6714	SEQ ID NO:14726	SEQ ID NO:22738

【図４９－６５５】

FIGURE 49

iPS:435985	21-225_192F6		NA	AGCTTTATCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGTAAGTAATAAATACTATGTAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGAGTATAGTAGCGGCTGGTTCGGGTACGTCC
				SEQ ID NO:6715	SEQ ID NO:14727	SEQ ID NO:22739
			AA	SFIMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	EEYSSGWFGYGMDV
				SEQ ID NO:6716	SEQ ID NO:14728	SEQ ID NO:22740
iPS:435987	21-225_192G6		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTTTATGGTATGATGGAACTAATAAATACTATGTAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6717	SEQ ID NO:14729	SEQ ID NO:22741
			AA	SYGMH	VLWYDGTNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
				SEQ ID NO:6718	SEQ ID NO:14730	SEQ ID NO:22742
iPS:435989	21-225_192F7		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGAGGTTATAAAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GGTACCCACGGGTACTACTACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6719	SEQ ID NO:14731	SEQ ID NO:22743
			AA	SYGMH	VISYDGGYKNYADSVKG	GTHGYYYGVDV
				SEQ ID NO:6720	SEQ ID NO:14732	SEQ ID NO:22744
iPS:435993	21-225_192C8		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAAGTAATGAAACACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGGGGGAGTGGGTTACTACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6721	SEQ ID NO:14733	SEQ ID NO:22745
			AA	SYGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DRGVGYYGMDV
				SEQ ID NO:6722	SEQ ID NO:14734	SEQ ID NO:22746

【図４９－６５６】

FIGURE 49

iPS:435995	21-225_192F8		NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCAAAGTGGAAGGTCCAACTACACAACCCGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGTCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6723	SEQ ID NO:14735	SEQ ID NO:22747
			AA	GCYWS	EINQSGRSNYNPSLKS	DYGVFDY
				SEQ ID NO:6724	SEQ ID NO:14736	SEQ ID NO:22748
iPS:435997	21-225_192G8		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6725	SEQ ID NO:14737	SEQ ID NO:22749
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
				SEQ ID NO:6726	SEQ ID NO:14738	SEQ ID NO:22750
iPS:435999	21-225_192F9		NA	AGCTACCACTGGAGC	CTTATCTATACCAGTAGGAGCAGCACCAATTACAACCCCTCCCTCAAGAGT	CTCCGGTATAACTGGAACTTCCCTACTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6727	SEQ ID NO:14739	SEQ ID NO:22751
			AA	SYHWS	LIYTSRSTYNPSLKS	LRYNWNEPYFDY
				SEQ ID NO:6728	SEQ ID NO:14740	SEQ ID NO:22752
iPS:436001	21-225_192C10		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGAAGTAATGACTACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATACGAAGCGTCGGCTACGACGGTTTATGATGTC
				SEQ ID NO:6729	SEQ ID NO:14741	SEQ ID NO:22753
			AA	NYGMH	VIWYDGSNDYYADSVKG	DRSVGYDGLDV
				SEQ ID NO:6730	SEQ ID NO:14742	SEQ ID NO:22754
iPS:436003	21-225_192G10		NA	AGCTATGGCCATGAGC	GCTATTTATGTGGTTAGAAGGCGAGTTTAGCACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	CGTTTAGCACTGGATGGCTATGATGTTTTGATATC
				SEQ ID NO:6731	SEQ ID NO:14743	SEQ ID NO:22755

【図４９－６５７】

FIGURE 49

iPS:436005	21-225_192H10		NA	SYAMS	AISGRGGSTFYADSVKG	RLALDGYDAFDI
				SEQ ID NO:6732	SEQ ID NO:14744	SEQ ID NO:22756
				AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6733	SEQ ID NO:14745	SEQ ID NO:22757
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
				SEQ ID NO:6734	SEQ ID NO:14746	SEQ ID NO:22758
iPS:436007	21-225_192G12		NA	AGTGGTGTTTACCACTGGAG C	AACATCCATTACAGCGGGAGCACCTACAACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGGGTACTACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6735	SEQ ID NO:14747	SEQ ID NO:22759
			AA	SGVYHWS	NIHYSGSTYNNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
				SEQ ID NO:6736	SEQ ID NO:14748	SEQ ID NO:22760
iPS:436009	21-225_193A1		NA	AGTGGTGTTTACTACTGGAG C	AACATCTATTACAGTGGAGCACCTACAACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGGGTACTACTACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6737	SEQ ID NO:14749	SEQ ID NO:22761
			AA	SGVYYWS	NIYYSGSTYNNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
				SEQ ID NO:6738	SEQ ID NO:14750	SEQ ID NO:22762
iPS:436011	21-225_193B1		NA	AGTGGTGTTTACTACTGGAG C	AACATCTATTACAGTGGAGCACCTACAACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGGGTACTACTACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:6739	SEQ ID NO:14751	SEQ ID NO:22763
			AA	SGVYYWS	NIYYSGSTYNNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
				SEQ ID NO:6740	SEQ ID NO:14752	SEQ ID NO:22764

【図４９－６５８】

FIGURE 49

iPS:436013	21-225_193F2		NA	ACCTTTGCCATGAGT	GCTATTAGTCGTAGTGGTAGCTACTACGCC	GATGGATTCGGTGGGAGCTCCTACTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6741	SEQ ID NO:14753	SEQ ID NO:22765
			AA	TFAMS	AISRSGGNTHYADSVKG	DGFGGSSYFDY
				SEQ ID NO:6742	SEQ ID NO:14754	SEQ ID NO:22766
iPS:436015	21-225_193B3		NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGGAGCACCTACAACAACC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGGGTACTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:6743	SEQ ID NO:14755	SEQ ID NO:22767
			AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHFYYGMDV
				SEQ ID NO:6744	SEQ ID NO:14756	SEQ ID NO:22768
iPS:436017	21-225_193F3		NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGGAGCACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGGGTACTATTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:6745	SEQ ID NO:14757	SEQ ID NO:22769
			AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
				SEQ ID NO:6746	SEQ ID NO:14758	SEQ ID NO:22770
iPS:436019	21-225_193C4		NA	AGCTATGCCATGAAC	GCTATTATTGGTAATGGTAGGCTACTACGCC	GATCTGGGTAGATACAGCTAGGGTAGAACATACTACGC	TGGTTTCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6747	SEQ ID NO:14759	SEQ ID NO:22771
			AA	SYAMN	AIIGNGGRTYYADSVKG	DLGRYSYGFFDY
				SEQ ID NO:6748	SEQ ID NO:14760	SEQ ID NO:22772
iPS:436021	21-225_193G4		NA	AATTATATGATATCAAC	TGGATGCAACCCTAACAG TCGTAACACAGGCTATG CACAGAAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTTCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:6749	SEQ ID NO:14761	SEQ ID NO:22773
			AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY

【図４９－６５９】

FIGURE 49

iPS:436023	21-225_193A5		NA	AGTTATGATATCAAC	SEQ ID NO:6750	SEQ ID NO:14762	SEQ ID NO:22774
					SEQ ID NO:6751	SEQ ID NO:14763	SEQ ID NO:22775
			AA	SYDIN		WMNPKRGNTGYAQKFQG	GDPYNWNSYAMDV
iPS:436025	21-225_193B5		NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG	SEQ ID NO:6752	SEQ ID NO:14764	SEQ ID NO:22776
					SEQ ID NO:6753	SEQ ID NO:14765	SEQ ID NO:22777
			AA	SGGYYWS	YIFYSGSTYYNPSLKS	GEYNWNHGMDV	
iPS:436027	21-225_193E6		NA	GGTCCCTACTGGAGT	SEQ ID NO:6754	SEQ ID NO:14766	SEQ ID NO:22778
					SEQ ID NO:6755	SEQ ID NO:14767	SEQ ID NO:22779
			AA	GPYWS	ESNHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDY	
iPS:436029	21-225_193H6		NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA	SEQ ID NO:6756	SEQ ID NO:14768	SEQ ID NO:22780
					SEQ ID NO:6757	SEQ ID NO:14769	SEQ ID NO:22781
			AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV	
					SEQ ID NO:6758	SEQ ID NO:14770	SEQ ID NO:22782

【図４９－６６０】

FIGURE 49

iPS:436031	21-225_193C7		NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:6759	SEQ ID NO:14771	SEQ ID NO:22783
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV	
iPS:436033	21-225_193E7		NA	GGTTACTTCTGGACC	SEQ ID NO:6760	SEQ ID NO:14772	SEQ ID NO:22784
					SEQ ID NO:6761	SEQ ID NO:14773	SEQ ID NO:22785
			AA	GYFWT	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGADY	
iPS:436035	21-225_193C8		NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA	SEQ ID NO:6762	SEQ ID NO:14774	SEQ ID NO:22786
					SEQ ID NO:6763	SEQ ID NO:14775	SEQ ID NO:22787
			AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV	
iPS:436037	21-225_193D8		NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAA	SEQ ID NO:6764	SEQ ID NO:14776	SEQ ID NO:22788
					SEQ ID NO:6765	SEQ ID NO:14777	SEQ ID NO:22789
			AA	SGGYYWN	FIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV	
iPS:436039	21-225_193F8		NA	ATCTATGGCATGGAC	SEQ ID NO:6766	SEQ ID NO:14778	SEQ ID NO:22790
					SEQ ID NO:6767	SEQ ID NO:14779	SEQ ID NO:22791

【図４９－６６１】

FIGURE 49

iPS:436041	21-225_193G8		AA	IYGMD	VIWYDGSYKYYADSVKG	EDSPYSGYGLDYYYGMDV	
					SEQ ID NO:6768	SEQ ID NO:14780	SEQ ID NO:22792
			NA	AGTGGTGTTTACTACTGGAG C	GCGGATTACGATGGTTCGGG GAGCACCTACAACAACC CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:14781	SEQ ID NO:22793
					SEQ ID NO:6769	SEQ ID NO:14781	SEQ ID NO:22793
			AA	SGYYYWS	NIYYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHFYYGLDV	
					SEQ ID NO:6770	SEQ ID NO:14782	SEQ ID NO:22794
iPS:436043	21-225_193G9		NA	AATGGTGGATACTACTGGAG C	TACATCTTTTACAGCGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:14783	SEQ ID NO:22795
					SEQ ID NO:6771	SEQ ID NO:14783	SEQ ID NO:22795
			AA	NGGYYWS	YIFYSGSTYYNPSLKS	AGYNWDNGFDY	
					SEQ ID NO:6772	SEQ ID NO:14784	SEQ ID NO:22796
iPS:436045	21-225_193A10		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:14785	SEQ ID NO:22797
					SEQ ID NO:6773	SEQ ID NO:14785	SEQ ID NO:22797
			AA	SYGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DRGVGYYGLDV	
					SEQ ID NO:6774	SEQ ID NO:14786	SEQ ID NO:22798
iPS:436047	21-225_193B10		NA	GACTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTGCTGGT GGTTACATATACTACGC AGACTCCACTGAAGGGC	SEQ ID NO:14787	SEQ ID NO:22799
					SEQ ID NO:6775	SEQ ID NO:14787	SEQ ID NO:22799
			AA	DYSMN	SISSAGGYIYYADSLKG	ATMALIDY	
					SEQ ID NO:6776	SEQ ID NO:14788	SEQ ID NO:22800

【図４９－６６２】

FIGURE 49

iPS:436049	21-225_193B12		NA	AGTGCTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTTCTACTACG GTATGGACGTC	
					SEQ ID NO:6777	SEQ ID NO:14789	SEQ ID NO:22801
			AA	SADYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHFYYGMDV	
					SEQ ID NO:6778	SEQ ID NO:14790	SEQ ID NO:22802
iPS:436051	21-225_193G12		NA	AGCTATGCCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AACTAATAAATACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC	GATTTCACTATAACTGGAGC TACATTTTTGACTAC	
					SEQ ID NO:6779	SEQ ID NO:14791	SEQ ID NO:22803
			AA	SYAMH	VIWYDGTNKYYGDSVKG	DFTITGATYFDY	
					SEQ ID NO:6780	SEQ ID NO:14792	SEQ ID NO:22804
iPS:436054	21-225_194C1		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	AATAGGGGGGGTGGGTTACTA CGGTTTGGACGTC	
					SEQ ID NO:6781	SEQ ID NO:14793	SEQ ID NO:22805
			AA	SYGMH	VIWYDGSNERYADSVKG	NRGVGYYGLDV	
					SEQ ID NO:6782	SEQ ID NO:14794	SEQ ID NO:22806
iPS:436056	21-225_194C3		NA	AATTACTACTGGAGC	CGTACTATGCCAGTGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GATCGGGGATACTATGGCTA CTACGGTATGGACGTC	
					SEQ ID NO:6783	SEQ ID NO:14795	SEQ ID NO:22807
			AA	NYYWS	RIYASGSTNYNPSLKS	DRGYYGMYYGMDV	
					SEQ ID NO:6784	SEQ ID NO:14796	SEQ ID NO:22808

【図４９－６６３】

721/4125

FIGURE 49

iPS:436058	21-225_194A4	NA	GTCTACTATTTGAAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG	GGCTACGATATTTGACTGG T
			SEQ ID NO:6785	SEQ ID NO:14797	SEQ ID NO:22809
		AA	VYYLN	WNPNSGGTNYAQKFQG	GYDILTG
			SEQ ID NO:6786	SEQ ID NO:14798	SEQ ID NO:22810
iPS:436060	21-225_194F4	NA	AGTTACCACTGGAGC	CTTATCTATACCAGTAGG AGCACCAACTACAACCC	CTCCGGTATAACTGGAACTT CCCTTACTTGACTAC
			SEQ ID NO:6787	SEQ ID NO:14799	SEQ ID NO:22811
		AA	SYHWS	LIYTSRSTNYNPSLKS	LRYNWNFPYFDY
			SEQ ID NO:6788	SEQ ID NO:14800	SEQ ID NO:22812
iPS:436062	21-225_194E5	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATTACG
			SEQ ID NO:6789	SEQ ID NO:14801	SEQ ID NO:22813
		AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6790	SEQ ID NO:14802	SEQ ID NO:22814
iPS:436064	21-225_194E6	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TTCATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATTACG
			SEQ ID NO:6791	SEQ ID NO:14803	SEQ ID NO:22815
		AA	SGDYYWN	FIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6792	SEQ ID NO:14804	SEQ ID NO:22816
iPS:436066	21-225_194B7	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6793	SEQ ID NO:14805	SEQ ID NO:22817

【図４９－６６４】

722/4125

FIGURE 49

		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DRSKGYDGMDV
			SEQ ID NO:6794	SEQ ID NO:14806	SEQ ID NO:22818
iPS:436068	21-225_194F7	NA	GACTACTACATACAC	TGGATCAACCCTAACAA TGGTGGCACAAACTATG	GAACCCCTTGGTTACTATGG TTCGGGGAGTTATGGGCCT
				CACAGAAAATTTCAGGGC	ACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6795	SEQ ID NO:14807	SEQ ID NO:22819
		AA	DYYIH	WINPNNGGTNYAQKFQG	EPLGYYGSGSYGAYGMDV
			SEQ ID NO:6796	SEQ ID NO:14808	SEQ ID NO:22820
iPS:436072	21-225_194C10	NA	TATTACTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC	GACTACGGTGCTTTTGATAT C
				CGTCCCTCAAGAGT	
			SEQ ID NO:6797	SEQ ID NO:14809	SEQ ID NO:22821
		AA	YYYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGAFDI
			SEQ ID NO:6798	SEQ ID NO:14810	SEQ ID NO:22822
iPS:436074	21-225_194F10	NA	AGCTTTATCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAATACTATG	GAGGAGTATAGCAGTGGCTG GTTCGGGCTACGGTATGGACG
				CAGCATCCCGTGAAGGGC	TC
			SEQ ID NO:6799	SEQ ID NO:14811	SEQ ID NO:22823
		AA	SFIMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EEYSSGWFGYGMDV
			SEQ ID NO:6800	SEQ ID NO:14812	SEQ ID NO:22824
iPS:436076	21-225_194H11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG	GATACGCGGGGCTGGGTTATTA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6801	SEQ ID NO:14813	SEQ ID NO:22825

【図４９－６６５】

723/4125

FIGURE 49

		AA	SYGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DRGVGYYGLDV
			SEQ ID NO:6802	SEQ ID NO:14814	SEQ ID NO:22826
iPS:436078	21-225_194H12	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATTGATGGA AGTAATGACTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATAGAAGCGTCGGCTACGA CGGTTTAGATGTC
			SEQ ID NO:6803	SEQ ID NO:14815	SEQ ID NO:22827
		AA	NYGMH	VIWFDGSNDYYADSVKG	DRSVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6804	SEQ ID NO:14816	SEQ ID NO:22828
iPS:436080	21-225_195B1	NA	TATTACTTCTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG ACGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGCTTTTGATAT C
			SEQ ID NO:6805	SEQ ID NO:14817	SEQ ID NO:22829
		AA	YYFWS	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGAFDI
			SEQ ID NO:6806	SEQ ID NO:14818	SEQ ID NO:22830
iPS:436082	21-225_195D9	NA	CACTATGTCATGCAC	GTTATTTGGTATGATGGA ACTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATTGGTTCGGGGAGGGGAA CTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6807	SEQ ID NO:14819	SEQ ID NO:22831
		AA	HYVMH	VIWYDGTNKYYADSVKG	DWFGEGNYYYGMDV
			SEQ ID NO:6808	SEQ ID NO:14820	SEQ ID NO:22832
iPS:436084	21-225_195F2	NA	AGCGGTGGTTACTACTGGAG C	TACAGCTATTACAGTGG GAGCACCAACTATAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGGGTATAACTGGAACAA CGGGTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6809	SEQ ID NO:14821	SEQ ID NO:22833
		AA	SGGYYWS	YSYYSGSTNYNPSLKS	GGYNWNNGFDY
			SEQ ID NO:6810	SEQ ID NO:14822	SEQ ID NO:22834

【図４９－６６６】

724/4125

FIGURE 49

		AA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG	GATCAGGGCGTGGGCTACGA CGGTTTGGACGTC
iPS:436086	21-225_191G10			CAGACTCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:6811	SEQ ID NO:14823	SEQ ID NO:22835
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6812	SEQ ID NO:14824	SEQ ID NO:22836
iPS:436088	21-225_195C8	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTTCTACTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6813	SEQ ID NO:14825	SEQ ID NO:22837
		AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6814	SEQ ID NO:14826	SEQ ID NO:22838
iPS:436090	21-225_195A9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGGGGGGGTGGGTTACTA CGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6815	SEQ ID NO:14827	SEQ ID NO:22839
		AA	SYGMH	VIWYDGSNERYADSVKG	DRGVGYYGLDV
			SEQ ID NO:6816	SEQ ID NO:14828	SEQ ID NO:22840
iPS:436092	21-225_195B9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAATGGCTACAACTATCAGGTA CTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6817	SEQ ID NO:14829	SEQ ID NO:22841
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EWLQPRYYYGMDV
			SEQ ID NO:6818	SEQ ID NO:14830	SEQ ID NO:22842

【図４９－６６７】

FIGURE 49

iPS:436094	21-225_195B10		NA	AATATGTGGTTACTACTGGAGC	TACATTGTATTACAGTGGGAGCACCACTACTACACAACCCGTCCCTCAAGAGT	GGGGGGTATAACTGGAAACAATGGTTTGTGACTGT
					SEQ ID NO:6819	SEQ ID NO:14831	SEQ ID NO:22843
			AA	NSGYYWS	YMYYSGSTYYNPSLKS	GGYNWNHGPDC
					SEQ ID NO:6820	SEQ ID NO:14832	SEQ ID NO:22844
iPS:436096	21-225_195E10		NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAGC	TACATCTATTACAGTGGGAGCACCACTACTACACAACCGTCCCTCAAGAGT	GGGGGGTATAACTGGAAACCACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6821	SEQ ID NO:14833	SEQ ID NO:22845
			AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYYNPSLKS	GGYNWNHGMDV
					SEQ ID NO:6822	SEQ ID NO:14834	SEQ ID NO:22846
iPS:436098	21-225_195G11		NA	GACTACTACATGAGC	TACATTAGTAGTAAGTGGTACTAGCAGCCGTGAAGGGC	GAATGGGTGGGAGCCGACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6823	SEQ ID NO:14835	SEQ ID NO:22847
			AA	DYYMS	YISSSGTTVFYADSVKG	EWVGADY
					SEQ ID NO:6824	SEQ ID NO:14836	SEQ ID NO:22848
iPS:436100	21-225_195G12		NA	ACCTATGCCATGAGT	GCTATTAGTGGTAGTGGTGGTACATTACGTCCGTGAAGGGC	GATGGATTCGGTGGGGAGCTCCTACTTTGACTAC
					SEQ ID NO:6825	SEQ ID NO:14837	SEQ ID NO:22849
			AA	TYAMS	AISRSGGNTIHYADSVKG	DGFGGSSYFDY
					SEQ ID NO:6826	SEQ ID NO:14838	SEQ ID NO:22850
iPS:436102	21-225_196B1		NA	GACTACTACATGAGC	TACATTAGTAGTAGTGGTACTAGCAGCCGTGAAGGGC	GAATGGGTGGGAGCCGACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6827	SEQ ID NO:14839	SEQ ID NO:22851
			AA	DYYMS	YISSSGTTMYYADSVKG	EWVGADY
					SEQ ID NO:6828	SEQ ID NO:14840	SEQ ID NO:22852

【図４９－６６８】

FIGURE 49

iPS:436104	21-225_196C1		NA	GACTACTACATGAGC	TACATTAGTAGTAGTGGTACTAGCAGCCGTGAAGGGC	GAATGGGTGGGAGCCGACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6829	SEQ ID NO:14841	SEQ ID NO:22853
			AA	DYYMS	YISSSGTTVFYADSVKG	EWVGADY
					SEQ ID NO:6830	SEQ ID NO:14842	SEQ ID NO:22854
iPS:436106	21-225_196F2		NA	AGCTTTGGCATGCAC	GTTATATTTAAATGATGGAAGTAATAAAAAAGTGTGTACAGCAGGCCGTGAAGGGC	GGACAGCAGTGGCTGGTAAACGGTGTGGACGTC
					SEQ ID NO:6831	SEQ ID NO:14843	SEQ ID NO:22855
			AA	SFQMH	VILNDGSNKKCADSVKG	GQQWLVNGVDV
					SEQ ID NO:6832	SEQ ID NO:14844	SEQ ID NO:22856
iPS:436110	21-225_196F4		NA	AGCTGTGGCCATGACC	GCTATTAGTGGTAGTGGTGGTACATTACGTCCGTGAAGGGC	GTGGGGGGGTTTGACTGGCTCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6833	SEQ ID NO:14845	SEQ ID NO:22857
			AA	SCAMT	AISGSGGSTYYADSVKG	VGGLTGSYYYYGMDV
					SEQ ID NO:6834	SEQ ID NO:14846	SEQ ID NO:22858
iPS:436112	21-225_196C7		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTACTATGCAGACGTCCGTGAAGGGC	GATAGGGGGGGTTGGTTACTACGGTTTGGACGTC
					SEQ ID NO:6835	SEQ ID NO:14847	SEQ ID NO:22859
			AA	SYGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DRGVGYYGLDV
					SEQ ID NO:6836	SEQ ID NO:14848	SEQ ID NO:22860
iPS:436114			NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCTTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACCGAAGTTCCAGGGC	AGCGGTGGCTGGTACGTGTT CGACCCC

【図４９－６６９】

FIGURE 49

21-225_196G8	21-225_196A10		NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAAAAG GGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGAGACCCGTATAACTGGAA CTCCTACCGCTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6837	SEQ ID NO:14849	SEQ ID NO:22861
			AA	NYDIN	WMEILNSGNTGYAPKFQG	SGGWYVFDP
					SEQ ID NO:6838	SEQ ID NO:14850	SEQ ID NO:22862
iPS:436116	21-225_196B9		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACACAACTTTG CACAGAAGTTTCGGGGC	GGGGGGGTTCGGGGAGTTTCCACGTC
					SEQ ID NO:6839	SEQ ID NO:14851	SEQ ID NO:22863
			AA	GYYMH	WINPNSGGTNFAQKFRG	GGVRGVPNYYYYVMDV
					SEQ ID NO:6840	SEQ ID NO:14852	SEQ ID NO:22864
iPS:436118	21-225_196A10		NA	CACTATGTCATGCAC	GTTATTTGGTATGATGGAACTAATAAATACTACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATTGGTTCGGGGAGGGGGAACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6841	SEQ ID NO:14853	SEQ ID NO:22865
			AA	HYVMH	VIWYDGTNKYYADSVKG	DWFGSGNYYGMDV
					SEQ ID NO:6842	SEQ ID NO:14854	SEQ ID NO:22866
iPS:436120	21-225_196C10		NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TTCCATCTATTACAGTGGGAGCACCACTACTACACAACCGTCCCTCAAGAGT	ATGGACTACAGTAACTACTACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6843	SEQ ID NO:14855	SEQ ID NO:22867
			AA	SGDDYWS	FIYYSGSTYYNPSLKS	MDYSNYYYGMDV
					SEQ ID NO:6844	SEQ ID NO:14856	SEQ ID NO:22868
iPS:436122	21-225_196G10		NA	GACTATAGCATGAAC	TCTATTAGTAGTGGTAGT GGTTACATACACTACGC AGACTCAGTGAAGGGC	GCAACTATGGCCCTTGACTACC
					SEQ ID NO:6845	SEQ ID NO:14857	SEQ ID NO:22869
			AA	DYSMN	SISSGSGYIHYADSVKG	ATMALDY
					SEQ ID NO:6846	SEQ ID NO:14858	SEQ ID NO:22870

【図４９－６７０】

FIGURE 49

iPS:436132	21-225_196C12		NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAAAAG GGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGAGACCCGTATAACTGGAA CTCCTACCGCTATGGACGTC
					SEQ ID NO:6847	SEQ ID NO:14859	SEQ ID NO:22871
			AA	SYDIN	WMNPKRGNTGYAQKFQG	GDPYNWNSYAMDV
					SEQ ID NO:6848	SEQ ID NO:14860	SEQ ID NO:22872
iPS:436134	21-225_196H12		NA	AGTGGTGTTTACTACTGGAG C	AACATCTATTACAGTGG GAGCACCTACAACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTACTACG GTTTGGACGTC
					SEQ ID NO:6849	SEQ ID NO:14861	SEQ ID NO:22873
			AA	SGVYYWS	NIYYSGSTYNNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGLDV
					SEQ ID NO:6850	SEQ ID NO:14862	SEQ ID NO:22874
iPS:436138	21-225_197F2		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTCGGCTACGGATGGTTTGACTGGGGC
					SEQ ID NO:6851	SEQ ID NO:14863	SEQ ID NO:22875
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
					SEQ ID NO:6852	SEQ ID NO:14864	SEQ ID NO:22876
iPS:436140	21-225_197G3		NA	AGCCATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCCCCTCTCTAGGGTACGACGTC
					SEQ ID NO:6853	SEQ ID NO:14865	SEQ ID NO:22877
			AA	SHGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DPSVGYDGMDV
					SEQ ID NO:6854	SEQ ID NO:14866	SEQ ID NO:22878

【図４９－６７１】

FIGURE 49

iPS:436146	21-225_197E4	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAAC	TACATCTTTTACAGTGGGAGCCACCTACTACTACCC	GGGGATTACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTACTACCG
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:14867	SEQ ID NO:22879
			SGDYYWN	YIFYSGSTYYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGLDV
			SEQ ID NO:6856	SEQ ID NO:14868	SEQ ID NO:22880
iPS:436150	21-225_197H4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAGTCGTAACACAGGCTATGCACATCCGTGAAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTTTGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:14869	SEQ ID NO:22881
			SGDYYWN	YIFYSGSTYYYNPSLKS	SEQ ID NO:22880
iPS:436152	21-225_197B6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAATAAATAAAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGACGTTTGGACGTC
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6859	SEQ ID NO:14871	SEQ ID NO:22883
iPS:436154	21-225_197C6	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAGCAGTTATATGGTATGATGGAATAAATAAAAACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTTTGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:14873	SEQ ID NO:22885
			SGDYYWN	YIFYSGSTYYYNPSLKS	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:6862	SEQ ID NO:14874	SEQ ID NO:22886

【図４９－６７２】

FIGURE 49

iPS:436156	21-225_197C8	NA	AGCTCTCGCCATGACC	GCTATCATTCGTAATGGTAGCATCTACTACTACCC	GATCGGGGATATAGCAGGATAGCAGCATCCTACTACTACCG
		AA	SSAMT	AIGNGGRAYYADSVKG	DRGYSRIAVAGTFDY
			SEQ ID NO:6863	SEQ ID NO:14875	SEQ ID NO:22887
iPS:436158	21-225_197G8	NA	GCTTACTCCTGGAGC	CGTCTCTCCTCGTGGTGGCAGCACCAACTTCAACCCCTCCCTCAAGAGT	CTCCGGTATAACTGGAACTTCCCTTACTTTGACTAC
		AA	AYSWS	SEQ ID NO:14877	SEQ ID NO:22889
			SEQ ID NO:6865	RLSPGGSTNFNPSLKS	LRYNWNFPYFDY
			SEQ ID NO:6866	SEQ ID NO:14878	SEQ ID NO:22890
iPS:436160	21-225_197C9	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTAGAGGCTACAGCAGATCCGTGAAGGGC	GGCATAGCAGTGGCTGGCTCGCACACTACTTTGACTAC
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:14879	SEQ ID NO:22891
			SEQ ID NO:6867	VISGRGGNTYYADSVKG	GIAVAGSHYFDY
			SEQ ID NO:6868	SEQ ID NO:14880	SEQ ID NO:22892
iPS:436164	21-225_197G10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTACATGGTATGATGGAAGTAAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GAATGGCTACAATTTAGGTACTACTACGGTATAGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:14881	SEQ ID NO:22893
			SEQ ID NO:6869	VTWYDGSNKYYADSVKG	EWLQFRYYYGIDV
iPS:436167	21-225_197E11	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGAAGTAGCAGATCCGTGAAGGGC	GATACAGCGTCGGCTACGACGTTTAGATGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:14882	SEQ ID NO:22894
			SEQ ID NO:6870	VTWYDGSNKYYADSVKG	CGGTTTAGATGTC
			SEQ ID NO:6871	SEQ ID NO:14883	SEQ ID NO:22895

【図４９－６７３】

FIGURE 49

iPS:436173	21-225_197G12	NA	NYGMH	VIWYDGSNDYYADSVKG	DRSVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6872	SEQ ID NO:14884	SEQ ID NO:22896
		AA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAATAAATAAAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACGACGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6873	SEQ ID NO:14885	SEQ ID NO:22897
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DQGVGYDGLDV
			SEQ ID NO:6874	SEQ ID NO:14886	SEQ ID NO:22898
iPS:436177	21-225_198B1	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAAC	TACATCTTTCCACAGTGGGAGCACCTACTACTACCC	GGGGATTACGATGGTTCGGGGTCGAACTACTACTACCG
			SEQ ID NO:6875	SEQ ID NO:14887	SEQ ID NO:22899
		AA	SGDYYWN	YIFHSGSTYYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6876	SEQ ID NO:14888	SEQ ID NO:22900
iPS:436179	21-225_198E1	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAAC	TTCATCTTTTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTACTACCG
			SEQ ID NO:6877	SEQ ID NO:14889	SEQ ID NO:22901
		AA	SGGYYWN	FIFYSGSTYYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6878	SEQ ID NO:14890	SEQ ID NO:22902
iPS:436181	21-225_198C2	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG	AACATCTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACTATGGTTCGGGGAGTTATCACTACTACCG
			SEQ ID NO:6879	SEQ ID NO:14891	SEQ ID NO:22903
		AA	SGGYYWS	NIYYSGSTYYYNPSLKS	GDYYGSGSYHNYYGLDV
			SEQ ID NO:6880	SEQ ID NO:14892	SEQ ID NO:22904

【図４９－６７４】

FIGURE 49

iPS:436189	21-225_198B6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAACACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6881	SEQ ID NO:14893	SEQ ID NO:22905
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKHYADSVKG	DQGVGYYGMDV
			SEQ ID NO:6882	SEQ ID NO:14894	SEQ ID NO:22906
iPS:436191	21-225_198B9	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGAAGTAAATAAATACTATGTAGACTCCGTGAAGGGC	GAATGGCTACAATTCAGGTACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6883	SEQ ID NO:14895	SEQ ID NO:22907
		AA	NYGMH	IIWYDGSNKYYVDSVKG	EWLQFRYYYGMDV
			SEQ ID NO:6884	SEQ ID NO:14896	SEQ ID NO:22908
iPS:436193	21-225_198A10	NA	AGTTACCACTGGAGT	CATATCTATACCAGTAGGACCCTCCCTCAAGAGT	CTCCGGTATAACTGGAACTTCCCTTACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6885	SEQ ID NO:14897	SEQ ID NO:22909
		AA	SYHWS	HIYTSRSTNYNPSLKS	LRYNWNFPYFDY
			SEQ ID NO:6886	SEQ ID NO:14898	SEQ ID NO:22910
iPS:436195	21-225_198G10	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAAC	TACATCTTTTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTACTACCG
		AA	SGDYYWN	YIFYSGSTYYYNPSLKS	GDYDGSGSYHFYYGMDV
			SEQ ID NO:6887	SEQ ID NO:14899	SEQ ID NO:22911
iPS:436197	21-225_199C2	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAAC	TACATCTTTTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTACTACCG
			SEQ ID NO:6888	SEQ ID NO:14900	SEQ ID NO:22912

10

20

30

40

50

【図４９－６７５】

FIGURE 49

	21-225_199C2	AA	SEQ ID NO:14901	SEQ ID NO:22913	
			SGDYWN	VIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
IPS:436199	21-225_199E3	NA	GGTTACTTCTGGACC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGCTGACTAC
				SEQ ID NO:14903	SEQ ID NO:22915
		AA	GYFWT	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGADY
			SEQ ID NO:6892	SEQ ID NO:14904	SEQ ID NO:22916
IPS:436201	21-225_199C5	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGGGCGTGGGCTACTA CGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:14905	SEQ ID NO:22917
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DQGVGYYGMDV
			SEQ ID NO:6894	SEQ ID NO:14906	SEQ ID NO:22918
IPS:436203	21-225_199A6	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTAATCAATACTATGC CGACTCCGTGAAGGGC	GCCCACGGGGTCTACTACTA CGCTATGGACGTC
				SEQ ID NO:14907	SEQ ID NO:22919
		AA	NYGMH	IIWPDGSNQYYADSVKG	AHGVYYYAMDV
			SEQ ID NO:6896	SEQ ID NO:14908	SEQ ID NO:22920
IPS:436205	21-225_199A7	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAATGGCTACAATTCAGGTA CTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:14909	SEQ ID NO:22921
		AA	NYGMH	IIWPDGSNKYYADSVKG	EWLQPRYYYGMDV
			SEQ ID NO:6898	SEQ ID NO:14910	SEQ ID NO:22922

【図４９－６７６】

FIGURE 49

IPS:436207	21-225_199C7	NA	AGTGGTGGTTATCACTGGAA C	TTCATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6899	SEQ ID NO:14911	SEQ ID NO:22923
		AA	SGGYYWN	FIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6900	SEQ ID NO:14912	SEQ ID NO:22924
IPS:436210	21-225_199G11	NA	AGTGGTGGTTATCACTGGAG C	AACATCTATTACAGTGG GAGCACCTACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACAACTACTACG GTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:6901	SEQ ID NO:14913	SEQ ID NO:22925
		AA	SGGYYWS	NIYYSGSTYYNPSLKS	GDYYGSGSYHNYYGLDV
			SEQ ID NO:6902	SEQ ID NO:14914	SEQ ID NO:22926
IPS:436212	21-225_200G1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATTAGTGGTAGAGG CGGTAATACATTCTACGGC AGACTCCGTGAGGGGC	CGTATAGCAGTGGGATGGCTA TGATGCTTTTGATGTC
			SEQ ID NO:6903	SEQ ID NO:14915	SEQ ID NO:22927
		AA	SYAMS	AISGRGGNTFYADSVKG	RIAVDGYDAFDV
			SEQ ID NO:6904	SEQ ID NO:14916	SEQ ID NO:22928
IPS:436214	21-225_200F6	NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAATGGCTACAATTTAGGTA TTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6905	SEQ ID NO:14917	SEQ ID NO:22929
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EWLQPRYYYGMDV
			SEQ ID NO:6906	SEQ ID NO:14918	SEQ ID NO:22930
IPS:436216	21-225_200B7	NA	AGTGGTGGTTATCACTGGAG C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCAACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GCCGGGTATAACTGGAACAA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6907	SEQ ID NO:14919	SEQ ID NO:22931

【図４９－６７７】

FIGURE 49

IPS:436218	21-225_200G7	AA	SGGYYWS	VIFYSGSTYYNPSLRS	AGYWNNGMDV
			SEQ ID NO:6908	SEQ ID NO:14920	SEQ ID NO:22932
		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCTTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACCGAAGTTCCAGGGC	AGCGGTGGCTGGTACGTTGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:6909	SEQ ID NO:14921	SEQ ID NO:22933
		AA	NYDIN	WMELNSGNTGYAPKFQG	SGGWYVFDP
			SEQ ID NO:6910	SEQ ID NO:14922	SEQ ID NO:22934
IPS:436220	21-225_200F8	NA	AATTACTACTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GATCGGGGATACTATGGCTA CTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6911	SEQ ID NO:14923	SEQ ID NO:22935
		AA	NYYWS	RIYTSGSTNYNPSLKS	DRGYYGYYGMDV
			SEQ ID NO:6912	SEQ ID NO:14924	SEQ ID NO:22936
IPS:436222	21-225_200C9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA GGTTATAAAAACTATAT AGACTCCGTGAAGGGC	GGTACCCACGGGTACTACTA CGTGTGTGGACGTC
			SEQ ID NO:6913	SEQ ID NO:14925	SEQ ID NO:22937
		AA	SYGMH	VISYDGGYKNYIDSVKG	GTHGYYYGVDV
			SEQ ID NO:6914	SEQ ID NO:14926	SEQ ID NO:22938
IPS:436226	21-225_200F10	NA	AGTGGTGATTACTACTGGAA C	TACATCTTTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGGGATTACGATGGTTCGGG GAGTTATCACTACTATCACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6915	SEQ ID NO:14927	SEQ ID NO:22939
		AA	SGDYYWN	VIFYSGSTYYNPSLKS	GDYDGSGSYHYYYGMDV
			SEQ ID NO:6916	SEQ ID NO:14928	SEQ ID NO:22940

【図４９－６７８】

FIGURE 49

IPS:436228	21-225_200F12	NA	GGTTACTTCTGGACC	GAAATCAGTCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGGGCGGCGACTAC
			SEQ ID NO:6917	SEQ ID NO:14929	SEQ ID NO:22941
		AA	GYFWT	EISHSGSTNYNPSLKS	DYGADY
			SEQ ID NO:6918	SEQ ID NO:14930	SEQ ID NO:22942
IPS:436230	21-225_201A1	NA	GGTTACTTCTGGACC	GAAATCAGTCATAGTGG ACGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGGGCGGCGACTAC
			SEQ ID NO:6919	SEQ ID NO:14931	SEQ ID NO:22943
		AA	GYFWT	EISHSGRTNYNPSLKS	DYGADY
			SEQ ID NO:6920	SEQ ID NO:14932	SEQ ID NO:22944
IPS:436232	21-225_201E1	NA	CCTTACTACTGGAGC	GAAGTCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGGGGGTTTAGACTA C
			SEQ ID NO:6921	SEQ ID NO:14933	SEQ ID NO:22945
		AA	PYYWS	EVNHSGSTNYNPSLKS	DYGGLDY
			SEQ ID NO:6922	SEQ ID NO:14934	SEQ ID NO:22946
IPS:436234	21-225_51E3	NA	AGCTATGGTATCAGC	TGGATCAGCGCTTATAAT GGTAACACAAAGAATGC ACAGAGGTTCCAGGGC	CACGATTTTGGAGTGGTTA TTATAAGGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6923	SEQ ID NO:14935	SEQ ID NO:22947
		AA	SYGIS	WISAYNGNTKNAQRFQG	HDFWSGYYKGMDV
			SEQ ID NO:6924	SEQ ID NO:14936	SEQ ID NO:22948
IPS:436236	21-225_201F7	NA	AGCACATACTACAGGTC C	GATCACGGTATACTACGGTAT CAAGTGGTATTATTATTA TGAAGTATCTGTGAGAA GT	GATCACGGTATACTACGGTAT CGGACGTC
			SEQ ID NO:6925	SEQ ID NO:14937	SEQ ID NO:22949

【図４９－６７９】

FIGURE 49

		AA	SNSAAWN	RTYYRSKWYNYYEVSVRS	DQRYYGMDV
			SEQ ID NO:6926	SEQ ID NO:14938	SEQ ID NO:22950
iPS:436238	21-225_201B2	NA	GTTTACTACTGGACC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTATGGTGTCTTTGATTA C
			SEQ ID NO:6927	SEQ ID NO:14939	SEQ ID NO:22951
		AA	VYYWT	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGVFDY
			SEQ ID NO:6928	SEQ ID NO:14940	SEQ ID NO:22952
iPS:436240	21-225_201E8	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCGACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATC CACAGAAGTTTCAGGGC	GATCAAGGGTATAACTGGAA CTCTTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6929	SEQ ID NO:14941	SEQ ID NO:22953
		AA	GYYMH	WIDPNSGGTNYPQKFQG	DQGYNWNSFDY
			SEQ ID NO:6930	SEQ ID NO:14942	SEQ ID NO:22954
iPS:436242	21-225_201A10	NA	GGTTACTTCTGGACC	GAAATCAGTCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGGGCGGACTAC
			SEQ ID NO:6931	SEQ ID NO:14943	SEQ ID NO:22955
		AA	GYFWT	EISHSGSTNYNPSLKS	DYGADY
			SEQ ID NO:6932	SEQ ID NO:14944	SEQ ID NO:22956
iPS:436244	21-225_201H10	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTAATAG TCGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGATACAGCTATGGTTACAA CTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:6933	SEQ ID NO:14945	SEQ ID NO:22957
		AA	GYYIH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYSYGYNWFDP
			SEQ ID NO:6934	SEQ ID NO:14946	SEQ ID NO:22958
iPS:436246	21-225_201G6	NA	AGCTATGCCATGAGC	ACTATTAGTGGTAGTGGT GTTAGAACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGAGCTAGGAGCAGTG GCTGGTTCCACTTTGACTAC

【図４９－６８０】

738/4125

FIGURE 49

	21-225_201G6	AA	SEQ ID NO:6935	SEQ ID NO:14947	SEQ ID NO:22959
			SYAMS	TISGSGVRTYYADSVKG	GGARSSGWFHFDY
			SEQ ID NO:6936	SEQ ID NO:14948	SEQ ID NO:22960
iPS:436248	21-225_202A3	NA	AGTTATGATATCCAAC	TGGATGAACCCTAAGAG AGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTTCCAGGGC	GGAAGGTATAGCAGGGAGG ATTACTACTACTATTATGAT ATGGACGTC
			SEQ ID NO:6937	SEQ ID NO:14949	SEQ ID NO:22961
		AA	SYDIN	WMNPKRGNTGTYAQKFQG	GRYSREDYYYYYDMDV
			SEQ ID NO:6938	SEQ ID NO:14950	SEQ ID NO:22962
iPS:436250	21-225_201A4	NA	AGCAACAGTGCTGCTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATAATTATTA TGAAGTATCTGTGAAAA GT	GATCAACGGTACTACGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:6939	SEQ ID NO:14951	SEQ ID NO:22963
		AA	SNSAAWN	RTYYRSKWYNYYEVSVK S	DQRYYGMDV
			SEQ ID NO:6940	SEQ ID NO:14952	SEQ ID NO:22964
iPS:436252	21-225_202A8	NA	AGCAACAGTGCTGCTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATAATGAGT ATGCAGTATCTGTGAGA AGT	GATCAACGGTACTACGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:6941	SEQ ID NO:14953	SEQ ID NO:22965
		AA	SNSAAWN	RTYYRSKWYNEYAVSVRS	DQRYYGMDV
			SEQ ID NO:6942	SEQ ID NO:14954	SEQ ID NO:22966
iPS:436254	21-225_202C12	NA	AGCTATGCCATGAGC	ACTATTTAGTGGTAGTGGT GTTAGAACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGCGAGCTAGGAGCAGTG GCTGGTTCCACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6943	SEQ ID NO:14955	SEQ ID NO:22967

【図４９－６８１】

739/4125

FIGURE 49

	21-225_202D9	AA	SYAMS	TISGSGVRTYYADSVKG	GGARSSGWFHFDY
			SEQ ID NO:6944	SEQ ID NO:14956	SEQ ID NO:22968
iPS:436256		NA	CCTTACTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAATC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGGGGTTTAGACTA C
			SEQ ID NO:6945	SEQ ID NO:14957	SEQ ID NO:22969
		AA	PYYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGLDY
			SEQ ID NO:6946	SEQ ID NO:14958	SEQ ID NO:22970
iPS:436258	21-225_202F12	NA	TACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATTCTATG CAGCATCCGTGAAGGGC	AATATAGCAGCAGCTGCCCC TTACTTTGACTAC
			SEQ ID NO:6947	SEQ ID NO:14959	SEQ ID NO:22971
		AA	YYGMH	IIWYDGSNKPYADSVKG	NIAAAAPYFDY
			SEQ ID NO:6948	SEQ ID NO:14960	SEQ ID NO:22972
iPS:436260	21-225_203H1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGAACAGTTGGCTACAA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:6949	SEQ ID NO:14961	SEQ ID NO:22973
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DRTVGYNGMDV
			SEQ ID NO:6950	SEQ ID NO:14962	SEQ ID NO:22974
iPS:436262	21-225_203E3	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTAATAG TCGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGATACAGCTATGGTTACAA CTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:6951	SEQ ID NO:14963	SEQ ID NO:22975
		AA	GYYIH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYSYGYNWFDP
			SEQ ID NO:6952	SEQ ID NO:14964	SEQ ID NO:22976

【図４９－６８２】

740/4125

FIGURE 49

	21-225_203F7	NA	GACTATGTCATGTCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:6953	SEQ ID NO:14965	SEQ ID NO:22977
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	ERYSSGLYDYGMDV
			SEQ ID NO:6954	SEQ ID NO:14966	SEQ ID NO:22978
iPS:436268	21-225_203B9	NA	AGTTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGTA AATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAACTGGGGTTCCTCTCTGA CTAC
			SEQ ID NO:6955	SEQ ID NO:14967	SEQ ID NO:22979
		AA	SFGMH	VIWYDVNNKYYADSVKG	ELGFLSDY
			SEQ ID NO:6956	SEQ ID NO:14968	SEQ ID NO:22980
iPS:436270	21-225_203F10	NA	GACTACTACATGAGC	TACATTTAGTGGTAGTGGTT ACTACCACATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GNATAGGGGGGGTTTGGACGT C
			SEQ ID NO:6957	SEQ ID NO:14969	SEQ ID NO:22981
		AA	DYYMS	YISGSGTTTYYADSVKG	DRGGLDV
			SEQ ID NO:6958	SEQ ID NO:14970	SEQ ID NO:22982
iPS:436272	21-225_201F5	NA	AATTATGATATCCAAC	TCGGATGCACCCTAACAG TCGTTACACAGGGCTATG CACAGAAGTTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
			SEQ ID NO:6959	SEQ ID NO:14971	SEQ ID NO:22983
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGTYAQKFQG	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:6960	SEQ ID NO:14972	SEQ ID NO:22984

【図４９－６８３】

741/4125

FIGURE 49

iPS:436274	21-225_204H3	NA	AGCTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATAATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACCGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	SYVMH	SEQ ID NO:14973	SEQ ID NO:22985
			VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:14974	EPYSSSWYDYGMDV
				SEQ ID NO:14975	SEQ ID NO:22987
			GYYIH	SEQ ID NO:14976	SEQ ID NO:22988
			WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:14977	SEQ ID NO:22989
			SNSAAWN	SEQ ID NO:14978	SEQ ID NO:22990
			RTYYRSKWYNYYEVSVRS	SEQ ID NO:14979	SEQ ID NO:22991
			DMGIGYYGMDV	SEQ ID NO:14980	SEQ ID NO:22992
iPS:436276	21-225_204H4	NA	AGCTATGTCATGCAC	GGTCACTATATCCAC	TGGATCAACCCTAATAG TCGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC
		AA	GYYIH	SEQ ID NO:14973	SEQ ID NO:22985
			WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:14974	SEQ ID NO:22986
			SNSAAWN	SEQ ID NO:14975	SEQ ID NO:22987
			RTYYRSKWYNYYEVSVRS	SEQ ID NO:14976	SEQ ID NO:22988
			DMGIGYYGMDV	SEQ ID NO:14977	SEQ ID NO:22989
iPS:436278	21-225_2011F2	NA	AGCAACAGTGCTGCTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATAATTATTA GTAAGTATCTGTGAGAA GT	GATCAACGGTACTACGGTAT GGACGTC
		AA	SNSAAWN	SEQ ID NO:14973	SEQ ID NO:22985
			RTYYRSKWYNYYEVSVRS	SEQ ID NO:14974	DQRYYGMDV
				SEQ ID NO:14975	SEQ ID NO:22987
			GYYIH	SEQ ID NO:14976	SEQ ID NO:22988
			WINPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:14977	SEQ ID NO:22989
			SNSAAWN	SEQ ID NO:14978	SEQ ID NO:22990
			RTYYRSKWYNYYEVSVRS	SEQ ID NO:14979	SEQ ID NO:22991
			DMGIGYYGMDV	SEQ ID NO:14980	SEQ ID NO:22992
iPS:436280	21-225_204D6	NA	ACCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGTI GGTAGCACATATTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGATAAGTGGGAACCGGCTC CTACTACTACTACGGTGTGG ACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:14967	SEQ ID NO:22991
			VIWYDGSNKNYADSVKG	SEQ ID NO:14979	GISGTGSYYYYGVDV
			TYAMS	AISGSGGSTYYADSVKG	GISGTGSYYYYGVDV
			SEQ ID NO:14968	SEQ ID NO:14980	SEQ ID NO:22992

【図４９－６８４】

742/4125

FIGURE 49

iPS:436282	21-225_204G6	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGAGGTGTCGGCTACGA CGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:14981	SEQ ID NO:22993
			VIWYDGSNKNYADSVKG	SEQ ID NO:14982	DRGVGYDGMDV
				SEQ ID NO:14983	SEQ ID NO:22994
iPS:436284	21-225_204G8	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGT AGCAATGAAAATTATGT AGCCTCCGTGAAGGGC	GATCTGGGGATAGGGTATTA CGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:14983	SEQ ID NO:22995
			VIWYDGSNENYVASVKG	SEQ ID NO:14984	DLGIGYYGMDV
				SEQ ID NO:14985	SEQ ID NO:22996
iPS:436286	21-225_204H8	NA	GGTTACTTCTGGACC	GAAATCAGTCATAGTGG AAGCACCAGTTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGGGCCGACTAC
		AA	GYFWT	SEQ ID NO:14973	EISHSGSTSYNPSLKS
			EISHSGSTSYNPSLKS	SEQ ID NO:14986	SEQ ID NO:22997
			DYGADY	SEQ ID NO:14974	SEQ ID NO:22998
iPS:436290	21-225_205G3	NA	GGTCACTACTGGAGC	GAAATGTATCATTTTGGA AACACCAACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GTGGGGCAGTGGCTGGCTTT TGATATC
		AA	GHYWS	SEQ ID NO:14987	EMYHFGSTNYNPSLKS
			EMYHFGSTNYNPSLKS	SEQ ID NO:14988	SEQ ID NO:23000

【図４９－６８５】

743/4125

FIGURE 49

iPS:436292	21-225_205H3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGATCAGTTGGCTACGA CGGTACGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:14989	SEQ ID NO:23001
			VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:14990	DRSVGYDGTDV
				SEQ ID NO:14991	SEQ ID NO:23002
iPS:436294	21-225_205G4	NA	AGCAACAGTGCTGCTTGGAA C	AGGACATATTACAGGTC CAAGTGGTATAATTATTA TGAAGTATCTGTGAGAA GT	GATCAACGGTACTACGGTAT GGACGTC
		AA	SNSAAWN	SEQ ID NO:14992	SEQ ID NO:23003
			RTYYRSKWYNYYEVSVRS	SEQ ID NO:14993	DQRYYGMDV
iPS:436296	21-225_205F5	NA	AGATATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAGAATTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GATATGGGGATAGGGTATTA TGGTATGGACGTC
		AA	RYGMH	SEQ ID NO:14993	SEQ ID NO:23005
			VIWYDGSNENYVDSVKG	SEQ ID NO:14994	DMGIGYYGMDV
				SEQ ID NO:14995	SEQ ID NO:23006
iPS:436302	21-225_205G7	NA	GTTTATTACTGGAGC	GAAAGCAATCAGAGTGG ACGCACCACCTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGTCTTTGACTA C
		AA	VYYWS	SEQ ID NO:14973	SEQ ID NO:23007
			ESNQGRTTYNPSLKS	SEQ ID NO:14995	DYGVFDY
			SEQ ID NO:14996	SEQ ID NO:23008	

【図４９－６８６】

744/4125

FIGURE 49

iPS:436304	21-225_201F3	NA	AGCTATGCCATGAGC	ACTATTAGTGGTAGTGGT GTTAGAACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGAAGCTAGGAGCAGTG GCTGGTTCCACTTTGACTAC
		AA	SEQ ID NO:6985	SEQ ID NO:14997	SEQ ID NO:23009
			SYAMS	TISGSGVRTYYADSVKG	GGAASSGWFHFDY
iPS:436306	21-225_201H4	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:14998	SEQ ID NO:23010
				GCTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACAATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGTGGGTACAGTGGGAGC TACCTACTTTGACTGC
			SEQ ID NO:6987	SEQ ID NO:14999	SEQ ID NO:23011
		AA	SYAMH	AIWYDGSNKYNADSVKG	DVGTVGATYFDC
				SEQ ID NO:15000	SEQ ID NO:23012
iPS:436308	21-225_205H8	NA	GGTTACTTCTGGAGC	GAAATCAGTCATAGTGG ACGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGC	GACTACGGGGCGCGACTAC
			SEQ ID NO:6989	SEQ ID NO:15001	SEQ ID NO:23013
		AA	GYFWS	EISHSGRTNYNPSLKS	DYGADY
			SEQ ID NO:6990	SEQ ID NO:15002	SEQ ID NO:23014
iPS:436310	21-225_202D11	NA	GGTCCCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGTCCTTGACTA C
			SEQ ID NO:6991	SEQ ID NO:15003	SEQ ID NO:23015
		AA	GPYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGVLDY
			SEQ ID NO:6992	SEQ ID NO:15004	SEQ ID NO:23016
iPS:436312	21-225_206A4	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGAATACAGCTATGGTTACAA CTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:6993	SEQ ID NO:15005	SEQ ID NO:23017

【図４９－６８７】

FIGURE 49

		AA	GYYFH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYSYGYNWFDP	
iPS:436314	21-225_206G4	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATCAAGGGTATAACTGGAA CTCTTTTGACTAC	SEQ ID NO:23018
				SEQ ID NO:15007	SEQ ID NO:23019	SEQ ID NO:15006
		AA	GYYFH	WIDPNSGGTNYAQKFQG	DQGTYNWNSFDY	SEQ ID NO:23020
iPS:436316	21-225_206A5	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGATACAGCTATGGTTACAA CTGGTTCGACCCC	SEQ ID NO:15008
				SEQ ID NO:15009	SEQ ID NO:23021	SEQ ID NO:6997
		AA	GYYFH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYSYGYNWFDP	SEQ ID NO:6998
iPS:436324	21-225_207G6	NA	AGCTATGGCAATGCAC	GTTATATGGTATGATAG AAGTAATAAAAACTATG CAGAGTCCGTGAAGGGC	GATGCGGGTATTGGATACTA CGGTATAGACGTC	SEQ ID NO:15010
				SEQ ID NO:15011	SEQ ID NO:23023	SEQ ID NO:6999
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYAESVKG	DAGIGYYYGIDV	SEQ ID NO:15012
iPS:436328	21-225_207F12	NA	AACTATGGCAATGCAC	GTTATATGGTATGATAG AAATAATAAATACTATG GTGACTCCGTGAAGGGC	GAAACTGGGGTTCCTCTTTGA CTAC	SEQ ID NO:23024
				SEQ ID NO:15013	SEQ ID NO:23025	SEQ ID NO:7001
		AA	NYGMH	VIWYDRNNKYYGDSVKG	ELGFLFDY	SEQ ID NO:15014
				SEQ ID NO:23026		SEQ ID NO:7002

【図４９－６８８】

FIGURE 49

		NA	GACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTTTGGACG TC	SEQ ID NO:23027
iPS:436332	21-225_208B2	AA	DCVMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	ERYSSGLYDYGLDV	SEQ ID NO:15015
				SEQ ID NO:15016	SEQ ID NO:23028	SEQ ID NO:7004
iPS:436334	21-225_208G3	NA	AGCTATGGCATGAGC	ACTATTATGGTGATGGTGGT GTTAGAACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGAGCTATGGAGCAGTG GCTGGTTCCACTTTGACTAC	SEQ ID NO:15017
				SEQ ID NO:15018	SEQ ID NO:23029	SEQ ID NO:7005
		AA	SYAMS	TISGSGVRTYYADSVKG	GGARSSGWFHFDY	SEQ ID NO:15019
iPS:436336	21-225_208B5	NA	GTTTACTATCTGGACC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTATGGTGTCTTTGATTA C	SEQ ID NO:23030
				SEQ ID NO:15020	SEQ ID NO:23031	SEQ ID NO:7007
		AA	VYYWT	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGVFDY	SEQ ID NO:15021
iPS:436338	21-225_208E8	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGATACAGCTATGGTTACAA CTGGTTCGACCCC	SEQ ID NO:15022
				SEQ ID NO:15023	SEQ ID NO:23032	SEQ ID NO:7009
		AA	GYYFH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYSYGYNWFDP	SEQ ID NO:15024
iPS:436340	21-225_208A9	NA	GTTTCCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG ACGCCGCCAACTACAACC C CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGTCCTTGACTA C	SEQ ID NO:23033
				SEQ ID NO:15025	SEQ ID NO:23034	SEQ ID NO:7011
				SEQ ID NO:23035		

【図４９－６８９】

FIGURE 49

		AA	VSYWS	EINHSGRANYNPSLKS	DYGVLDY	SEQ ID NO:23036
iPS:436344	21-225_208B11	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGATACAGCTATGGTTACAA CTGGTTCGACCCC	SEQ ID NO:15024
				SEQ ID NO:15025	SEQ ID NO:23037	SEQ ID NO:7013
		AA	GYYFH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYSYGYNWFDP	SEQ ID NO:15026
iPS:436350	21-225_210E4	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAGACGGGGTTTCTTGAGCGA CTAC	SEQ ID NO:23038
				SEQ ID NO:15027	SEQ ID NO:23039	SEQ ID NO:7015
		AA	NYGMH	VIWYDENNKYYVDSVKG	EIGFLSDY	SEQ ID NO:7016
iPS:436352	21-225_210G5	NA	GACTGTGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGGTATAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTTTGGACG TC	SEQ ID NO:15028
				SEQ ID NO:15029	SEQ ID NO:23041	SEQ ID NO:7017
		AA	DCVMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	ERYSSGLYDYGLDV	SEQ ID NO:15030
iPS:436354	21-225_210G10	NA	AGTTACTACTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGG GAGCACCGACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GGGTTCGGGTGACTGGGACTA C	SEQ ID NO:23042
				SEQ ID NO:15031	SEQ ID NO:23043	SEQ ID NO:7019
		AA	SYYWS	RIYTSGSTDYNPSLKS	GPGDWDY	SEQ ID NO:15032
				SEQ ID NO:23044		SEQ ID NO:7020

【図４９－６９０】

FIGURE 49

		NA	AGCAACAGTGCTGCTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATAATTATTA TCCAGTATCTGTGAGAA GT	GATCAACGGTACTACGGTAT GGACGTC	SEQ ID NO:23045
iPS:436356	21-225_210H10	AA	SNSAAWN	RTYYRSKWYNYYPVSVRS	DQRYYGMDV	SEQ ID NO:7022
		NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGATACAGCTATGGTTACAA CTGGTTCGACCCC	SEQ ID NO:15034
iPS:436358	21-225_210D11			SEQ ID NO:15035	SEQ ID NO:23047	SEQ ID NO:7023
		AA	GYYFH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYSYGYNWFDP	SEQ ID NO:15036
iPS:436360	21-225_210H11	NA	AGCCATGGCATGCAC	GTTACATGGTATGATGG AAGTGATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GACCGGCTAGTGGGAGCTAC TACCGATGCTTTTGATATC	SEQ ID NO:23048
				SEQ ID NO:15037	SEQ ID NO:23049	SEQ ID NO:7025
		AA	SHGMH	VTWYDGSDKYYADSVKG	DRLVGATTDAFDI	SEQ ID NO:15038
iPS:436362	21-225_210C12	NA	AACAATGGTATCAGC	TGGATCAACGCTTACAA TCGTCACACAAACTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GATCCTACGGTGACCCACTA CTATTACTACGGTATGGACG TC	SEQ ID NO:23050
				SEQ ID NO:15039	SEQ ID NO:23051	SEQ ID NO:7027
		AA	NNGIS	WIIAYNGHTNYAQKFQG	DPTVTHYYYYGMDV	SEQ ID NO:15040
				SEQ ID NO:23052		SEQ ID NO:7028

【図４９－６９１】

FIGURE 49

iPS:436364	21-225_211A11		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTCTTTGGTTTGATGGA AGTAATAGAAACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC
					GATCGGGGAGTGGGCTACTA CGGTACGGACGTC
					SEQ ID NO:7029 SEQ ID NO:23053
		AA	SYGMH	VLWFDGSNKRNYADSVKG	DRGVGYYGTDV
					SEQ ID NO:7030 SEQ ID NO:23054
iPS:436366	21-225_211A3		NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG AAGACTCCGTGAAGGGC
					GATGGGAGTTATGGTTACGA CGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7031 SEQ ID NO:23055
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYEDSVKG	DGSYGYDGMDV
					SEQ ID NO:7032 SEQ ID NO:23056
iPS:436368	21-225_211G3		NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					TTAGACTACAGTAACTACGG GTGGTTCCGACCCC
					SEQ ID NO:7033 SEQ ID NO:23057
		AA	NYGMH	VIWHDGSNKYYADSVKG	LDYSNYGWFDP
					SEQ ID NO:7034 SEQ ID NO:23058
iPS:436370	21-225_211A6		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GATAGGACGGTGGGCTATGA TGGTTTTGATATC
					SEQ ID NO:7035 SEQ ID NO:23059
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DRTVGYDGFDI

【図４９－６９２】

FIGURE 49

iPS:436372	21-225_211A8		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GACCACGGTGTCGGGTACTA CGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7037 SEQ ID NO:23061
		AA	SYGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DHGVGYYGMDV
					SEQ ID NO:7038 SEQ ID NO:23062
iPS:436374	21-225_211C10		NA	AGGCATGGTATCAGC	TGGATCAGCGCTTACAA TGGTCTCACAAACTATGC ACAGAAGTTCCAGGGC
					GATCCTACGGTGACCCACTA CTACTACTACGGTATGGACG TC
					SEQ ID NO:7039 SEQ ID NO:23063
		AA	IRHGIS	WISAYNGLTNYAQKFQG	DPTVTHYYYYGMDV
					SEQ ID NO:7040 SEQ ID NO:23064
iPS:436376	21-225_212E6		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC
					GACTACGGGTGTCGGGGTACTA CGGTACGGACGTC
					SEQ ID NO:7041 SEQ ID NO:23065
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYVDSVKG	DYGVGYYGTDV
					SEQ ID NO:7042 SEQ ID NO:23066
iPS:436378	21-225_212D7		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GACTACGGTGTCGGGGTACTA CGGTACGGACGTC
					SEQ ID NO:7043 SEQ ID NO:23067
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DTGVGYYGTDV

【図４９－６９３】

FIGURE 49

iPS:436380	21-225_212H9		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					CACCACGGTGTCGGGTACTA CGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7045 SEQ ID NO:23069
		AA	SYGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DHGVGYYGMDV
					SEQ ID NO:7046 SEQ ID NO:23070
iPS:436382	21-225_212C10		NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGG AAGTCATAAATACTATA CAGATTCCGTGAAGGGC
					GATCGGAGTATAGTGGGAGC TACCTACTTTGACTAC
					SEQ ID NO:7047 SEQ ID NO:23071
		AA	SYGMH	AIWYDGSHKYYTDSVKG	DRSIVGATYFDY
					SEQ ID NO:7048 SEQ ID NO:23072
iPS:436384	21-225_212F10		NA	AGATATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GATCGGGGAGTGGGCTACAA CGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7049 SEQ ID NO:23073
		AA	RYGMH	VIWYDGSNKHYADSVKG	DRGVGYNGMDV
					SEQ ID NO:7050 SEQ ID NO:23074
iPS:436386	21-225_212H11		NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GAAGCGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
					SEQ ID NO:7051 SEQ ID NO:23075

【図４９－６９４】

FIGURE 49

iPS:436388	21-225_212H11		NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG AAGACTCCGTGAAGGGC
					GATGGGAGTTATGGTTACGA CGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7052 SEQ ID NO:23076
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DGSYGYDGMDV
					SEQ ID NO:7053 SEQ ID NO:23077
iPS:436390	21-225_213D2		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GACTACGGTGTCGGGGTACTA CGGTACGGACGTC
					SEQ ID NO:7054 SEQ ID NO:23078
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DYGVGYYGTDV
					SEQ ID NO:7055 SEQ ID NO:23079
iPS:436392	21-225_213B3		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC
					GATAGGACGGTGGGCTATGA TGGTTTTGATATC
					SEQ ID NO:7056 SEQ ID NO:23080
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRTVGYDGFDI
					SEQ ID NO:7057 SEQ ID NO:23081
					SEQ ID NO:7058 SEQ ID NO:23082

【図４９－６９５】

FIGURE 49

iPS:436394	21-225_213C4	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7059	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GACTACGGTGTCGGGTACGA CGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:15071	VIWYDGSNKHYADSVKG	SEQ ID NO:23083 DYGVGYDGMDV
iPS:436396	21-225_213E5	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7060	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15072 SEQ ID NO:23084 GATGGGAGTTATGGTTACGA CGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7061	VIWYDGSNKNYEDSVKG	SEQ ID NO:15073 SEQ ID NO:23085 DGSYGYDGMDV
iPS:436398	21-225_213H8	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7062	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15074 SEQ ID NO:23086 GACTACGGTGTCGGGTACTA CGGTACGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7063	VIWYDGSNKHYADSVKG	SEQ ID NO:15075 SEQ ID NO:23087 DYGVGYYGTDV
iPS:436400	21-225_213H7	NA	GGCTACCCATATGCAC	SEQ ID NO:7064	TGGATCAATCCTAAGAG TGATGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:15076 SEQ ID NO:23088 GAAAAGCCTGGGAGCTACTA CAAATAC
		AA	GYFHMH	SEQ ID NO:7065	WINPKSDGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:15077 SEQ ID NO:23089 EKPGSYYKY
			GHYIH	SEQ ID NO:7066	WINSNSGQTNYAQKFQG	SEQ ID NO:15078 SEQ ID NO:23090 DQRYSYGYDWFDP

【図４９－６９６】

FIGURE 49

iPS:436402	21-225_213H12	NA	AGCTATGGTATCAAC	SEQ ID NO:7067	TGGATCAGCGTTCACAA TGGTAACACAGACTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GACTACTACTACGGTATGGA CGTC SEQ ID NO:23091
		AA	SYGIN	SEQ ID NO:7068	WISVHNGNTDYAQKFQG	DYYYGMDV SEQ ID NO:23092
iPS:436404	21-225_214C3	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7069	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG GAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15080 SEQ ID NO:23093 GATCGGGGGAGTGGGCTACGA CCGAAATGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7070	VIWYDGSNKNYGDSVKG	SEQ ID NO:15081 SEQ ID NO:23094 DRGVGYDGMDV
iPS:436406	21-225_214E4	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7071	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15082 SEQ ID NO:23095 GATAGGACGGTGGGCTATGA TCGTTGTGATATC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7072	VIWYDGSNENYADSVKG	SEQ ID NO:15083 SEQ ID NO:23096 DRTVGYDGCDI
iPS:436408	21-225_214H8	NA	GGCCACTATATCACAC	SEQ ID NO:7073	TGGATCAACTCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:15084 SEQ ID NO:23096 GACGGGAGATACAGCTATGG TTACGACTGGTTCGACCCC
		AA	GHYIH	SEQ ID NO:7074	WINSNSGQTNYAQKFQG	SEQ ID NO:15085 SEQ ID NO:23097 DQRYSYGYDWFDP

【図４９－６９７】

FIGURE 49

iPS:436410	21-225_212E10	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7075	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GACTACGGTCGTCGGGTACTA CGGTACGGACGTC SEQ ID NO:23099
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:15087	VIWYDGSNKYYADSVKG	DYGVGYYGTDV
iPS:436412	21-225_214H9	NA	AGCTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:7076	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15088 SEQ ID NO:23100 GAGAGGTATACCAGCACTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	SYVMH	SEQ ID NO:7077	VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:15089 SEQ ID NO:23101 ERYTSSWYDYGMDV
iPS:436414	21-225_214G10	NA	GACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:7078	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15090 SEQ ID NO:23102 GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	DYVMH	SEQ ID NO:7079	VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:15091 SEQ ID NO:23103 ERYSSGWYDYGMDV
iPS:436416	21-225_214G12	NA	GACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:7080	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15092 SEQ ID NO:23104 GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	DYVMH	SEQ ID NO:7081	VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:15093 SEQ ID NO:23105 ERYSSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:7082	SEQ ID NO:15094	SEQ ID NO:23106	

【図４９－６９８】

FIGURE 49

iPS:436418	21-225_215E3	NA	GACTATGTCATACAC	SEQ ID NO:7083	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC SEQ ID NO:23107
		AA	DYVIH	SEQ ID NO:7084	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV SEQ ID NO:23108
iPS:436420	21-225_215H5	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7085	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15096 SEQ ID NO:23109 GACTACGGTGTCGGGTACTA CGGTACGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7086	VIWYDGSNKNYADSVKG	SEQ ID NO:15097 SEQ ID NO:23110 DYGVGYYGTDV
iPS:436422	21-225_215D6	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7087	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGATTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15098 SEQ ID NO:23111 GACTGCGGTGTCGGATACTA CCGTACGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7088	VIWYDGSNKNYADSVKG	SEQ ID NO:15099 SEQ ID NO:23112 DCGVGYYGTDV
iPS:436424	21-225_215H6	NA	GGCCACTATATCACAC	SEQ ID NO:7089	TGGATCAACTCTAACAG TGGTGGCACAAATTATG CAGAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:15100 SEQ ID NO:23113 GACGGGAGATACAGCTATGG TCACGACTGGTTCGACCCC
		AA	GHYIH	SEQ ID NO:7090	WINSNSGQTNYAEKFQG	SEQ ID NO:15101 SEQ ID NO:23114 DQRYSYGHDWFDP

【図４９－６９９】

FIGURE 49

iPS:436426	21-225_215C7	NA	TACTATGGCATGCAC	GTTATATGGCATGtATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	TTAGACTACAGTAATTACGG GTGGTTCGACCCC
		AA	YYGMH	SEQ ID NO:15103	SEQ ID NO:23115
	21-225_215E11			VIWHDGSNKYYADSVKG	LDYSNYGWFDP
iPS:436428		NA	GACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:15104	SEQ ID NO:23116
				GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	DYVMH	SEQ ID NO:15105	SEQ ID NO:23117
				SEQ ID NO:7093	ERYSSGWYDYGMDV
iPS:436430	21-225_215A12	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:15106	SEQ ID NO:23118
				GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGGAGTGGGCTACTA CGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7095	SEQ ID NO:23119
				SEQ ID NO:15107	VIWYDGSNEHYADSVKG
iPS:436432	21-225_215H12	NA	AACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:15108	SEQ ID NO:23120
				GTTATATGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	TTAGACTACAGTAACTACGG GTGGTTCGACCCC
		AA	NYGMH	SEQ ID NO:7097	SEQ ID NO:23121
				SEQ ID NO:15109	VIWHDGSNKYYADSVKG

【図４９－７００】

FIGURE 49

iPS:436434	21-225_216B10	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:15110	SEQ ID NO:23122
				GCTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCCCAACATAGTGGGAAGC TACTTGGTTTGACTAC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7099	SEQ ID NO:23123
				SEQ ID NO:15111	AIWYDGSNKYYADSVKG
iPS:436436	21-225_216F10	NA	AGCTATATGGCATGAAC	SEQ ID NO:7100	SEQ ID NO:23124
				SEQ ID NO:15112	DPNIVGATWFDY
		AA	SYSMN	SEQ ID NO:7101	SEQ ID NO:23125
				SEQ ID NO:15113	YITGSSSTTYYADSVKG
iPS:436438	21-225_216E8	NA	GACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:7102	SEQ ID NO:23126
				GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	DYVMH	SEQ ID NO:7103	SEQ ID NO:23127
				SEQ ID NO:15115	ERYSSGWYDYGMDV
iPS:436440	21-225_216H12	NA	GACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:7104	SEQ ID NO:23128
				GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	DYVMH	SEQ ID NO:7105	SEQ ID NO:23129
				SEQ ID NO:15117	ERYSSGWYDYGMDV

【図４９－７０１】

FIGURE 49

iPS:436448	21-225_217A3	NA	AGCTATATAATATGAAC	TACATTAGTAGTAGTCGT AATATCATATTATCGCA GACTCTGTGAAGGGC	GATGGCTCTTATAGCAGTGG CTGGTACTGGGGTTTTGACT AC
			SEQ ID NO:7107	SEQ ID NO:15119	SEQ ID NO:23131
		AA	SYMrN	YISSSSNIIYYADSVKG	DGSYSSGWYYWGFDY
			SEQ ID NO:7108	SEQ ID NO:15120	SEQ ID NO:23132
iPS:436450	21-225_217E5	NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:7109	SEQ ID NO:15121	SEQ ID NO:23133
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:7110	SEQ ID NO:15122	SEQ ID NO:23134
iPS:436452	21-225_217C5	NA	AGCAATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GACTACGGTGTCGGGTACTA CGGTCTGGACGTC
			SEQ ID NO:7111	SEQ ID NO:15123	SEQ ID NO:23135
		AA	SNGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DYGVGYYGLDV
			SEQ ID NO:7112	SEQ ID NO:15124	SEQ ID NO:23136
iPS:436454	21-225_217B10	NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAAAACTATG AAAGACTCCGTGAAGGGC	GATGGGGAGTTATGGTTACGA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7113	SEQ ID NO:15125	SEQ ID NO:23137
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYEDSVKG	DGSYGYDYGMDV
			SEQ ID NO:7114	SEQ ID NO:15126	SEQ ID NO:23138

【図４９－７０２】

FIGURE 49

iPS:436456	21-225_217G10	NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:7115	SEQ ID NO:15127	SEQ ID NO:23139
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:7116	SEQ ID NO:15128	SEQ ID NO:23140
iPS:436458	21-225_217H12	NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:7117	SEQ ID NO:15129	SEQ ID NO:23141
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:7118	SEQ ID NO:15130	SEQ ID NO:23142
iPS:436462	21-225_218C4	NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATATTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAACGTTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:7119	SEQ ID NO:15131	SEQ ID NO:23143
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV
			SEQ ID NO:7120	SEQ ID NO:15132	SEQ ID NO:23144
iPS:436464	21-225_219H1	NA	AGATATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAACACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGGAGTGGGCTACAA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7121	SEQ ID NO:15133	SEQ ID NO:23145
		AA	RYGMH	VIWYDGSNKHYADSVKG	DRGVGYYGMDV
			SEQ ID NO:7122	SEQ ID NO:15134	SEQ ID NO:23146

【図４９－７０３】

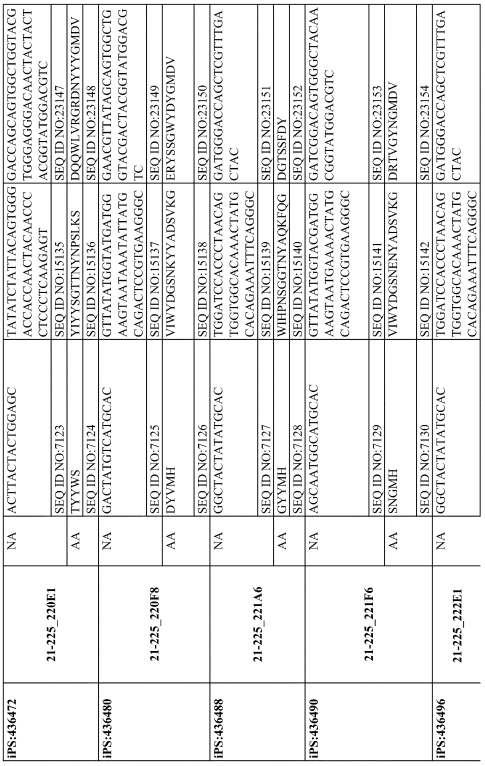


FIGURE 49

iPS:436472	21-225_220E1		NA	ACTTACTACTGGAGC	TATATCTATTACAGTGGG	SEQ ID NO:23155	GACCAGCAGTGGCTGGTACG
					ACCACCAACTACAACCC		TGGGAGGGACAACTACTACT
					CTCCCTCAAGAGT		ACGGTATGGACGTC
		SEQ ID NO:7123			SEQ ID NO:15135	SEQ ID NO:23147	
			AA	TYYWS	YIYYSGTTNYNPSLKS	SEQ ID NO:23148	DQQWLVRGRDNYYYGMDV
		SEQ ID NO:7124			SEQ ID NO:15136	SEQ ID NO:23148	
iPS:436480	21-225_220F8		NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	SEQ ID NO:23149	GAACGTTATAGCAGTGGCTG
					AAGTAATAAATATTATG		GTACGACTACGGTATGGACG
					CAGACTCCGTGAAGGGC		TC
		SEQ ID NO:7125			SEQ ID NO:15137	SEQ ID NO:23149	
			AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV	
		SEQ ID NO:7126			SEQ ID NO:15138	SEQ ID NO:23150	
iPS:436488	21-225_221A6		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCCACCCTAACAG	SEQ ID NO:23151	GATGGGACCAGCTCGTTTGA
					TCGTGGCACAAACTATG		CTAC
					CACAGAAATTTCAGGGC		
		SEQ ID NO:7127			SEQ ID NO:15139	SEQ ID NO:23151	
			AA	GYYMH	WIHPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY	
		SEQ ID NO:7128			SEQ ID NO:15140	SEQ ID NO:23152	
iPS:436490	21-225_221F6		NA	AGCAAATGGCATGCAC	GTTATATGGTACGATGG	SEQ ID NO:23153	GATCGGACAGTGGGCTACAA
					AAGTAATGAAAAACTATG		CGGTATGGACGTC
					CAGACTCCGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:7129			SEQ ID NO:15141	SEQ ID NO:23153	
			AA	SNGMH	VIWYDGSNENYADSVKG	DRTVGYNGMDV	
		SEQ ID NO:7130			SEQ ID NO:15142	SEQ ID NO:23154	
iPS:436496	21-225_222E1		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCCACCCTAACAG	SEQ ID NO:23154	GATGGGACCAGCTCGTTTGA
					TGGTGGCACAAACTATG		CTAC
					CACAGAAATTTCAGGGC		

【図４９－７０４】

FIGURE 49

	21-225_222E1		AA	SEQ ID NO:7131	SEQ ID NO:15143	SEQ ID NO:23155	
				GYYMH	WIHPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY	
				SEQ ID NO:7132	SEQ ID NO:15144	SEQ ID NO:23156	
iPS:436500	21-225_222H3		NA	AGCTATGGTATCAAC	TGGATCAGCGTTTACAGT	GACTACTACTACGGTTTTGA	
					GGTAACACAAACTATGC	CGTC	
					ACAGAAGCTCCAGGGC		
		SEQ ID NO:7133			SEQ ID NO:15145	SEQ ID NO:23157	
			AA	SYGIN	WISVYNGNTNYAQKLQG	DYYYGFDV	
		SEQ ID NO:7134			SEQ ID NO:15146	SEQ ID NO:23158	
iPS:436502	21-225_222A11		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGGGATGTCGGGTACAA	
					AAGTAATAAAAACTATG	CGGTATGGACGTC	
					CAGACTCCGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:7135			SEQ ID NO:15147	SEQ ID NO:23159	
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DRDVGYNGMDV	
		SEQ ID NO:7136			SEQ ID NO:15148	SEQ ID NO:23160	
iPS:436504	21-225_222H4		NA	AACTTTGCCATGAGT	AGTTATTGTTGGTATGATGGT	GACCCTTATCCGTGTAGCAGT	
					GGTCGCACGTACTACGC	GGCTGGGGCCTTTGACTAC	
					AGACTCCGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:7137			SEQ ID NO:15149	SEQ ID NO:23161	
			AA	NFAMS	SIVGSGGRTYYADSVKG	DPYRVAVAGAFDY	
		SEQ ID NO:7138			SEQ ID NO:15150	SEQ ID NO:23162	
iPS:436506	21-225_222C7		NA	GGTCGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGCGCCCTTGATTT	
					AAGCGCCAACTACAACC	C	
					CGTCCCTCAAGAGT		
		SEQ ID NO:7139			SEQ ID NO:15151	SEQ ID NO:23163	
			AA	QRYWS	EINHSGSANYNPSLKS	DTYGALDF	

【図４９－７０５】

FIGURE 49

iPS:436508	21-225_222F7		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCCACCCTAACAG	SEQ ID NO:23164	GATGGGACCAGCTCGTTTGA
					TCGTGGCACAAACTATG		CTAC
					CACAGAAATTTCAGGGC		
		SEQ ID NO:7141			SEQ ID NO:15153	SEQ ID NO:23165	
			AA	GYYMH	WIHPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY	
		SEQ ID NO:7142			SEQ ID NO:15154	SEQ ID NO:23166	
iPS:436510	21-225_222H8		NA	AACTTTGCCATGAGT	AGTTATTGTTGGTATGATGGT	GACCCTTATCCGTGTAGCAGT	
					GGTCGCACGTACTACGC	GGCTGGGGCCTTTGACTAC	
					AGACTCCGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:7143			SEQ ID NO:15155	SEQ ID NO:23167	
			AA	NFAMS	SIVGSGGRTYYADSVKG	DPYRVAVAGAFDY	
		SEQ ID NO:7144			SEQ ID NO:15156	SEQ ID NO:23168	
iPS:436514	21-225_222D10		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGGGATGTCGGGTACAA	
					AAGTAATAAAAACTATG	CGGTATGGACGTC	
					CAGACTCCGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:7145			SEQ ID NO:15157	SEQ ID NO:23169	
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DRDVGYNGMDV	
		SEQ ID NO:7146			SEQ ID NO:15158	SEQ ID NO:23170	
iPS:436516	21-225_222C12		NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCCACCCTAACAG	GATGGGACCAGCTCGTTTGA	
					TCGTGGCACAAACTATG	CTAC	
					CACAGAAATTTCAGGGC		
		SEQ ID NO:7147			SEQ ID NO:15159	SEQ ID NO:23171	
			AA	GYYMH	WIHPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY	
		SEQ ID NO:7148			SEQ ID NO:15160	SEQ ID NO:23172	

【図４９－７０６】

FIGURE 49

iPS:436520	21-225_223G10		NA	AGCTATGGTATCAAC	TGGATCAGCGTTTACAGT	GACTACTACTACGGTATGGA	
					GGTAACACAAACTATGC	CGTC	
					ACAGAAGCTCCAGGGC		
		SEQ ID NO:7149			SEQ ID NO:15161	SEQ ID NO:23173	
			AA	SYGIN	WISVYSGNTNYAQKLQG	DYYYGMDV	
		SEQ ID NO:7150			SEQ ID NO:15162	SEQ ID NO:23174	
iPS:436522	21-225_223H10		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGGGATGTCGGGTACAA	
					AAGTAATAAAAACTATG	CGGTATGGACGTC	
					CAGACTCCGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:7151			SEQ ID NO:15163	SEQ ID NO:23175	
			AA	SYGMH	VIWYDGSNKNYADSVKG	DRDVGYNGMDV	
		SEQ ID NO:7152			SEQ ID NO:15164	SEQ ID NO:23176	
iPS:436526	21-225_224A1		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGCAGAGG	GGCTCCTACGATAGTAGTGG	
					CGGCAGCACATACTACG	TTATTACCACTACTCTAGACC	
					CAGACGCCGTGAAGGGC	AC	
		SEQ ID NO:7153			SEQ ID NO:15165	SEQ ID NO:23177	
			AA	SYAMS	AISGRGSTYYADAVKG	GSYDSSGYYHYLDH	
		SEQ ID NO:7154			SEQ ID NO:15166	SEQ ID NO:23178	
iPS:436528	21-225_224B1		NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGCAGAGG	GAGGGGGGCTACTACTATTA	
					GCTAACACATACTACGC	CTACGGTGTGGACGTC	
					AGACTCCGTGAAGGGC		
		SEQ ID NO:7155			SEQ ID NO:15167	SEQ ID NO:23179	
			AA	SYAMS	AISGSGGNTYYADSVKG	IEGGYYYYYGMDV	
		SEQ ID NO:7156			SEQ ID NO:15168	SEQ ID NO:23180	

【図４９－７０７】

FIGURE 49

iPS:436534	21-225_224F1	NA	AGCTATATCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGCAAACTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7157	SYIMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSSWYDYGMDV
		AA			
		SEQ ID NO:7158		SEQ ID NO:15170	SEQ ID NO:23182
iPS:436536	21-225_224G1	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7159	GYYIH	SEQ ID NO:15171	SEQ ID NO:23183
		AA		WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
		SEQ ID NO:7160		SEQ ID NO:15172	SEQ ID NO:23184
iPS:436538	21-225_224C3	NA	AGAAGTATTACTACTGGGG C	AATATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	CAGGGTCGGGACTGGGGTGT TGACTAC
		SEQ ID NO:7161		SEQ ID NO:15173	SEQ ID NO:23185
		AA		RSSYYWG	NIYYSGSTYYYNPSLKS	QGRDWGVDY
		SEQ ID NO:7162		SEQ ID NO:15174	SEQ ID NO:23186
iPS:436540	21-225_224F3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7163		SEQ ID NO:15175	SEQ ID NO:23187
		AA		SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSSWYDYGMDV
		SEQ ID NO:7164		SEQ ID NO:15176	SEQ ID NO:23188

【図４９－７０８】

FIGURE 49

iPS:436544	21-225_224H5	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGAAACTGGTT CGACCCC
		SEQ ID NO:7165		SEQ ID NO:15177	SEQ ID NO:23189
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWSWFDP
		SEQ ID NO:7166		SEQ ID NO:15178	SEQ ID NO:23190
iPS:436546	21-225_224D6	NA	AGCGATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGTT GATAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	GTCTATAGTGCCTACGATTC TCACTGGTTCGACCCC
		SEQ ID NO:7167		SEQ ID NO:15179	SEQ ID NO:23191
		AA	SDAMS	AISGSGDNTFYADSVKG	VYSAYDSHWFDP
		SEQ ID NO:7168		SEQ ID NO:15180	SEQ ID NO:23192
iPS:436548	21-225_224A7	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7169		SEQ ID NO:15181	SEQ ID NO:23193
		AA	GYYIH	WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
		SEQ ID NO:7170		SEQ ID NO:15182	SEQ ID NO:23194
iPS:436550	21-225_224D8	NA	AATTATGATATCAAC	TGGTTTGTACCCTAACAGT GGTGATGGCTATGC ACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		SEQ ID NO:7171		SEQ ID NO:15183	SEQ ID NO:23195
		AA	NYDIN	WLYPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
		SEQ ID NO:7172		SEQ ID NO:15184	SEQ ID NO:23196
iPS:436554	21-225_224C10	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACAAGTT TGACTAC
		SEQ ID NO:7173		SEQ ID NO:15185	SEQ ID NO:23197

【図４９－７０９】

FIGURE 49

iPS:436556	21-225_224H10	AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYKFDY
		SEQ ID NO:7174		SEQ ID NO:15186	SEQ ID NO:23198
		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAGGG AAGTAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAGGGGC	GAGCTAGGCTTCCAGTCTGA CTAC
		SEQ ID NO:7175		SEQ ID NO:15187	SEQ ID NO:23199
		AA	SYGMH	VIWYEGSNKYYVDSVRG	ELGFQSDY
		SEQ ID NO:7176		SEQ ID NO:15188	SEQ ID NO:23200
iPS:436558	21-225_224C11	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7177		SEQ ID NO:15189	SEQ ID NO:23201
		AA	GYYIH	WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
		SEQ ID NO:7178		SEQ ID NO:15190	SEQ ID NO:23202
iPS:436560	21-225_224F11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACAAGTT TGACTAC
		SEQ ID NO:7179		SEQ ID NO:15191	SEQ ID NO:23203
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYKFDY
		SEQ ID NO:7180		SEQ ID NO:15192	SEQ ID NO:23204
iPS:436562	21-225_224H11	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7181		SEQ ID NO:15193	SEQ ID NO:23205
		AA	GYYIH	WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
		SEQ ID NO:7182		SEQ ID NO:15194	SEQ ID NO:23206

【図４９－７１０】

FIGURE 49

iPS:436564	21-225_225A1	NA	GACTTATGTCATCCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7183		SEQ ID NO:15195	SEQ ID NO:23207
		AA	DYYIH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSGWYDYGMDV
		SEQ ID NO:7184		SEQ ID NO:15196	SEQ ID NO:23208
iPS:436568	21-225_225B3	NA	AGCTACTATATGTGCAC	ATAATCAACCCTAGTGG TGGTAGCACAAGCTACG CACAGAAGTTCCAGGGC	GATTTAGCAGCTCCGTTCTTA CTACTACTACTTCGGTATGG ACGTC
		SEQ ID NO:7185		SEQ ID NO:15197	SEQ ID NO:23209
		AA	SYYMH	INPSGGSTSYAQKFQG	DLAARSYYYYFGMDV
		SEQ ID NO:7186		SEQ ID NO:15198	SEQ ID NO:23210
iPS:436570	21-225_225F4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7187		SEQ ID NO:15199	SEQ ID NO:23211
		AA	NYDIN	WMHPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
		SEQ ID NO:7188		SEQ ID NO:15200	SEQ ID NO:23212
iPS:436572	21-225_225G4	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7189		SEQ ID NO:15201	SEQ ID NO:23213
		AA	GYYIH	WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
		SEQ ID NO:7190		SEQ ID NO:15202	SEQ ID NO:23214
iPS:436574		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTTTG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACCGCTT TGACTAC

【図４９－７１１】

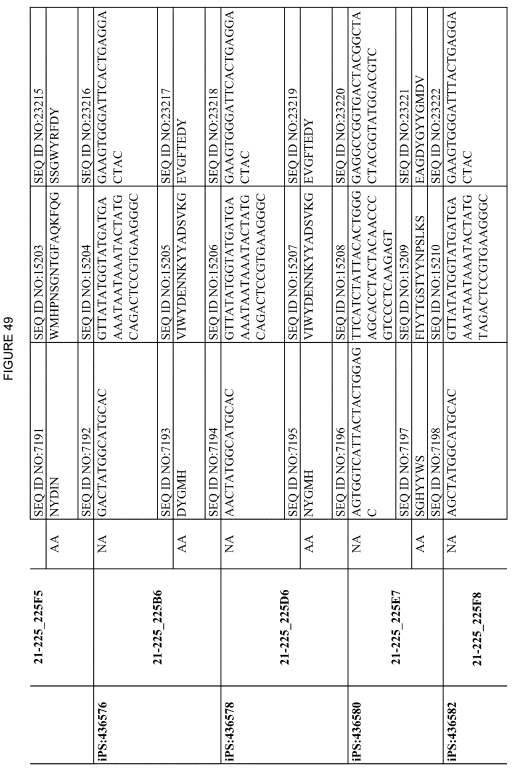


FIGURE 49

	21-225_225F5			SEQ ID NO:7191	SEQ ID NO:15203	SEQ ID NO:23215
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGFAQKFQG	SSGWYRFDY
iPS:436576	21-225_225B6	NA		SEQ ID NO:7192	SEQ ID NO:15204	SEQ ID NO:23216
				GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGATTCACTGAGGA CTAC
			AA	DYGMH	VIWYDENNKYYADSVKG	EVGFTEDY
iPS:436578		NA		SEQ ID NO:7194	SEQ ID NO:15206	SEQ ID NO:23218
				AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGATTCACTGAGGA CTAC
			AA	NYGMH	SVIWYDENNKYYADSVKG	EVGFTEDY
iPS:436580		NA		SEQ ID NO:7196	SEQ ID NO:15208	SEQ ID NO:23220
				AGTGGTCATTACTACTGGGAG C	TTCATCTATTACACTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GAGGCCGGTGACTACGGCTA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7197	SEQ ID NO:15209	SEQ ID NO:23221
			AA	SGHYYWS	FIYYTGSTYYNPSLKS	EAGDYGYYGMDV
iPS:436582		NA		SEQ ID NO:7198	SEQ ID NO:15210	SEQ ID NO:23222
				AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGA AAATAATAAATACTATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGATTTACTGAGGA CTAC

【図４９－７１２】

FIGURE 49

	21-225_225F8			SEQ ID NO:7199	SEQ ID NO:15211	SEQ ID NO:23223
			AA	SYGMH	VIWYDENNKYYVDSVKG	EVGFTEDY
iPS:436584	21-225_225B9	NA		SEQ ID NO:7200	SEQ ID NO:15212	SEQ ID NO:23224
				AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCGGGGC	AGCAGTGGCTGGACCCTTTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7201	SEQ ID NO:15213	SEQ ID NO:23225
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFRG	SSGWTLFDY
iPS:436586	21-225_225F11	NA		SEQ ID NO:7202	SEQ ID NO:15214	SEQ ID NO:23226
				AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACCGCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7203	SEQ ID NO:15215	SEQ ID NO:23227
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYRFDY
iPS:436588	21-225_225F12	NA		SEQ ID NO:7204	SEQ ID NO:15216	SEQ ID NO:23228
				CATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCAAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACAAGTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7205	SEQ ID NO:15217	SEQ ID NO:23229
			AA	HYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYKFDY
iPS:436590	21-225_225H12	NA		SEQ ID NO:7206	SEQ ID NO:15218	SEQ ID NO:23230
				AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACAAGTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7207	SEQ ID NO:15219	SEQ ID NO:23231

【図４９－７１３】

FIGURE 49

	21-225_226A5			NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYKFDY
			AA	SEQ ID NO:7208	SEQ ID NO:15220	SEQ ID NO:23232
iPS:436592	21-225_226B1	NA		ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG ACGTTATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCACTACGATTTTTGGAG TGGTTATCTTACCCAC
				SEQ ID NO:7209	SEQ ID NO:15221	SEQ ID NO:23233
			AA	TYGMH	IIWYDGGYKYYADSVKG	DHYDFWSGYLTH
iPS:436594				SEQ ID NO:7210	SEQ ID NO:15222	SEQ ID NO:23234
		NA		AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AACTAATAAATACTATA CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGGTCACGATTTTTGGAG TGGCTTTTTTTGTTAC
				SEQ ID NO:7211	SEQ ID NO:15223	SEQ ID NO:23235
			AA	NYGMH	IIWYDGTNKYYTDSVKG	PGHDFWSGFFCY
iPS:436596	21-225_226C6	NA		SEQ ID NO:7212	SEQ ID NO:15224	SEQ ID NO:23236
				GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7213	SEQ ID NO:15225	SEQ ID NO:23237
			AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ERYSSSWYDYGMDV
iPS:436598	21-225_226D6	NA		SEQ ID NO:7214	SEQ ID NO:15226	SEQ ID NO:23238
				AATTATGATATCAAC	TGGAATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACAAGTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7215	SEQ ID NO:15227	SEQ ID NO:23239
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYKFDY

【図４９－７１４】

FIGURE 49

	21-225_226F6			SEQ ID NO:7216	SEQ ID NO:15228	SEQ ID NO:23240
			AA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TCGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACCGCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7217	SEQ ID NO:15229	SEQ ID NO:23241
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYRFDY
iPS:436600	21-225_226K7	NA		SEQ ID NO:7218	SEQ ID NO:15230	SEQ ID NO:23242
				ACCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAATTACGGATTTTTGGAG TGGTTATTATGGCTAC
				SEQ ID NO:7219	SEQ ID NO:15231	SEQ ID NO:23243
			AA	TYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	ENYDFWSGYYGY
iPS:436602	21-225_226F7	NA		SEQ ID NO:7220	SEQ ID NO:15232	SEQ ID NO:23244
				AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAGGTATATAACAGCGGCTG GTACGACTACGGTTTGGACG TC
				SEQ ID NO:7221	SEQ ID NO:15233	SEQ ID NO:23245
			AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	ERYNSGWYDYGLDV
iPS:436604	21-225_226G8	NA		SEQ ID NO:7222	SEQ ID NO:15234	SEQ ID NO:23246
				GGCTACTATATACAC	TCGGATCCAACCCTTACAGTT GGTTGACACAAAGTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7223	SEQ ID NO:15235	SEQ ID NO:23247
			AA	GYYIH	WNPYSGDTKYAQKFQG	DWGGVSSYYYGMDV
iPS:436606				SEQ ID NO:7224	SEQ ID NO:15236	SEQ ID NO:23248

【図４９－７１５】

FIGURE 49

iPS:436608	21-225_226A9	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGGA AAGTAATAAATACTATA CAGCATCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGATTCACTGAGGA CTAC
				SEQ ID NO:7225	SEQ ID NO:23249
		AA	NYGMH	NYGMH	VIWYEESNKYYTDSVKG	EVGFTEDY
				SEQ ID NO:7226	SEQ ID NO:23250
iPS:436610	21-225_226F9	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAAGTATGC TC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7227	SEQ ID NO:23251
		AA	GYYIH	GYYIH	WINPYSGDTKYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
				SEQ ID NO:7228	SEQ ID NO:23252
iPS:436612	21-225_226H9	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTCTGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7229	SEQ ID NO:23253
		AA	GYYIH	GYYIH	WINPYSGDTNSAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
				SEQ ID NO:7230	SEQ ID NO:23254
iPS:436614	21-225_226F10	NA	GGCTATTATATACAC	TGGATCAACCCATACAG TGGTGACACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7231	SEQ ID NO:23255
		AA	GYYIH	WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
				SEQ ID NO:7232	SEQ ID NO:23256
iPS:436616	21-225_226D11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7233	SEQ ID NO:23257

【図４９－７１６】

FIGURE 49

iPS:436618	21-225_226E11	AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7234	SEQ ID NO:23258
		NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7235	SEQ ID NO:23259
		AA	GYYIH	WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
				SEQ ID NO:7236	SEQ ID NO:23260
iPS:436620	21-225_226H11	NA	AACTGTGGCAATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGCATCCGTGAAGGGC	GAGCTGTATAGCAGCAGCTG GTACGACTACGGTTTGGACG TC
				SEQ ID NO:7237	SEQ ID NO:23261
		AA	NCGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	ELYSSSWYDYGLDV
				SEQ ID NO:7238	SEQ ID NO:23262
iPS:436622	21-225_226A12	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7239	SEQ ID NO:23263
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7240	SEQ ID NO:23264
iPS:436624	21-225_226H12	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7241	SEQ ID NO:23265
		AA	GYYIH	WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
				SEQ ID NO:7242	SEQ ID NO:23266

【図４９－７１７】

FIGURE 49

iPS:436626	21-225_227C1	NA	GGCTACTATATACACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGGCACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7243	SEQ ID NO:23267
		AA	GYYTH	WINPYSGGTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
				SEQ ID NO:7244	SEQ ID NO:23268
iPS:436628	21-225_227F2	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAAGTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7245	SEQ ID NO:23269
		AA	GYYIH	WINPYSGDTKYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
				SEQ ID NO:7246	SEQ ID NO:23270
iPS:436630	21-225_227G3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGTTGGA AGTAATCAAATACTATGC AGCATCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGATTCACTGAGGA CTAC
				SEQ ID NO:7247	SEQ ID NO:23271
		AA	SYGMH	VIWYYGSNQYYADSVKG	EVGFTEDY
				SEQ ID NO:7248	SEQ ID NO:23272
iPS:436632	21-225_227E4	NA	ACTTTTGCCATGACC	GTTATTAGTGGTAGAGG TGGTAGCTCATTCTACGC AGCACTCCGTGAAGGGC	GATCAAACTATGGTTTTGACTA C
				SEQ ID NO:7249	SEQ ID NO:23273
		AA	TFAMT	VISGRGGSSFYADSVKG	DQLWFDY
				SEQ ID NO:7250	SEQ ID NO:23274
iPS:436634	21-225_227H5	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGAAGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAGTGGGATTCACTGAGGA CTAC
				SEQ ID NO:7251	SEQ ID NO:23275

【図４９－７１８】

FIGURE 49

iPS:436636	21-225_227E6	AA	NYGMH	VIWYEESNKYYADSVKG	EVGFTEDY
				SEQ ID NO:7252	SEQ ID NO:23276
		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACAAGTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7253	SEQ ID NO:23277
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYKFDY
				SEQ ID NO:7254	SEQ ID NO:23278
iPS:436638	21-225_227C7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCATCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACCGCTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7255	SEQ ID NO:23279
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYRFDY
				SEQ ID NO:7256	SEQ ID NO:23280
iPS:436640	21-225_227A8	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATTGGGGTGGCTACAGTTC TTACTACTACGGTATGGACG TC
				SEQ ID NO:7257	SEQ ID NO:23281
		AA	GYYIH	WINPYSGDTNYAQKFQG	DWGGYSSYYYGMDV
				SEQ ID NO:7258	SEQ ID NO:23282
iPS:436644	21-225_227C9	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGTACCCTACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:7259	SEQ ID NO:23283
		AA	NYDIN	WMYPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYWFDP
				SEQ ID NO:7260	SEQ ID NO:23284

【図４９－７１９】

FIGURE 49

iPS:436646	21-225_227D11	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTACTT
				TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC
				CACAGAAGTTCCAGGGC	
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
iPS:436648	21-225_227F11	NA	ACCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTATT	TTAGGGGTCTAC
				AATTACATGTACTACGC	
				AGACTCAGTGAAGGGC	
		AA	TYSMN	SISSSINYMYYADSVKG	LGVY
iPS:436650	21-225_227C12	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATATTGGA	GAAGTGGGATTCACTGAGGA
				AGTAATCAATACTATGC	CTAC
				GGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	NYGMH	VIWYIGSNQYYADSVKG	EVGPTEDY
iPS:436652	21-225_146B11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT	TGGCGAGGTAACCCCACTGA
				AGTAGCACATACTATGC	CTACGGTATGGACGTC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
iPS:436654	21-225_146C11	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT	TGGCGAGGTAACCCCACTGA
				AGTAGCACATACTATGC	CTACGGTATGGACGTC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV

【図４９－７２０】

FIGURE 49

iPS:436658	21-225_146A2	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT	TGGCGAGGTAACCCCACTGA
				AGTAGCACATACTATGC	CTACGGTATGGACGTC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
iPS:436660	21-225_146D8	NA	AACTATAACAATGAAC	TACATTAGTAGAAGTAG	GATAGGAGTGGGACGCTACGG
				TAATACCAAATACTATGT	GTACTTCTACTACTACGGTTT
				AGACTCTGTGAAGGGC	GGACGTC
		AA	NYNMN	YISRSSNTKYYVDSVKG	DRSGSYGYFYYYGLDV
iPS:436662	21-225_147D7	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAATAG	GCGGATATTGTATTAGTACC
				TGGTAACACAGGCTATG	AGCTGCTATCCCTTATAATT
				CACAGAAGTTCCAGGGC	ACTACTTCGCTATGGACGTC
		AA	SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	ADIVLVPAAIPYNYYFAMDV
iPS:436664	21-225_147E7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT	TGGCGAGGTAACCCCACTGA
				AGTAGTACATACTATGC	CTACGGTATGGACGTC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
iPS:436666	21-225_147B8	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCAACCCTAACAG	GATCGGAGCTCTGGTTCGGG
				TGGTTACCAAAACTATG	GAGTTACCCCTACTACTACT
				CACGAAGTTTCAGGGC	ACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7279	SEQ ID NO:23303

【図４９－７２１】

FIGURE 49

iPS:436668	21-225_147B9	NA	DYYLH	WINPNSGDTNYAQKFQG	DRDSGSGSYPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7280	SEQ ID NO:15292	SEQ ID NO:23304
			AGCTATGGCATGCAC	GTTATTATGGTATTGATGG	GATCGTGACTACGGTGACCC
				AAGTAATAAATACTATG	CCCCTACTACTACTACTACG
				CAGACTCCGTGAAGGGC	GTATGGACGTC
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRDYGDPPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7281	SEQ ID NO:15293	SEQ ID NO:23305
iPS:436670	21-225_147D9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GATATATGGTTTGATGGC	GATCGGGTGGAGGGTTCGGG
				AGTAATAAATACTATGT	GACTCCCTACTACTACTACG
				AGACTCCGTGAAGGAC	GTATGGACGTC
		AA	SYGMH	DIWFDGSNKYYVDSVKD	DRVFGGSGTPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7283	SEQ ID NO:15295	SEQ ID NO:23307
			SEQ ID NO:7284	SEQ ID NO:15296	SEQ ID NO:23308
iPS:436672	21-225_147F9	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGGTGG	GATCGGGATTATTGTAGTGG
				AAGTGATAAAGACTATG	TGGTACTTGTCCTTACTACTA
				CAGACTCCGTGAAGGGC	CTACTACGGTATGGACGTC
		AA	TYGMH	VIWYGGSDKDYADSVKG	DRDYCSGGTCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7285	SEQ ID NO:15297	SEQ ID NO:23309
iPS:436674	21-225_147G9	NA	ACCTATGGCATGCAC	GATTATATGGTATGGTGG	GATCGGGATTATTGTAGTGG
				AAGTGATAAAGACTATG	TGGTAGCTGCCCTTACTACT
				CAGACTCCGTGAAGGGC	ACTACTACGGTATGGACGTC
		AA	NYVMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
			SEQ ID NO:7286	SEQ ID NO:15298	SEQ ID NO:23310
			SEQ ID NO:7287	SEQ ID NO:15299	SEQ ID NO:23311

【図４９－７２２】

FIGURE 49

iPS:436676	21-225_147E11	NA	TYGMH	VIWYGGSDKDYADSVKG	DRDYCSGGSCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7288	SEQ ID NO:15300	SEQ ID NO:23312
			AACTATGTGCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT	TGGCGAGGTAACCCCACTGA
				AGTAGTACATACTACGC	CTACGGTATGGACGTC
				AGAGTCCGTGAAGGGC	
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
			SEQ ID NO:7289	SEQ ID NO:15301	SEQ ID NO:23313
iPS:436678	21-225_147B12	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT	TGGCGAGGTAACCCCACTGA
				AGTAGCACATACTACGC	CTACGGTATGGACGTC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
			SEQ ID NO:7291	SEQ ID NO:15303	SEQ ID NO:23315
iPS:436680	21-225_147B12	NA	AGTGGTTATTACCACTGGAG	TACATCTATTACAGTGGG	GATTGGGGGTGGCTACGACGATTC
			C	AGCACCTACTACAACCC	GAGTGGCTGGTTCGACCCC
				GTCCCTCAAGAGT	
		AA	SGYYHWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DWGGVDSSGWFDP
			SEQ ID NO:7293	SEQ ID NO:15305	SEQ ID NO:23317
iPS:436682	21-225_146A8	NA	AACTATAACATGAAC	TACATTAGTAGAAGTAG	GATAGGAGTGGGAGCTACGG
				TAATACCAAATACTACG	GTACTTCTACTACTACGGTTT
				CAGACTCTGTGAGGGGC	GGACGTC
		AA	NYMMN	YISRSSNTKYYADSVRG	DRSGSVGWFYYYGLDV
			SEQ ID NO:7295	SEQ ID NO:15307	SEQ ID NO:23319
			SEQ ID NO:7296	SEQ ID NO:15308	SEQ ID NO:23320

【図４９－７２３】

FIGURE 49

iPS:436684	21-225_146B6	NA	AGCTATAACATGAAC	TACATTAGTAGAAGTAG TAATACCAAACACTACG CAGACTCTGTGAAGGGC	GATAGGAGTGGGAGCTACGG GTACTTCTACTACAGGTTT GGACGTC
				SEQ ID NO:7297	SEQ ID NO:23321
		AA	SYNMN	YISRSSNTKHYADSVKG	DRSGSYGYFYYYGLDV
				SEQ ID NO:7298	SEQ ID NO:23322
iPS:436686	21-225_148G6	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7299	SEQ ID NO:23323
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
				SEQ ID NO:7300	SEQ ID NO:23324
iPS:436688	21-225_148C8	NA	AGCTATGGCAATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGTGACTACGGTGACCC CCTACTACTACTACGGT GTACGGACGTC
				SEQ ID NO:7301	SEQ ID NO:23325
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRDYGDPPYYYYYGMDV
				SEQ ID NO:7302	SEQ ID NO:23326
iPS:436690	21-225_148A9	NA	ACCTATGGCAATGCAC	GTTATATGGTATGGTGG AAGTGATAAAGACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGATTATTGTAGTGG TGGTACTTGTCCTTACTACTA CTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7303	SEQ ID NO:23327
		AA	TYGMH	VIWYGGSDKDYADSVKG	DRDYCSGGTCPYYYYYGMDV
				SEQ ID NO:7304	SEQ ID NO:23328

【図４９－７２４】

FIGURE 49

iPS:436694	21-225_148G11	NA	AGCTATCCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGTGCATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7305	SEQ ID NO:23329
		AA	SYPMS	VISGGGSSAYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
				SEQ ID NO:7306	SEQ ID NO:23330
iPS:436696	21-225_149A1	NA	AGCTATAACATGAAC	TACATTAGTAGAAGTAG TAATACCAAACACTACG CAGACTCTGTGAAGGGC	GATAGGAGTGGGAGCTACGG GTACTTCTACTACAGGTTT GGACGTC
				SEQ ID NO:7307	SEQ ID NO:23331
		AA	SYNMN	YISRSSNTKHYADSVKG	DRSGSYGYFYYYGLDV
				SEQ ID NO:7308	SEQ ID NO:23332
iPS:436698	21-225_149B5	NA	GGCTATTGGATGAAC	AACATAAAGCAAGATGG AAGTGAGAAATACTATG TGGACTCTGTGAAGGGC	GGGATGTATAGCAGTGGCTG GTACGTCTTTGACTAC
				SEQ ID NO:7309	SEQ ID NO:23333
		AA	GYWMN	NIKQDGSEKYYVDSVKG	GMYSSGWYVFDY
				SEQ ID NO:7310	SEQ ID NO:23334
iPS:436700	21-225_149C7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7311	SEQ ID NO:23335
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
				SEQ ID NO:7312	SEQ ID NO:23336
iPS:436702	21-225_149E8	NA	AGTTATAGCAATGAAC	GCCATTATGATGATACTGGT AGTTACATATTACGCCA GACTCAGTGAAGGGC	ACGGCAGTGGCTGGTACTGG GTGGTTCGACCCC
				SEQ ID NO:7313	SEQ ID NO:23337

【図４９－７２５】

FIGURE 49

iPS:436704	21-225_149C10	NA	SYSMN	AISSTGSYTYYADSVKG	TAVAGTGWFDP
			SEQ ID NO:7314	SEQ ID NO:23326	SEQ ID NO:23338
			AGCCACGCCATGAGC	GTTATTAGTGGAAGGTGG TAGTAGCACATATTACG CAGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7315	SEQ ID NO:23327	SEQ ID NO:23339
		AA	SHAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
			SEQ ID NO:7316	SEQ ID NO:23328	SEQ ID NO:23340
iPS:436706	21-225_149A11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGTGACTACGGTGACCC CCCCTACTACTACTACTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7317	SEQ ID NO:15329	SEQ ID NO:23341
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRDYGDPPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7318	SEQ ID NO:15330	SEQ ID NO:23342
iPS:436708	21-225_150B3	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGGTGG AAGTAATAAAGACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGATTATTGTAGTGG TGGTACCTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7319	SEQ ID NO:15331	SEQ ID NO:23343
		AA	TYGMH	VIWYGGSNKDYADSVKG	DRDYCSGGTCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7320	SEQ ID NO:15332	SEQ ID NO:23344
iPS:436710	21-225_150F6	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7321	SEQ ID NO:15333	SEQ ID NO:23345
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
			SEQ ID NO:7322	SEQ ID NO:15334	SEQ ID NO:23346

【図４９－７２６】

FIGURE 49

iPS:436712	21-225_150F9	NA	AGCTATAACATGAAC	TACATTAGTAGAAGTAG TAATACCAAACACTACG CAGACTCTGTGAAGGGC	GATAGGAGTGGGAGCTACGG GTACTTCTACTACTACGGTTT GGACGTC
			SEQ ID NO:7323	SEQ ID NO:15335	SEQ ID NO:23347
		AA	SYNMN	YISRSSNTKHYADSVKG	DRSGSYGYFYYYGLDV
			SEQ ID NO:7324	SEQ ID NO:15336	SEQ ID NO:23348
iPS:436714	21-225_150H11	NA	ACCTATGCCATGAGC	ATTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7325	SEQ ID NO:15337	SEQ ID NO:23349
		AA	TYAMS	IISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
			SEQ ID NO:7326	SEQ ID NO:15338	SEQ ID NO:23350
iPS:436716	21-225_151F3	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGGTGG AAGTAATACAGACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGATTATTGTAGTGG TACTAGCTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7327	SEQ ID NO:15339	SEQ ID NO:23351
		AA	TYGMH	VIWYGGSNTDYADSVKG	DRDYCSGTSCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7328	SEQ ID NO:15340	SEQ ID NO:23352
iPS:436718	21-225_151H5	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AAGTAATACAGACTATG AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7329	SEQ ID NO:15341	SEQ ID NO:23353
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
			SEQ ID NO:7330	SEQ ID NO:15342	SEQ ID NO:23354

【図４９－７２７】

FIGURE 49

IPS:436720	21-225_151H6	NA	GACTATGGCATGCAC	CTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGTC AGACTCCGTGAAGGGC	GATGACCGATCTTGTAGTAG AACCAGCTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTTTGGACGTC
		AA	DYGMH	SEQ ID NO:7331	SEQ ID NO:23355
				SEQ ID NO:7343	SEQ ID NO:23355
			LIWYDGSNKYYADSVKG	DDRSCSRTSCPYYYYYGLDV	
IPS:436722	21-225_151H7	NA	AGCTATGGCATGAGC	GTTATTAGTGGTATGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:7333	SEQ ID NO:23357
			VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV	
IPS:436724	21-225_151H9	NA	AGCTATGGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:7335	SEQ ID NO:23359
			VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV	
IPS:436726	21-225_152G5	NA	GACTATGGCATGCAC	CTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATGACCGAATCTTGTAGTAG AACCAGCTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTTTGGACGTC
		AA	DYGMH	SEQ ID NO:7337	SEQ ID NO:23361
			LIWYDGSNKYYADSVKG	DDRSCSRTSCPYYYYYGLDV	
				SEQ ID NO:7338	SEQ ID NO:23362

【図４９－７２８】

FIGURE 49

IPS:436728	21-225_152G6	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:7339	SEQ ID NO:23363
			VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV	
				SEQ ID NO:7340	SEQ ID NO:23364
IPS:436730	21-225_152D7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAGGTAACCCCACTGA CTCCGGTATGGACGTC
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:7341	SEQ ID NO:23365
			VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDSGMDV	
				SEQ ID NO:7342	SEQ ID NO:23366
IPS:436732	21-225_152B12	NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGACCGAATCTTGTAGTAG TACCAGCTGCCCCTTACTACT ACTACTACGGTTTGGACGTC
				SEQ ID NO:7343	SEQ ID NO:23367
		AA	DYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DDRSCSSTSCPYYYYYGLDV
				SEQ ID NO:7344	SEQ ID NO:23368
IPS:436734	21-225_153A8	NA	GACTATGGCATGCAC	CTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATGACCGAATCTTGTAGTAG AACCAGCTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTTTGGACGTC
		AA	DYGMH	SEQ ID NO:7345	SEQ ID NO:23369
			LIWYDGSNKYYADSVKG	DDRSCSRTSCPYYYYYGLDV	
				SEQ ID NO:7346	SEQ ID NO:23370

【図４９－７２９】

FIGURE 49

IPS:436736	21-225_153E8	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATTGATGGC AGTAATAAATACTATGTT GACTCCGTGAAGGAC	GATCGGGTGGAGGGTTCGGG GACTCCCTACTACTACTACG GTATGGACGTC
		AA	NYGMH	SEQ ID NO:7347	SEQ ID NO:23371
			VIWPDGSNKYYVDSVKD	DRVEGSGTPYYYYGMDV	
				SEQ ID NO:7348	SEQ ID NO:23372
IPS:436738	21-225_153D9	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGGTGG AAGTAATAAAGACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGATTATTGTAGTGG TGGTAGCTGTCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
		AA	TYGMH	SEQ ID NO:7349	SEQ ID NO:23373
			VIWYGGSNKDYADSVKG	DRDYCSGGSCPYYYYYGMDV	
				SEQ ID NO:7350	SEQ ID NO:23374
IPS:436740	21-225_154C3	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTGTATGGTATGGTGG AAATAATAAAGACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGATTATTGTAGTGG TGGTAGCTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7351	SEQ ID NO:23375
		AA	TYGMH	VVWYGGNNKDYADSVK G	DRDYCSGGSCPYYYYYGMDV
				SEQ ID NO:7352	SEQ ID NO:23376
IPS:436742	21-225_154C4	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7353	SEQ ID NO:23377
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
				SEQ ID NO:7354	SEQ ID NO:23378

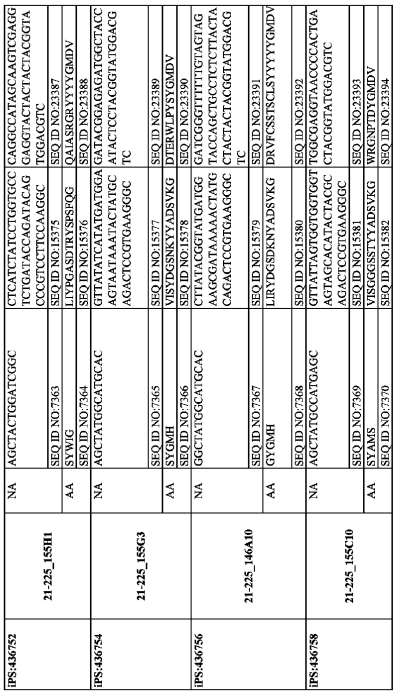
【図４９－７３０】

FIGURE 49

IPS:436744	21-225_154F4	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGATTCCTATTTGTAGTGG TACCAGCTGCCCCTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7355	SEQ ID NO:23379
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EDSYCSGTSCPYYYYYYGMDV
				SEQ ID NO:7356	SEQ ID NO:23380
IPS:436746	21-225_154H10	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTATTAGTGGTGGTGGT AGTAGCACATACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	TGGCGAAGGTAACCCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7357	SEQ ID NO:23381
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNPTDYGMDV
				SEQ ID NO:7358	SEQ ID NO:23382
IPS:436748	21-225_154H11	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGGTGG AAGTAATAAAGACTATG CAGACTCTGTGAAGGGC	GATCGGGATTATTGTAGTGG TGGTAGTTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7359	SEQ ID NO:23383
		AA	TYGMH	VIWYGGSNKDYADSVKG	DRDYCSGGSCPYYYYYGMDV
				SEQ ID NO:7360	SEQ ID NO:23384
IPS:436750	21-225_154G12	NA	AGTGGTTATTACTACTGGAG C	TACACTCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGACT	GATTGGGGTGGCTACGATTC GAGTGGCTGGTTCGACCCC C
				SEQ ID NO:7361	SEQ ID NO:23385
		AA	SGYYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DWGGYDSSGWFDP
				SEQ ID NO:7362	SEQ ID NO:23386

【図４９－７３１】

FIGURE 49



iPS:436752	21-225_155H1	NA	AGCTACTGGATCGGC	CTCATCTATCCTGGTGCC	CAGGCCATAGCAAGTCGAGG
				TCTGATACCAGATACAG	GAGGTACTACTACTACGGTA
				CCCGTCCTTCCAAGGC	TGGACGTC
			SEQ ID NO:7363	SEQ ID NO:15375	SEQ ID NO:23387
		AA	SYWIG	LIYPGASDTRYSPSFQG	QAIASKGRYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7364	SEQ ID NO:15376	SEQ ID NO:23388
iPS:436754	21-225_155G3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA	GATACGGAGAGATGGCTACC
				AGTAATAAATACTATGC	ATACTCCTACGGTATGGACG
				AGACTCCGTGAAGGGC	TC
			SEQ ID NO:7365	SEQ ID NO:15377	SEQ ID NO:23389
		AA	SYGMH	VISYDGSNKYYADSVKG	DTERWLPVSYGMDV
			SEQ ID NO:7366	SEQ ID NO:15378	SEQ ID NO:23390
iPS:436756	21-225_146A10	NA	GGCTATGGCATGCAC	CTTATACGGTATGATGG	GATCGGGTTTTTTGTAGTAG
				AAGCGATAAAAACTATG	TACCAGCTGCCTCTTCTTACTA
				CAGACTCCGTGAAGGGC	CTACTACTACGGTATGGACG
					TC
			SEQ ID NO:7367	SEQ ID NO:15379	SEQ ID NO:23391
		AA	GYGMH	LIRYDGSDKNYADSVKG	DRVFCSSTSCLSYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7368	SEQ ID NO:15380	SEQ ID NO:23392
iPS:436758	21-225_155C10	NA	AGCTATGCCATGAGC	GTTLATTAGTGGTGGTGGT	TGGCGAGGTAACCCCACTGA
				AGTAGCACATACTACGC	CTACGGTATGGACGTC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:7369	SEQ ID NO:15381	SEQ ID NO:23393
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	WRGNFTDYGMDV
			SEQ ID NO:7370	SEQ ID NO:15382	SEQ ID NO:23394

【図４９－７３２】

FIGURE 49

iPS:436760	21-225_155E10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGTGTACTACGGTGACCC
				AAGTAATAAATACTATG	CCCCTACTACTACTACTACG
				CAGACTCCGTGAAGGGC	GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7371	SEQ ID NO:15383	SEQ ID NO:23395
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRDYGDPPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7372	SEQ ID NO:15384	SEQ ID NO:23396
iPS:436762	21-225_156H2	NA	AACTATATAACATGAAC	TACATTATGGTAGAAGTAG	GATAGGAGTGTGGGAGCTACGG
				TAATACCAAATACTACG	GTACTTCTACTACTACGGTA
				CAGACTCTGTGAAGGGC	TCGGACGTC
			SEQ ID NO:7373	SEQ ID NO:15385	SEQ ID NO:23397
		AA	NYNMN	YISRSSNTKYYADSVKG	DRSGSYGYFYYYGMDV
			SEQ ID NO:7374	SEQ ID NO:15386	SEQ ID NO:23398
iPS:436764	21-225_158E9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGGGTTTTTTGTAGTGG
				AAGTAGTAAATACTATG	TACCAGCTGCCCTTACTACT
				CAGACTCCGTGAAGGGC	ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7375	SEQ ID NO:15387	SEQ ID NO:23399
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRVFCSGTSCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7376	SEQ ID NO:15388	SEQ ID NO:23400
iPS:436766	21-225_158D10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGGGTTTTCTTGTAGTAG
				AAGTAATAAATACTATG	TACCAGCTGCCCTTACTACT
				CAGACTCCGTGAAGGGC	ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7377	SEQ ID NO:15389	SEQ ID NO:23401
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRVSCSSTSCPYYYYYGMDV

【図４９－７３３】

FIGURE 49

iPS:436768	21-225_159H8	NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGGGTTTCTTGTAGTAG
				AAGTAATAAATACTATG	TACCAGCTGCCCTTACTACT
				CAGACTCCGTGAAGGGC	ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7378	SEQ ID NO:15390	SEQ ID NO:23402
		AA	TYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRVSCSSTSCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7379	SEQ ID NO:15391	SEQ ID NO:23403
iPS:436770	21-225_160B12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGGGTTTCTTGTAGTAG
				AAGTAATAAATACTATG	TACCAGCTGCCCTTACTACT
				CAGACTCCGTGAAGGGC	ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7380	SEQ ID NO:15392	SEQ ID NO:23404
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRVSCSSTSCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7381	SEQ ID NO:15393	SEQ ID NO:23405
iPS:436772	21-225_161H3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GTCGGGTATAGCGGTGGCTG
				AAGTAATAAATACTATG	GTACATCTCTTTGACTAC
				CAGACTCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO:7382	SEQ ID NO:15394	SEQ ID NO:23406
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	VGYSGGWYIFDY
			SEQ ID NO:7383	SEQ ID NO:15395	SEQ ID NO:23407
iPS:436774	21-225_161E10	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGGGTTTTTGTAGTGG
				AAGTAATAAATACTATG	TACCAGCTGCCCTTACTACT
				TAGACTCCGTGAAGGGC	ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7384	SEQ ID NO:15396	SEQ ID NO:23408
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DRVFCSGTSCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7385	SEQ ID NO:15397	SEQ ID NO:23409

【図４９－７３４】

FIGURE 49

iPS:436776	21-225_161F12	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG	TTACATCTATTTACAGTAGTG	TCGAATTTGTAGTAGTGCCAA
			C	AGCCCCCTACTACAACCC	CTGCTATACGGTGGGGTTCT
				GTCCCTCAAGAGT	ACTACTACGGTTTGGACGTC
			SEQ ID NO:7387	SEQ ID NO:15399	SEQ ID NO:23411
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSPYYNPSLKS	SNCSSANCYYVGFYYYGLDV
			SEQ ID NO:7388	SEQ ID NO:15400	SEQ ID NO:23412
iPS:436780	21-225_165H3	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG	TTACATCTATTTACAGTAGTG	TCGAATTTGTAGTAGTGCCAA
			C	AGCCCCCTACTACAATCC	CTGCTATACGGTGGGGTTCT
				GTCCCTCAAGAGT	ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7389	SEQ ID NO:15401	SEQ ID NO:23413
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSPYYNPSLKS	SNCSSANCYYVGFYYYGMDV
			SEQ ID NO:7390	SEQ ID NO:15402	SEQ ID NO:23414
iPS:436782	21-225_166G11	NA	GGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGATAGATATTGTAGTAG
				AAGTAATAAATACTATG	TCCCCACGTCGCCATCCTTACTA
				CAGACTCCGTGAAGGGC	CTACTACTACGGTCTGGACG
				TC	
			SEQ ID NO:7391	SEQ ID NO:15403	SEQ ID NO:23415
		AA	GYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DDRYCSSPTCHPYYYYYGLDV
			SEQ ID NO:7392	SEQ ID NO:15404	SEQ ID NO:23416

【図４９－７３５】

FIGURE 49

iPS:436784	21-225_169C1	NA	AGCAATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGTACAACCGGAACGA CGGACCACCAGCTTACTACT ACTACTACGGTTTGGACGTC
		SEQ ID NO:7393		SEQ ID NO:15405	SEQ ID NO:23417
		AA	SNGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DQYNRNDGPPAYYYYYGLDV
		SEQ ID NO:7394		SEQ ID NO:15406	SEQ ID NO:23418
iPS:436786	21-225_169A6	NA	AGCAATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGTACAACCGGAACGA CGGACCACCAGCTTACTACT ACTACTACGGTTTGGACGTC
		SEQ ID NO:7395		SEQ ID NO:15407	SEQ ID NO:23419
		AA	SNGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DQYNRNDGPPAYYYYYGMD V
		SEQ ID NO:7396		SEQ ID NO:15408	SEQ ID NO:23420
iPS:436788	21-225_169B7	NA	AGCTATAGCTTGAAC	TACATTGGTACTAGTGG CAGTACATATTCTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GGGGATACAGCTGGGGTTAC CTATTACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7397		SEQ ID NO:15409	SEQ ID NO:23421
		AA	SYSLN	YIGSSGSIIFYADSVKG	GDTAGVTYYYYGMDV
		SEQ ID NO:7398		SEQ ID NO:15410	SEQ ID NO:23422
iPS:436790	21-225_169G11	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGGGGCTACGTATTACCA TCGTTCGGGGAGTTATTATC CGGCTACTAACTACGGTATG GACGTC
		SEQ ID NO:7399		SEQ ID NO:15411	SEQ ID NO:23423
		AA	SYGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	EGATYYHGSGSYYPATNYGM DV
		SEQ ID NO:7400		SEQ ID NO:15412	SEQ ID NO:23424

【図４９－７３６】

FIGURE 49

iPS:436792	21-225_169D12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	CCCCTTTACGATATGGGACT CTACTACGATATGGACGTC
		SEQ ID NO:7401		SEQ ID NO:15413	SEQ ID NO:23425
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	PLYDMGLVYYDMDV
		SEQ ID NO:7402		SEQ ID NO:15414	SEQ ID NO:23426
iPS:436794	21-225_170F1	NA	GGCTATGGCATGAAC	ATTATATGGTATGATGG AAATAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGGTTTATTGTAGTAG TACCAGCTGCCATCCCTATT ACTACTACTACGGCTATGGAC GTC
		SEQ ID NO:7403		SEQ ID NO:15415	SEQ ID NO:23427
		AA	GYGMN	IIWYDGNNKYYADSVKG	DRVYCSSTSCHPVYYYYYAMD V
		SEQ ID NO:7404		SEQ ID NO:15416	SEQ ID NO:23428
iPS:436796	21-225_170A5	NA	AACTGTGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGTACAACAGGAACGA CGGACCACCAGCTTACTACT ACTACTACGGTTTGGACGTC
		SEQ ID NO:7405		SEQ ID NO:15417	SEQ ID NO:23429
		AA	NCGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DQYNRNDGPPAYYYYYGLDV
		SEQ ID NO:7406		SEQ ID NO:15418	SEQ ID NO:23430
iPS:436798	21-225_171F5	NA	AGCTATAGCTTGAAC	TACATTGGTACTAGTGG CAGTACATATTCTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GGGGATACAGCTGGGGTTAC CTATTACTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7407		SEQ ID NO:15419	SEQ ID NO:23431
		AA	SYSLN	YIGSSGSIIFYADSVKG	GDTAGVTYYYYGMDV
		SEQ ID NO:7408		SEQ ID NO:15420	SEQ ID NO:23432

【図４９－７３７】

FIGURE 49

iPS:436800	21-225_171D12	NA	AGTTACTATATGTAT	ATAATCAACCCTAGTGG TGGTAGCACAAACTACG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGTTGGGAGTTAAACTAC
		SEQ ID NO:7409		SEQ ID NO:15421	SEQ ID NO:23433
		AA	SYYMY	IINPSGGSTNYAQKFQG	GWELNY
		SEQ ID NO:7410		SEQ ID NO:15422	SEQ ID NO:23434
iPS:436802	21-225_171E12	NA	AGTTATGGCATGCAC	GTTATATGGAATGATGG AGGTAATAAATATAATG GAGACTCCGTGAAGGGC	GACCGTACGTATTACTCTGG TTCGGGGAGCCCCCCTACT ACTACTACTACGGTATGGAC GTC
		SEQ ID NO:7411		SEQ ID NO:15423	SEQ ID NO:23435
		AA	SYGMH	VIWNDGSNKYNGDSVKG	DRTYYSGSGSPPYYYYYYGMD V
		SEQ ID NO:7412		SEQ ID NO:15424	SEQ ID NO:23436
iPS:436804	21-225_172C3	NA	AGTTACTATATGTAT	ACAATCAACCCTAGTGG TGGTAGCACAAACTACG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGCTGGGAGTTAAACTAC
		SEQ ID NO:7413		SEQ ID NO:15425	SEQ ID NO:23437
		AA	SYYMY	TINPSGGSTNYAQKFQG	GWELNY
		SEQ ID NO:7414		SEQ ID NO:15426	SEQ ID NO:23438
iPS:436806	21-225_172B12	NA	AGTTACTATATGTAT	ACAATCAACCCTAGTGG TGGTAGCACAGACTACG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGCTGGGAAATTAAACTAC
		SEQ ID NO:7415		SEQ ID NO:15427	SEQ ID NO:23439
		AA	SYYMY	TINPSGGSTDYAQKFQG	GWELNY
		SEQ ID NO:7416		SEQ ID NO:15428	SEQ ID NO:23440
iPS:436808	21-225_173F8	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA AGTCCTAAAATACTGTGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATGAAAAGGCAGTGGCTGCC GCCCCCCTACGGTATGGACG TC
		SEQ ID NO:7417		SEQ ID NO:15429	SEQ ID NO:23441

【図４９－７３８】

FIGURE 49

iPS:436810	21-225_175F4	AA	SYGMH	VISYDGSPKYYADSVKG	DERQWLPAPYGMDV
		SEQ ID NO:7418		SEQ ID NO:15430	SEQ ID NO:23442
		NA	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATAATGCTT ATCCAGTATCTATGGAA AGT	GATAAGGGCAGCTGGGAGGA GATGACTTCTACTACTACGGT ATGGACGTC	
		SEQ ID NO:7419		SEQ ID NO:15431	SEQ ID NO:23443
		AA	SNSAAWN	RTYYRSKWYNAYPVSME S	DKAAGRNDFYYYGMDV
		SEQ ID NO:7420		SEQ ID NO:15432	SEQ ID NO:23444
iPS:436812	21-225_175C6	NA	AACTGTGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCAGTACAACAGGAACGA CGGACCACCAGCTTACTACT ACTACTACGGTTTGGACGTC
		SEQ ID NO:7421		SEQ ID NO:15433	SEQ ID NO:23445
		AA	NCGMH	IIWYDGSNKYYADSVKG	DQYNRNDGPPAYYYYYGLDV
		SEQ ID NO:7422		SEQ ID NO:15434	SEQ ID NO:23446
iPS:436814	21-225_178H10	NA	AGCAACAGTGCTGCTTGGAA C	GATAAGGCAGCTGGGAGGA ATGACTTCTACTACTACGGT ATGGACGTC	
		SEQ ID NO:7423		SEQ ID NO:15435	SEQ ID NO:23447
		AA	SNSAAWN	RTYYRSKWYSAYPVSMES	DKAAGRNDFYYYGMDV
		SEQ ID NO:7424		SEQ ID NO:15436	SEQ ID NO:23448
iPS:436816	21-225_179H5	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTATCTACTATATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATATCCGGAACTACTACTACTA CGGTTTGGACGTC
		SEQ ID NO:7425		SEQ ID NO:15437	SEQ ID NO:23449

【図４９－７３９】

FIGURE 49

			AA	SYGMH	VIWYDGSNEYYADSVKG	DIRNYYYGLDV
				SEQ ID NO:7426	SEQ ID NO:15438	SEQ ID NO:23450
IPS:436818	21-225_179C7	NA	NA	AACTCTGGCATGCAC	ATTATATTATTATGATGGA ACGTTATAAATACAATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GACCGTCATTAACGATTTCCA CGTTCCCTACTATTACTATTA CGGTATGGACGTC
			AA	SYGVS	WISAYNGNRKYAQKLQG	HDFWSGYYKGMDV
				SEQ ID NO:7443	SEQ ID NO:15455	SEQ ID NO:23467
				SEQ ID NO:7444	SEQ ID NO:15456	SEQ ID NO:23468
IPS:436820	21-225_179D10	NA	NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGTAGTAGTGG AAGTACCACATACTACG CAGCATCTGTGCAGGGC	GATAGTAGGAAGAGGGGTTCTA CTACGGTCTGGACGTC
			AA	SYSMN	YISSSGSTIYYADSVQG	DSRKGFYYGLDV
				SEQ ID NO:7429	SEQ ID NO:15441	SEQ ID NO:23453
				SEQ ID NO:7430	SEQ ID NO:15442	SEQ ID NO:23454
IPS:436822	21-225_180D4	NA	NA	AACTTTGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTGATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGGCCCCCGTTCTCTAC GGTGACTATGTACTTTGACT AC
			AA	NFGMH	IIWYDGSDKYYADSVKG	GGPPHSTVTMYFDY
				SEQ ID NO:7431	SEQ ID NO:15443	SEQ ID NO:23455
				SEQ ID NO:7432	SEQ ID NO:15444	SEQ ID NO:23456
IPS:436824	21-225_180C5	NA	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	TTCATTTCTTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	AAAGCAGCAGCTGTTGCTTT TGATATC
			AA	TSGVGVG	FISWNDDKRYSPSLKS	KAAAVATDI
				SEQ ID NO:7433	SEQ ID NO:15445	SEQ ID NO:23457
				SEQ ID NO:7434	SEQ ID NO:15446	SEQ ID NO:23458

【図４９－７４０】

FIGURE 49

			AA	AGTTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGGTTTTATTACTATGGTTCG GGGAGTCATGTCCCTTACCA CTACTACTACGGTTTGGACG TC
				SEQ ID NO:7435	SEQ ID NO:15447	SEQ ID NO:23459
IPS:436826	21-225_180G5	NA	AA	SYDIN	WMNPNSGNTGTYAQKFQG	GPVYYYGSGSHVPVHYYYGLD V
				SEQ ID NO:7436	SEQ ID NO:15448	SEQ ID NO:23460
IPS:436828	21-225_181H1	NA	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTATGATGG AAGTGATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGGCCCCCGTTTTCTAC GGTGACTATGTACTTCGACT AC
				SEQ ID NO:7437	SEQ ID NO:15449	SEQ ID NO:23461
			AA	NYGMH	IIWYDGSDKYYADSVKG	GGPPHSTVTMYFDY
				SEQ ID NO:7438	SEQ ID NO:15450	SEQ ID NO:23462
IPS:436830	21-225_51F4	NA	NA	AGCTATGGTATCAGC	TGGATCAGCGCTTATAAT GGTAACACAAAGTATGC ACAGAAGCTCCAGGGC	CACGATTTTGGAGTGGTTA TTATAAGGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7439	SEQ ID NO:15451	SEQ ID NO:23463
			AA	SYGIS	WISAYNGNTKYAQKLQG	HDFWSGYYKGMDV
				SEQ ID NO:7440	SEQ ID NO:15452	SEQ ID NO:23464
IPS:436832	21-225_51D8	NA	NA	AGTAACAGTGCTGCTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CAACTGGTATAATGATT ATGCAGTATCTGTGAAA GT	GACCCCTATAACTGGAAACTA CCCCTACTGGTACTTCGATCT C
			AA	SNSAAWN	KTYYRSKWYNDYAVSVK S	DRYNWNYPYWYFDL
				SEQ ID NO:7442	SEQ ID NO:15454	SEQ ID NO:23466

【図４９－７４１】

FIGURE 49

			AA	AGCTATGGTGTCAGC	TGGATCAGCGCTTATAAT GGTAACACAAAGATATGC ACAGAAGCTCCAGGGC	CACGATTTTGGAGTGGTTA TTATAAGGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7451	SEQ ID NO:15463	SEQ ID NO:23475
IPS:436834	21-225_53F1	NA	AA	SYGIS	WISAYNGNTKNAQKLQG	HDFWSGYYKGMDV
				SEQ ID NO:7452	SEQ ID NO:15464	SEQ ID NO:23476
IPS:436836	21-225_53H1	NA	NA	AGCTATGGTATCATGC	TGGATCAGCGCTTATAAT GGTAACACAAAGTATGC ACAGAAGTTCCAGGGC	CACGATTTTGGAGTGGTTA TTATAAGGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7453	SEQ ID NO:15465	SEQ ID NO:23477
			AA	SYGIS	WISAYNGNTKYAQKPQG	HDFWSGYYKGMDV
				SEQ ID NO:7454	SEQ ID NO:15466	SEQ ID NO:23478
IPS:436838	21-225_53H4	NA	NA	CACTTTGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACTACGAGGG AGTTATATCTAC
				SEQ ID NO:7447	SEQ ID NO:15459	SEQ ID NO:23471
			AA	HFGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNYEGFDY
				SEQ ID NO:7448	SEQ ID NO:15460	SEQ ID NO:23472
IPS:436840	21-225_53H9	NA	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCATCCCTAACAGT GGTGACACAAACTATGC ACAGAAGTTTCCAGGGC	GATGGGTATAGCAGTGGCTG GTTCAACTGGTTCGACCCC
				SEQ ID NO:7449	SEQ ID NO:15461	SEQ ID NO:23473
			AA	GYYMH	WIPNSGDTNYAQKFQG	DCYSSGWFNWFDP
				SEQ ID NO:7450	SEQ ID NO:15462	SEQ ID NO:23474

【図４９－７４２】

FIGURE 49

			AA	AGCTATGGTATCAGC	TGGATTAGTGCTTATAAT GGTAACACAAAGAATGC ACAGAAGCTCCAGGGC	CACGATTTTTGGAGTGGTTA TTATAAGGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7457	SEQ ID NO:15469	SEQ ID NO:23481
IPS:436842	21-225_54F9	NA	AA	SYGIS	WISAYNGNTKYAQKLQG	HDFWSGYYKGMDV
				SEQ ID NO:7455	SEQ ID NO:15467	SEQ ID NO:23479
IPS:436844	21-225_56G1	NA	AA	SYGFS	WISAYNGNTKEAQKFQG	HDFWSGYYKGMDV
				SEQ ID NO:7456	SEQ ID NO:15468	SEQ ID NO:23480
IPS:436846	21-225_56E3	NA	NA	AGCTATGGTTTCAGC	TGGATCAGCGCTTATAAT GGTAACACAAAGGAAGC ACAGAAGTTTCCAGGGC	CACGATTTTTGGAGTGGTTA TTATAAGGGTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7458	SEQ ID NO:15470	SEQ ID NO:23482
IPS:436848	21-225_57F1	NA	AA	TSGVGVG	LIYWHDDKRYSPSLKS	VTGHAAPV
				SEQ ID NO:7459	SEQ ID NO:15471	SEQ ID NO:23483
			NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	GTCACAGGTATAGCAGCTCC CTAC	CTCATTTATTGGCATGAA GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC

10

20

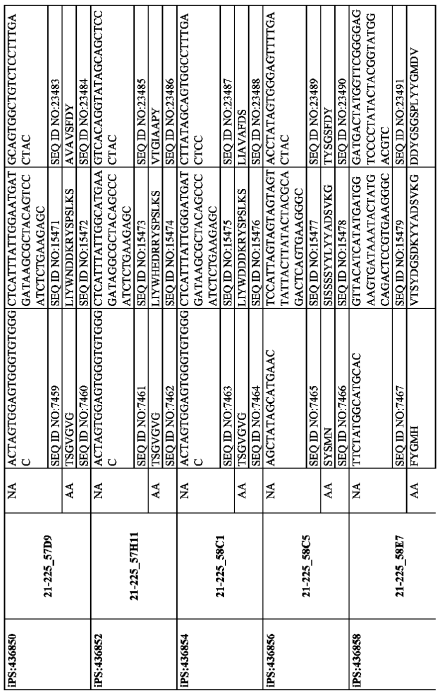
30

40

50

【図４９－７４３】

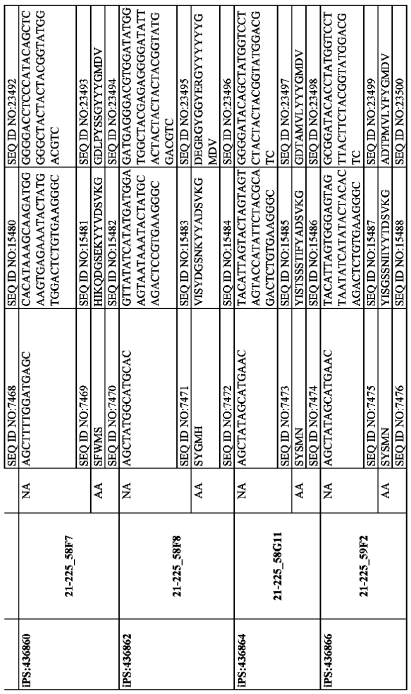
FIGURE 49



IPS:436850	21-225_57D9	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGTCC	GCAGTGGCTGTCTCCTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:7459	SEQ ID NO:15471	SEQ ID NO:23483
		AA	TSGVGVG	LIYWNDDKRYSPSLKS	AVAVSFDY
			SEQ ID NO:7460	SEQ ID NO:15472	SEQ ID NO:23484
IPS:436852	21-225_57H11	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGCATGAA ATCTCTGAAGAGC	GTCACAGGTATAGCAGCTCC CTAC
			SEQ ID NO:7461	SEQ ID NO:15473	SEQ ID NO:23485
		AA	TSGVGVG	LIYWHEDRRYSPSLKS	VTGIAAPV
			SEQ ID NO:7462	SEQ ID NO:15474	SEQ ID NO:23486
IPS:436854	21-225_58C1	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGGATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	CTTATAGCAGTGGCCTTTGA CTCC
			SEQ ID NO:7463	SEQ ID NO:15475	SEQ ID NO:23487
		AA	TSGVGVG	LIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDS
			SEQ ID NO:7464	SEQ ID NO:15476	SEQ ID NO:23488
IPS:436856	21-225_58C5	NA	AGCTATAGCATGAAC	TCCATTAGTAGTAGTAGT TATTACTTATACTACGCA GACTCAGTGAAGGGC	ACCTATAGTGGGAGTTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:7465	SEQ ID NO:15477	SEQ ID NO:23489
		AA	SYSMN	SISSSSYYLYYYADSVKG	TYSGSFDY
			SEQ ID NO:7466	SEQ ID NO:15478	SEQ ID NO:23490
IPS:436858	21-225_58E7	NA	TTCTATGGCATGCAC	GTTACATCATATGATGG AAGTGATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATGACTATGGTTCGGGGAG TCCCCTATACTACGGTATGG ACGTC
			SEQ ID NO:7467	SEQ ID NO:15479	SEQ ID NO:23491
		AA	FYGMH	VTSYDGSDKYYADSVKG	DDYGSGSPLYYGMDV

【図４９－７４４】

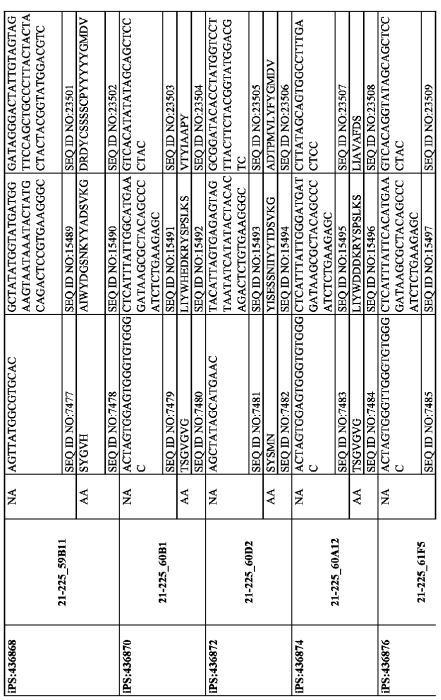
FIGURE 49



IPS:436860	21-225_58F7	NA	AGCTTTTGGATGAGC	CACATAAAGCAAGATGG AAGTGAGAAATACTATG TGGACTCTGTGAAGGGC	GGGGACCTCCCATACAGCTC GGGCTACTACTACGGTATGG ACGTC
			SEQ ID NO:7468	SEQ ID NO:15480	SEQ ID NO:23492
		AA	SFWMS	HIKQDGSEKYYVDSVKG	GDLPYSSGYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7469	SEQ ID NO:15481	SEQ ID NO:23493
IPS:436862	21-225_58F8	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATCATATGATGGA AGTAAATAACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATGAGGGACGTGGATATGG TGGCTACGAGAGGGGATATT ACTACTACTACTACGGTATG GACGTC
			SEQ ID NO:7470	SEQ ID NO:15482	SEQ ID NO:23494
		AA	SYGMH	VISYDGSNKYYADSVKG	DIEGRGYGGYERGYYYYYYG MDV
			SEQ ID NO:7471	SEQ ID NO:15483	SEQ ID NO:23495
IPS:436864	21-225_58G11	NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGTACTAGTAGT AGTACCATATTCTACGCA GACTCTGTGAAGGGC	GGGGATACAGCTATGGTCCT CTACTACTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:7473	SEQ ID NO:15485	SEQ ID NO:23497
		AA	SYSMN	YISTSSSTIPYADSVKG	GDYTAMVLYYYGMDV
			SEQ ID NO:7474	SEQ ID NO:15486	SEQ ID NO:23498
IPS:436866	21-225_59F2	NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGTGGGAGTAG TAATATCATATACTACAC AGACTCTGTGAAGGGC	GCGGATACACCTATGGTCCT TTACTTCTATCGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:7475	SEQ ID NO:15487	SEQ ID NO:23499
		AA	SYSMN	YISGSSNIIYYTDSVKG	ADYDMVLVFYGMDV
			SEQ ID NO:7476	SEQ ID NO:15488	SEQ ID NO:23500

【図４９－７４５】

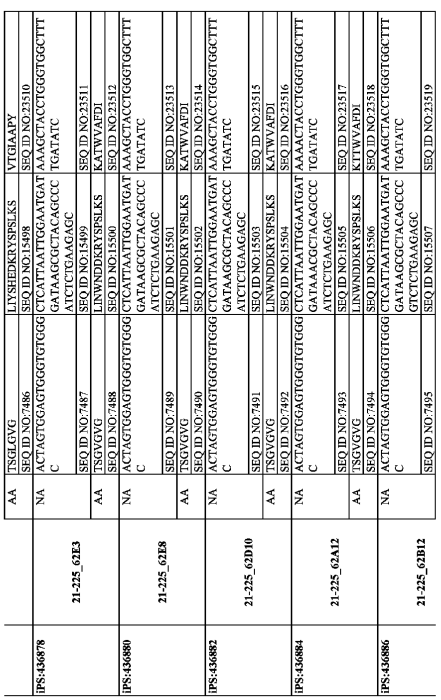
FIGURE 49



IPS:436868	21-225_59B11	NA	AGTTATGGCGTGCAC	GCTATATGGTATGATGG AAGTATATAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAGGGACTATTGTAGTAG TTCCAGCTGCCTTACTACTA CTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7477	SEQ ID NO:15489	SEQ ID NO:23501
		AA	SYGVH	AIWYDGSNKYYADSVKG	DRDYCSSSSCPYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7478	SEQ ID NO:15490	SEQ ID NO:23502
IPS:436870	21-225_60B1	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGCATGAA GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	GTCACATATATAGCAGCTCC CTAC
			SEQ ID NO:7479	SEQ ID NO:15491	SEQ ID NO:23503
		AA	TSGVGVG	LIYWHEDRRYSPSLKS	VTYIAAPV
			SEQ ID NO:7480	SEQ ID NO:15492	SEQ ID NO:23504
IPS:436872	21-225_60D2	NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGTGAGAGTAG ITAATATCATATACTACAC AGACTCTGTGAAGGGC	GCGGATACACCTATGGTCCT TTACTTCTACGGTATGGACG TC
			SEQ ID NO:7481	SEQ ID NO:15493	SEQ ID NO:23505
		AA	SYSMN	YISESSNIIYYTDSVKG	ADTPMVLYFYGMDV
			SEQ ID NO:7482	SEQ ID NO:15494	SEQ ID NO:23506
IPS:436874	21-225_60A12	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTTGGGATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	CTTATAGCAGTGGCCTTTGA CTCC
			SEQ ID NO:7483	SEQ ID NO:15495	SEQ ID NO:23507
		AA	TSGVGVG	LIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDS
			SEQ ID NO:7484	SEQ ID NO:15496	SEQ ID NO:23508
IPS:436876	21-225_61F5	NA	ACTAGTGGGTTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTCACATGAA GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	GTCACAGGTATAGCAGCTCC CTAC
			SEQ ID NO:7485	SEQ ID NO:15497	SEQ ID NO:23509

【図４９－７４６】

FIGURE 49



IPS:436878	21-225_62E3	AA	TSGLGVG	LIYSHEDKRYSPSLKS	VTGIAAPV
			SEQ ID NO:7486	SEQ ID NO:15498	SEQ ID NO:23510
		NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTAATTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	AAAGCTACCTGGGTGGCTTT TGATATC
			SEQ ID NO:7487	SEQ ID NO:15499	SEQ ID NO:23511
		AA	TSGVGVG	LINWNDDKRYSPSLKS	KATWVAFDI
			SEQ ID NO:7488	SEQ ID NO:15500	SEQ ID NO:23512
IPS:436880	21-225_62E8	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTAATTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	AAAGCTACCTGGGTGGCTTT TGATATC
			SEQ ID NO:7489	SEQ ID NO:15501	SEQ ID NO:23513
		AA	TSGVGVG	LINWNDDKRYSPSLKS	KATWVAFDI
			SEQ ID NO:7490	SEQ ID NO:15502	SEQ ID NO:23514
IPS:436882	21-225_62D10	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTAATTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	AAAGCTACCTGGGTGGCTTT TGATATC
			SEQ ID NO:7491	SEQ ID NO:15503	SEQ ID NO:23515
		AA	TSGVGVG	LINWNDDKRYSPSLKS	KATWVAFDI
			SEQ ID NO:7492	SEQ ID NO:15504	SEQ ID NO:23516
IPS:436884	21-225_62A12	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTAATTGGAATGAT GATAAACGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	AAAACTACCTGGGTGGCTTT TGATATC
			SEQ ID NO:7493	SEQ ID NO:15505	SEQ ID NO:23517
		AA	TSGVGVG	LINWNDDKRYSPSLKS	KTTWVAFDI
			SEQ ID NO:7494	SEQ ID NO:15506	SEQ ID NO:23518
IPS:436886	21-225_62B12	NA	ACTAGTTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTAATTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC GTCTCTGAAGAGC	AAAGCTACCTGGGTGGCTTT TGATATC
			SEQ ID NO:7495	SEQ ID NO:15507	SEQ ID NO:23519

【図４９－７４７】

FIGURE 49

				AA	TSGVGVG	LINWNDDKRYSPSLKS	KATWVAFDI
iPS:436888	21-225_63G7	NA	AGCTATAGCATGAAC		SEQ ID NO:7496	SEQ ID NO:15508	SEQ ID NO:23520
				NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGTAGTAGTACT AGTACCATATACTACGC	GATCACCGTTACTATGATAG TAGTGGTTATTACTCTGATG
					SEQ ID NO:7497	SEQ ID NO:15509	CTTTTGATATC
				AA	SYSMN	YISSSTSTITYYAASVKG	DHRYYDSSGYYSDAFDI
iPS:436890	21-225_63A10	NA	AGCTATAGCATGAAC		SEQ ID NO:7498	SEQ ID NO:15510	SEQ ID NO:23522
				NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGTAGTAGTACT AGTACCATATACTACGC	GATCACCGTTACTATGATAG TAGTGGTTATTACTCTGATG
					SEQ ID NO:7499	SEQ ID NO:15511	CTTTTGATATC
				AA	SYSMN	YISSSTSTITYYAASVKG	DHRYYDSSGYYSDAFDI
iPS:436892	21-225_65E9	NA	GGCTACTATATGCAC		SEQ ID NO:7500	SEQ ID NO:15512	SEQ ID NO:23524
				NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TCGTGGCACAAATTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GCGTATTATTATGGTTCGGG GAGTTATTATAATGAATTTG ATATG
					SEQ ID NO:7501	SEQ ID NO:15513	SEQ ID NO:23525
				AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	AYYYGSGSYYNEFDM
iPS:436894	21-225_66C9	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG		SEQ ID NO:7502	SEQ ID NO:15514	SEQ ID NO:23526
				NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG	CTCATTAATTGGAAATGAT GATAAGCGCTCAGCCCC ATCTCTGAAGAGC	AAAGCTACCTGGGTGGCTTT TGATATC
					SEQ ID NO:7503	SEQ ID NO:15515	SEQ ID NO:23527
				AA	TSGVGVG	LINWNDDKRFSPSLKS	KATWVAFDI
iPS:436896	21-225_67F10	NA	GGCTACTATATGCAC		SEQ ID NO:7504	SEQ ID NO:15516	SEQ ID NO:23528
				NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TCGTGGCACAAACTATG GACAGAAGTTTCAGGGC	ACGTATTTCTATGGTTCGGG GAGTTATTATAACGGCTTTG ACTAC
					SEQ ID NO:7505	SEQ ID NO:15517	SEQ ID NO:23529

【図４９－７４８】

FIGURE 49

				AA	GYYMH	WINPNSGGTNYGQKFQG	TYFYGSGSYYNGFDY
iPS:436898	21-225_68D8	NA	AGCACAACGTGCTGCTTGGAA C		SEQ ID NO:7506	SEQ ID NO:15518	SEQ ID NO:23530
				NA	AGCACAACGTGCTGCTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CGAGTGCTATAATGATT ATGCAGTATCTGTGCAG AGT	GATAGAGGGCATAGAGGGTT CTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7507	SEQ ID NO:15519	SEQ ID NO:23531
				AA	SNSAAWN	RTYYRSECYNDYAVSVQS	DRGHRGPYGMDV
iPS:436900	21-225_69B9	NA	GGCTACTATATGCAC		SEQ ID NO:7508	SEQ ID NO:15520	SEQ ID NO:23532
				NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAATTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GCGTATTATTATGGTTCGGG GAGTTATTATAATGAATCTG ATATG
					SEQ ID NO:7509	SEQ ID NO:15521	SEQ ID NO:23533
				AA	GYIMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	AYYYGSGSYYNEFDM
iPS:436902	21-225_69D11	NA	GGCTACTATATGCAC		SEQ ID NO:7510	SEQ ID NO:15522	SEQ ID NO:23534
				NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG GACAGAAGTTTCAGGAC	ACGTATTACTATGGGTCGGG GAGTTATTATAACGGCTTTG ACTAC
					SEQ ID NO:7511	SEQ ID NO:15523	SEQ ID NO:23535
				AA	GYYMH	WINPNSGGTNYGQKFQD	TYYYGSGSYYNGFDY
iPS:436904	21-225_71D4	NA	GGCTACTGTATGCAC		SEQ ID NO:7512	SEQ ID NO:15524	SEQ ID NO:23536
				NA	GGCTACTGTATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TCGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGTC	GCGTATTACTATGGTTCGGG GACTTATCATAACGAATTTG ACTAC
					SEQ ID NO:7513	SEQ ID NO:15525	SEQ ID NO:23537
				AA	GYGMH	WINPNSGGTNYAQKFQY	AYYYGSGTYINEFDY
					SEQ ID NO:7514	SEQ ID NO:15526	SEQ ID NO:23538

【図４９－７４９】

FIGURE 49

				AA	TSGVGVG	LIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDY
iPS:436906	21-225_72B4	NA	GGCTACTATATGCAC		SEQ ID NO:7515	SEQ ID NO:15527	SEQ ID NO:23539
				NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TCGTGGCACAAACTATG GACAGAAGTTTCAGGGC	CGAGTTATTATAACGGCTTTG ACTAC
					SEQ ID NO:7516	WINPNSGGTNYGQKFQG	TYYYGSGSYYNGFDY
				AA	GYYMH	SEQ ID NO:15528	SEQ ID NO:23540
iPS:436908	21-225_72D5	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C		SEQ ID NO:7517	SEQ ID NO:15529	SEQ ID NO:23541
				NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTAATTGGAAATGAT GATAAGCGCTCAGCCCC ATCTCTGAAGAGC	AAACTACCTGGGTGGCTTT TGATATC
					SEQ ID NO:7518	LINWNDDKRYSPSLKS	KATWVAFDI
				AA	TSGVGVG	SEQ ID NO:15530	SEQ ID NO:23542
iPS:436910	21-225_73G1	NA	TACTATGGCATGCAC		SEQ ID NO:7519	SEQ ID NO:15531	SEQ ID NO:23543
				NA	TACTATGGCATGCAC	GTTACAACATATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGACTGGGAACCTGGGCTTT TGATATC
					SEQ ID NO:7520	SEQ ID NO:15532	SEQ ID NO:23544
				AA	YYGMH	VTYYDGSNKYYADSVKG	ETGTWAFDI
iPS:436912	21-225_73C4	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C		SEQ ID NO:7521	SEQ ID NO:15533	SEQ ID NO:23545
				NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTAATTGGAAATGAT GATAAGCGCTCAGCCCC ATCTCTGAAGAGC	AAACTACCTGGGTGGCTTT TGATATC
					SEQ ID NO:7522	LINWNDDKRYSPSLKS	KTTWVAFDI
				AA	TSGVGVG	SEQ ID NO:15534	SEQ ID NO:23546
iPS:436914	21-225_76B4	NA	ACTGGTGGAGTGGGTGTGGG C		SEQ ID NO:7523	SEQ ID NO:15535	SEQ ID NO:23547
				NA	ACTGGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGGAATGAT GATAAGCGCTCAGCCCC ATCTCTGAAGAGC	CTTATAGCAGTGGCCTTTGA CTAC
					SEQ ID NO:7524	SEQ ID NO:15536	SEQ ID NO:23548
				AA	TGGVGVG	LIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDY
iPS:436916	21-225_74A9	NA	AGCTATGGCATGCAC		SEQ ID NO:7525	SEQ ID NO:15537	SEQ ID NO:23549
				NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAATAATAAATCCTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGAAGATTATTGTAGTGG TACCAGCTGCCCTTATTATTA CTACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7526	SEQ ID NO:15538	SEQ ID NO:23550
				AA	SYGMH	VIWYDGNNKSYADSVKG	DRDYCSGTSCPYYYYYGMDV
iPS:436918	21-225_77A2	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C		SEQ ID NO:7527	SEQ ID NO:15539	SEQ ID NO:23551
				NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	TTCATTTATTGGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	CTTATAGCAGTGGCCTTTGA CTAC
					SEQ ID NO:7528	FIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDY
				AA	TSGVGVG	SEQ ID NO:15540	SEQ ID NO:23552
iPS:436920	21-225_74E5	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C		SEQ ID NO:7529	SEQ ID NO:15541	SEQ ID NO:23553
				NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	TTACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAGGAGT	GATTCCACGAGTGGCTGGTAC TGACTAC
					SEQ ID NO:7530	SEQ ID NO:15542	SEQ ID NO:23554
				AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLRS	DSPVAGTDY
iPS:436922	21-225_78E9	NA	AGCTATGGCATGCAC		SEQ ID NO:7531	SEQ ID NO:15543	SEQ ID NO:23555
				NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAATAATAAATCCTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGAAGATTATTGTAGTAG TACCAGCTGCCCTTATTATTA CTACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7532	VIWYDGNNKSYADSVKG	DRDYCSSTSCPYYYYYYGMDV
				AA	SYGMH	SEQ ID NO:15544	SEQ ID NO:23556

【図４９－７５０】

FIGURE 49

				AA	TGGVGVG	LIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDY
iPS:436916	21-225_74A9	NA	AGCTATGGCATGCAC		SEQ ID NO:7524	SEQ ID NO:15536	SEQ ID NO:23548
				NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAATAATAAATCCTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGAAGATTATTGTAGTGG TACCAGCTGCCCTTATTATTA CTACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7525	SEQ ID NO:15537	SEQ ID NO:23549
				AA	SYGMH	VIWYDGNNKSYADSVKG	DRDYCSGTSCPYYYYYGMDV
iPS:436918	21-225_77A2	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C		SEQ ID NO:7526	SEQ ID NO:15538	SEQ ID NO:23550
				NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	TTCATTTATTGGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	CTTATAGCAGTGGCCTTTGA CTAC
					SEQ ID NO:7527	SEQ ID NO:15539	SEQ ID NO:23551
				AA	TSGVGVG	FIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDY
iPS:436920	21-225_74E5	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C		SEQ ID NO:7528	SEQ ID NO:15540	SEQ ID NO:23552
				NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	TTACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAGGAGT	GATTCCACGAGTGGCTGGTAC TGACTAC
					SEQ ID NO:7529	SEQ ID NO:15541	SEQ ID NO:23553
				AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLRS	DSPVAGTDY
iPS:436922	21-225_78E9	NA	AGCTATGGCATGCAC		SEQ ID NO:7530	SEQ ID NO:15542	SEQ ID NO:23554
				NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAATAATAAATCCTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGAAGATTATTGTAGTAG TACCAGCTGCCCTTATTATTA CTACTACGGTATGGACGTC
					SEQ ID NO:7531	SEQ ID NO:15543	SEQ ID NO:23555
				AA	SYGMH	VIWYDGNNKSYADSVKG	DRDYCSSTSCPYYYYYYGMDV
					SEQ ID NO:7532	SEQ ID NO:15544	SEQ ID NO:23556

【図４９－７５１】

FIGURE 49

iPS:436924	21-225_74B3	NA	CGATATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7533	GTTTTTTGGTATGATGGA AGTAATAAAGACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGAGATTATTGTAGTAG TACCAGCTGCCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
		AA	RYGMH	SEQ ID NO:15545	VFWYDGSNKDYADSVKG	DRDYCSSTSCPYYYYYGMDV
iPS:436926	21-225_78D10	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	SEQ ID NO:7534	AGTGGTGGTTACTACTGGAG AGTGTTTACTACAACCCG TCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:23558 GATGCCCCCGACTTCGGTAT GGACGTC
		AA	SGGYYWS	SEQ ID NO:15546	SEQ ID NO:15547	SEQ ID NO:23559
			YYYYGSVYYYNPSLKS	SEQ ID NO:15548	SEQ ID NO:23560	DAPDFGMDV
iPS:436928	21-225_79E7	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7536	GTTATATGGTATGATGG AAATAATAAATCCTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:23561 GATCGAGATTATTGTAGTAG TACCAGCTGCCCTTATTATTA CTACTACGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7537	VIWYDGNNKSYADSVKG	DRDYCSSTSCPYYYYYGMDV
iPS:436932	21-225_92A4	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7538	GTTATATGGTATGATGG AAATAATAAATCCTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:23562 GATCGAGATTATTGTAGTAG TACCAGCTGCCCTTATTATTA CTACTACGGTATGGACGTC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7539	VIWYDGNNKSYADSVKG	SEQ ID NO:23563 DRDYCSSTSCPYYYYYGMDV
iPS:436934	21-225_97E6	NA	ACTGGTGGAGTGGGTGTGGG C	SEQ ID NO:7540	CTCATTTATTGGGATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	SEQ ID NO:23564 CTTATAGCAGTGGCCTGTGA CTAC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7541	VIWYDGNNKSYADSVKG	SEQ ID NO:23565 DRDYCSSTSCPYYYYYGMDV
iPS:436936	21-225_146A3	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7542	GTTATATGGTATGATGG AAATAATAAATCCTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:23566 GATCGAGATTATTGTAGTAG TACCAGCTGCCCTTATTATTA CTACTACGGTATGGACGTC
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:7543	VIWYDGNNKSYADSVKG	SEQ ID NO:23567 DRDYCSSTSCPYYYYYGMDV
			SYGMH	SEQ ID NO:7544		
iPS:436938	21-225_146B8	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:15556	GTTATTATGGTGGTGGTT ACTACCACTACTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:23568 TGGCGAGGTAACCCACTGA CTACGGTATGGACGTC
		AA	SYAMS	SEQ ID NO:7545	VISGGETTTYYADSVKG	SEQ ID NO:23569 WRGNPTDYGMDV
			SYGMH	SEQ ID NO:7546		
iPS:436940	21-225_146B8	NA	ACCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:15558	GTTATTATGGTATGGTGG AAATGATAAAGACTTTG CAGACTCCGTGACGGGC	SEQ ID NO:23570 GATCGGAGATTATTGTAGTGG TGGTAGCTGCCCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
		AA	TYGMH	SEQ ID NO:7547	VVWYGGNDKDFADSVTG	SEQ ID NO:23571 DRDYCSGGSCPYYYYYGMDV
				SEQ ID NO:15560		SEQ ID NO:23572
				SEQ ID NO:7548		

【図４９－７５２】

FIGURE 49

【図４９－７５３】

FIGURE 49

iPS:436942	21-225_146H8	NA	AGTTATGATATCAAT	SEQ ID NO:7549	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGAGATTATTACTATGATAG TACTACTACGGTATGGACGTC
		AA	SYDIN	SEQ ID NO:15561	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SEQ ID NO:23573 GDYYYDSSGHQPYYYYYGMD V
				SEQ ID NO:15562		SEQ ID NO:23574
iPS:436944	21-225_182D12	NA	ACTACTGGAGTGGGTGTGGG C	SEQ ID NO:7550	ATCCTTTTTTGGAATGAT GATGACGCCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	AAATCGCAGCTCGTCTACTT TGACTAC
			SEQ ID NO:7551	SEQ ID NO:15563	SEQ ID NO:23575	
		AA	TTGYGVG	ILFWNDDERYSPSLKS	KSQLVYFDY	
			SEQ ID NO:7552	SEQ ID NO:15564	SEQ ID NO:23576	
iPS:436946	21-225_183F4	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATCTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGACGTATTGTAGTGG TACCACCTGCCCCTACTACT ACTACTACGGTCTGGGCGTC	
			SEQ ID NO:7553	SEQ ID NO:15565	SEQ ID NO:23577	
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSYKG	ERTYCSGTTCPYYYYYGLGV	
			SEQ ID NO:7554	SEQ ID NO:15566	SEQ ID NO:23578	
iPS:436948	21-225_183F5	NA	AGTTATGGCATGCTC	GTTATATGGTATGATGG AAGTGGTAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGAAATTTTGGAGTGGTGA CTAC	
			SEQ ID NO:7555	SEQ ID NO:15567	SEQ ID NO:23579	
		AA	SYGML	VIWYDGSGKYYADSYKG	ENFWSGDY	
			SEQ ID NO:7556	SEQ ID NO:15568	SEQ ID NO:23580	

【図４９－７５４】

FIGURE 49

iPS:436950	21-225_184G4	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7557	ATTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGGCCCCCGTTCTCTAC GGTGACTATGTACTTTGACT AC
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:15569	SEQ ID NO:23581	
			IIWYDGSNKYYADSVKG	GGPPFSTVTMYFDY		
iPS:436952	21-225_185D2	NA	AACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7558	SEQ ID NO:15570	SEQ ID NO:23582
			ATTATATGGTATGATGG AAGTGATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGGCCCCCGTTCTCTAC GGTGACTATGTACTTTGACT AC		
		AA	NYGMH	SEQ ID NO:7559	SEQ ID NO:15571	SEQ ID NO:23583
			IIWYDGSDKYYADSVKG	GGPPFSTVTMYFDY		
			SEQ ID NO:7560	SEQ ID NO:15572	SEQ ID NO:23584	
iPS:436954	21-225_185G7	NA	ACTGGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGAATGAT GATGAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	ATTATAGCAGTGGCCTTCCA GCAT	
			SEQ ID NO:7561	SEQ ID NO:15573	SEQ ID NO:23585	
		AA	TGGVGVG	LIYWNDDERYSPSLKS	IIAVAFQH	
			SEQ ID NO:7562	SEQ ID NO:15574	SEQ ID NO:23586	
iPS:436956	21-225_186H6	NA	ACTAGTGGAGTGGGTGTGGG C	TTCATTTCTTGGAATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	AAAGCAGCAGCTGTTGCTTT TGATATC	
			SEQ ID NO:7563	SEQ ID NO:15575	SEQ ID NO:23587	
		AA	TSGVGVG	FISWNDDKRYSPSLKS	KAAAVAFDI	
			SEQ ID NO:7564	SEQ ID NO:15576	SEQ ID NO:23588	
iPS:436958	21-225_190D1	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	TACACTCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCCCCACTACGAGGCTT TGACTAC	
			SEQ ID NO:7565	SEQ ID NO:15577	SEQ ID NO:23589	
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DSPLRGFDY	

【図４９－７５５】

FIGURE 49

iPS:436960	21-225_190D2	NA	AGCTATGGCATGCAT	SEQ ID NO:7566	SEQ ID NO:15578	SEQ ID NO:23590
					GTTATAATATGATGG AAGTTATAAGTACTATG CAGACTCCGTTGAAGGGC	ACGTTATGCGGGGGTATGGA CGTC
				SEQ ID NO:7567	SEQ ID NO:15579	SEQ ID NO:23591
		AA	SYGMH	SYGMH	VIIYDGSYKYYADSVKG	TYSGGMDV
			VIWYDGSNKYYADSVKG	WYYYYYGMDV	SEQ ID NO:15580	SEQ ID NO:23592
iPS:436962	21-225_190H1	NA	AGGAAAAGTGCTACTTGGAA C	AAGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATAATGATT ATGCAGTATCTGTGAAA AGT	SEQ ID NO:15581	SEQ ID NO:23593
				SEQ ID NO:7569	RKSATWN	DPGGLFDY
		AA	RKSATWN	KTYYRSKWYNDYAVSVK S	SEQ ID NO:15582	SEQ ID NO:23594
				SEQ ID NO:7570		
iPS:436964	21-225_190B3	NA	AACTATGGCATACAC	GTTATATGGTTTGATGGA GATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15582	SEQ ID NO:23594
				SEQ ID NO:7571	SEQ ID NO:15583	SEQ ID NO:23595
		AA	NYGIH	VIWPDGDNKYYADSVKG	DNWNYGDHYYYFGMDV	
				SEQ ID NO:7572	SEQ ID NO:15584	SEQ ID NO:23596
iPS:436966	21-225_190C3	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15584	SEQ ID NO:23596
					TGGTACTACTACTACTACGG TATGGACGTC	
				SEQ ID NO:7573	SEQ ID NO:15585	SEQ ID NO:23597
		AA	SYGMH	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	WYYYYYGMDV
			VIWYDGSNKYYADSVKG			

【図４９－７５６】

FIGURE 49

iPS:436968	21-225_190B10	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7574	SEQ ID NO:15586	SEQ ID NO:23598
				GTTATATGGAATGATGG AAGTAAAAAATACCATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGGATAAGAGGAACTT TTACTACTACTACTACGG TATGGACGTC	
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7575	SEQ ID NO:15587	SEQ ID NO:23599
			VIWNDGSKKYHVDSVKG	VIWNDGSKKYHVDSVKG	DLDKRNPYYYYYGMDV	
				SEQ ID NO:7576	SEQ ID NO:15588	SEQ ID NO:23600
iPS:436970	21-225_190B8	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATAC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15588	SEQ ID NO:23600
					GATAATAAATACTATAC AGACTCCGTGAAGGGC	TTACTACTACTACTACGGTA TGGACGTC
				SEQ ID NO:7577	SEQ ID NO:15589	SEQ ID NO:23601
		AA	SYGMH	VIWPDGSNKYYTDSVKG	DNWNYGDYYYYYGMDV	
			VIWPDGSNKYYTDSVKG	SEQ ID NO:7578	SEQ ID NO:15590	SEQ ID NO:23602
iPS:436972	21-225_190C7	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:15590	SEQ ID NO:23602
					GATAGAGCAGTGGCTGGAAA CTACTTCTACTACGGTATGG ACGTC	
				SEQ ID NO:7579	SEQ ID NO:15591	SEQ ID NO:23603
		AA	GYYMH	WNPNSGGTNYAQKFQG	DRAVAGNYFYYGMDV	
			WNPNSGGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:7580	SEQ ID NO:15592	SEQ ID NO:23604
iPS:436974	21-225_190H7	NA	AGCTATGGCATGCAT	GTTATAATAATATGATGG AAGTTATAAGTACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15592	SEQ ID NO:23604
					ACGTATAGCGGGGGTATGGA CGTC	
		AA	SYGMH	SEQ ID NO:7581	SEQ ID NO:15593	SEQ ID NO:23605
			VIIYDGSYKYYADSVKG	SYGMH	VIIYDGSYKYYADSVKG	TYSGGMDV
				SEQ ID NO:7582	SEQ ID NO:15594	SEQ ID NO:23606

【図４９－７５７】

FIGURE 49

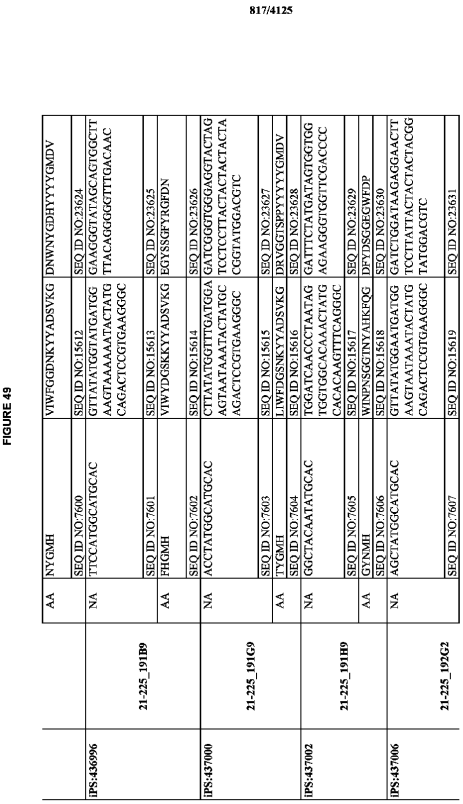
iPS:436976	21-225_190D8	NA	AGCTATGGCCTGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTATATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	TGGTACTACTACTACTACGG TATGGACGTC	
				SEQ ID NO:7583	SEQ ID NO:15595	SEQ ID NO:23607
		AA	SYGLH	VIWYDGSNKYYADSVKG	WYYYYYGMDV	
				SEQ ID NO:7584	SEQ ID NO:15596	SEQ ID NO:23608
iPS:436978	21-225_190G9	NA	AGGAAAAGTGCTACTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATAATGATT ATGCAGTATCTGTGAAA AGT	SEQ ID NO:15596	SEQ ID NO:23608
					GATCCGGGTGGCCCTCTTTGA CTAC	
				SEQ ID NO:7585	SEQ ID NO:15597	SEQ ID NO:23609
		AA	RKSATWN	RTYYRSKWYNDYAVSVK S	DPGGLFDY	
				SEQ ID NO:7586	SEQ ID NO:15598	SEQ ID NO:23610
iPS:436980	21-225_190C10	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGGTGGA GATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAGGGGC	SEQ ID NO:15598	SEQ ID NO:23610
					GATAACTGGAACTACGGCGA TCACTACTACTATTACGGAA TGGACGTC	
				SEQ ID NO:7587	SEQ ID NO:15599	SEQ ID NO:23611
		AA	NYGMH	VIWFGDNKYYADSVRG	DNWNYGDHYYYYGMDV	
				SEQ ID NO:7588	SEQ ID NO:15600	SEQ ID NO:23612
iPS:436982	21-225_190D10	NA	AGCTATGGCATGCAT	GTTATAATATATGATGG AAGTTATAAGTACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:15600	SEQ ID NO:23612
					ACGTATAGCGGGGGTATGGA CGTC	
				SEQ ID NO:7589	SEQ ID NO:15601	SEQ ID NO:23613
		AA	SYGMH	VIIYDGSYKYYADSVKG	TYSGGMDV	
			SEQ ID NO:7590	SEQ ID NO:15602	SEQ ID NO:23614	

【図４９－７５８】

FIGURE 49

iPS:436984	21-225_190F10	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG ATCACCTACACAATCCG TCCCTCAAGAGT	GATAGCAGCTCGCGGGGTAT	
				SEQ ID NO:7591	SEQ ID NO:15603	SEQ ID NO:23615
		AA	SGDDYWS	YIYYSGSTKYNPSLKS	DSSSRGMDV	
			SEQ ID NO:7592	SEQ ID NO:15604	SEQ ID NO:23616	
iPS:436986	21-225_191A1	NA	AGTTACTACTGGATC	TATATCTATTACAGTGGG AGTACTAAGTACAACCC CTCCCTCAAGAGT	AAGGGGAGTGGGAACCATCTCA CTTTGACTAC	
				SEQ ID NO:7593	SEQ ID NO:15605	SEQ ID NO:23617
		AA	SYYWI	YIYYSGSTKYNPSLKS	KGVGTHHFDY	
			SEQ ID NO:7594	SEQ ID NO:15606	SEQ ID NO:23618	
iPS:436988	21-225_191A2	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG ATCACCTACACAATCCG TCCCTCAAGAGT	GATAGCAGCTCGCGGGGTAT	
					GGACGTC	
				SEQ ID NO:7595	SEQ ID NO:15607	SEQ ID NO:23619
		AA	SGDDYWS	YIYYSGITYYNPSLKS	DSSSRGMDV	
			SEQ ID NO:7596	SEQ ID NO:15608	SEQ ID NO:23620	
iPS:436992	21-225_191B8	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATAACTGGAACTACGGCGA TCACTACTACTATTACGGTA TGGACGTC	
				SEQ ID NO:7597	SEQ ID NO:15609	SEQ ID NO:23621
		AA	SYGMH	VIWTDGSNKYYADSVKG	DNWNYGDHYYYYGMDV	
			SEQ ID NO:7598	SEQ ID NO:15610	SEQ ID NO:23622	
iPS:436994	21-225_191A9	NA	AATTATGGCATGCAC	GTTATATGGTTTGGTGGA GATAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATAACTGGAACTACGGCGA TCACTACTACTATTACGGTA TGGACGTC	
				SEQ ID NO:7599	SEQ ID NO:15611	SEQ ID NO:23623

【図４９－７５９】



817/4125

FIGURE 49

	AA	NYGMH	VIWFGDNKYYADSVKG	DWNVYGDHYYYYGMDV
		SEQ ID NO:7600	SEQ ID NO:15612	SEQ ID NO:23624
iPS:436996	NA	TTCCATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG CAAGGATATGCAGTGGCTT	GAAGGGTATAGCAGTGGCTT
			AAGTAAAAAATACTATG CAGGACTCCGTGAAGGGC	TTACAGGGGGTTTGACAAC
21-225_191B9		SEQ ID NO:7601	SEQ ID NO:15613	SEQ ID NO:23625
	AA	FHGMH	VIWYDGSKKYYADSVKG	EGYSSGFYRGFDN
		SEQ ID NO:7602	SEQ ID NO:15614	SEQ ID NO:23626
iPS:437000	NA	ACCTATGGCATGCAC	CTTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGTGGGAGGTACTAG TCCTCCTTACTACTACTACTA CGGTATGGACGTC
		SEQ ID NO:7603	SEQ ID NO:15615	SEQ ID NO:23627
21-225_191G9	AA	TYGMH	LIWFDGSNKYYADSVKG	DRVGGTSPPYYYYGMDV
		SEQ ID NO:7604	SEQ ID NO:15616	SEQ ID NO:23628
iPS:437002	NA	GGCTACAATATGCAC	TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACACAAGTTTCAGGGC	GATTTCTATGATAGTGGTGG AGAAGGGTGGTTCGACCCC
		SEQ ID NO:7605	SEQ ID NO:15617	SEQ ID NO:23629
21-225_191H9	AA	GYNMH	WINPNSGGTNYAIKFQG	DFYDSGGEGWFDP
		SEQ ID NO:7606	SEQ ID NO:15618	SEQ ID NO:23630
iPS:437006	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGAATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGGATAAGAGGAACTT TCCTTATTACTACTACTACGG TATGGACGTC
		SEQ ID NO:7607	SEQ ID NO:15619	SEQ ID NO:23631
21-225_192G2				

【図４９－７６０】

FIGURE 49

	AA	SYGMH	VIWNDGSNKYYADSVKG	DLDKRNFPYYYYYGMDV	
		SEQ ID NO:7608	SEQ ID NO:15620	SEQ ID NO:23632	
iPS:437008	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	TACATCTATTACACTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GACGATCCCCTCTACGGAAT GGACGTC	10
21-225_192E3		SEQ ID NO:7609	SEQ ID NO:15621	SEQ ID NO:23633	
	AA	SGGYYWS	YIYYTGSTYYNPSLKS	DDPLYGMDV	
		SEQ ID NO:7610	SEQ ID NO:15622	SEQ ID NO:23634	
iPS:437010	NA	AATTACTACTGGAGC	CGGATCTATTCCAGTGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GGGTGGGAGCTAAACTAC	
21-225_192G3		SEQ ID NO:7611	SEQ ID NO:15623	SEQ ID NO:23635	
	AA	NYYWS	RIYSSGSTNYNPSLKS	GWELNY	
		SEQ ID NO:7612	SEQ ID NO:15624	SEQ ID NO:23636	
iPS:437012	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGAGG GAGTACCTACTACAATC CGTCCCTCAAGAGT	GACTCCCCGGTGACAGGATT TGACTAT	20
21-225_192G7		SEQ ID NO:7613	SEQ ID NO:15625	SEQ ID NO:23637	
	AA	SGGYYWS	YIYYRGSTYYNPSLKS	DSPVTGFDY	
		SEQ ID NO:7614	SEQ ID NO:15626	SEQ ID NO:23638	
iPS:437014	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG CCCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATAGCTCCCTCTACGGTAT GGACGTC	
21-225_192H8		SEQ ID NO:7615	SEQ ID NO:15627	SEQ ID NO:23639	
	AA	SGGDYWS	YIYYSGPTYYYNPSLKS	DSSLYGMDV	
		SEQ ID NO:7616	SEQ ID NO:15628	SEQ ID NO:23640	
iPS:437016	NA	AGTTACTACTGGAGC	TATATCTATTACAGTGGG AGCACCAACTACAACCC CTCCCTCAAGAGT	GGATGGGAGCTAAACTAC	
21-225_193A6					

【図４９－７６１】

FIGURE 49

21-225_193A6		SEQ ID NO:7617	SEQ ID NO:15629	SEQ ID NO:23641
	AA	SYYWS	YIYYSGSTNYNPSLKS	GWELNY
iPS:437018		SEQ ID NO:7618	SEQ ID NO:15630	SEQ ID NO:23642
	NA	AACGCCTACATGACC	CGTATTAAAAGCAAAAC TGATGGTGGGACAACAG ACTACGCTGCACCCGTG AAAGGC	GATCCCGGTGGTATCTTTGA CTAC
21-225_193H5		SEQ ID NO:7619	SEQ ID NO:15631	SEQ ID NO:23643
	AA	NAYMT	RIKSKTDGGTTDYAAPVK G	DPGGIFDY
		SEQ ID NO:7620	SEQ ID NO:15632	SEQ ID NO:23644
iPS:437020	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTTACAGT GGTGGCACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGGC	GATAGAGCAGTGGCTGGAAA CTACTTCTACTACGGTATGG ACGTC
21-225_193F11		SEQ ID NO:7621	SEQ ID NO:15633	SEQ ID NO:23645
	AA	GYYMH	WINPYSGGTNYAQKFQG	DRAVAGNYFYYGMDV
		SEQ ID NO:7622	SEQ ID NO:15634	SEQ ID NO:23646
iPS:437022	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCTCTCAAGAGT	GATCACTCCCTCTACGGTAT GGACGTC
21-225_194G5		SEQ ID NO:7623	SEQ ID NO:15635	SEQ ID NO:23647
	AA	SGGDYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DHSLYGMDV
iPS:437024		SEQ ID NO:7624	SEQ ID NO:15636	SEQ ID NO:23648
	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGAATGATGG AAGTAAAAAATACCATG TAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGGATAAGAGGAACTT TCCTTATTACTACTACTACGG TATGGACGTC
21-225_194F11		SEQ ID NO:7625	SEQ ID NO:15637	SEQ ID NO:23649
	AA	SYGMH	VIWNDGSKKYHVDSVKG	DLDKRNFPYYYYYGMDV

【図４９－７６２】

FIGURE 49

iPS:437026	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG AGTACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATGGGGCTCGGCACGGTAT GGACGTC
21-225_194D12		SEQ ID NO:7627	SEQ ID NO:15639	SEQ ID NO:23651
	AA	SGGDYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DGARHGMDV
iPS:437028		SEQ ID NO:7628	SEQ ID NO:15640	SEQ ID NO:23652
	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGAATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGGATAAGAGGAACTT TCCTTATTACTACTACTACGG TATGGACGTC
21-225_194G12		SEQ ID NO:7629	SEQ ID NO:15641	SEQ ID NO:23653
	AA	SYGMH	VIWNDGSNKYYADSVKG	DLDKRNFPYYYYYGMDV
iPS:437030		SEQ ID NO:7630	SEQ ID NO:15642	SEQ ID NO:23654
	NA	GACTACTACATGAGC	TATATTACTAGTAGTGGTT AATACCATATACTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GATAGTCGATATTTTGACTG GTTTGACTAC
21-225_195E3		SEQ ID NO:7631	SEQ ID NO:15643	SEQ ID NO:23655
	AA	DYYMS	YITSSGNTIYYADSVKG	DSRYFDWFDY
		SEQ ID NO:7632	SEQ ID NO:15644	SEQ ID NO:23656
iPS:437032	NA	AATTACTACTGGAGC	CGTATCTATAGCAGTGG GAGCACCAACTACAACC CCTCCCTCAAGAGT	GGGTGGGAGCTAAACAAC
21-225_195H6		SEQ ID NO:7633	SEQ ID NO:15645	SEQ ID NO:23657
	AA	NYYWS	RIYSSGSTNYNPSLKS	GWELNN
		SEQ ID NO:7634	SEQ ID NO:15646	SEQ ID NO:23658
iPS:437034	NA	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGCCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GCCTATTACTATGGTTCGGG TGACTTATTAACGAGTTCG ACTAC
21-225_195E9				

【図４９－７６３】

FIGURE 49

iPS:437060	21-225_199C3	NA	ATTTACTACTGGAGC	TATATCTATTACAGTGGG AGCACCACCTACAACCC	GAAAGGGGGAGTAGCCACA GATGGGGGGACTACTACGGA		
				CTCCCTCAAGAGT	ATGGACGTC		
			SEQ ID NO:7655	SEQ ID NO:15667	SEQ ID NO:23679		
		AA	IYYWS	YIYYSGSTIYYNPSLKS	DRGSSHRWGDYYGMDV		
			SEQ ID NO:7656	SEQ ID NO:15668	SEQ ID NO:23680		
iPS:437062	21-225_200H1	NA	AGTGGTGGTGACTACTTGGAG C	TACATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC	GATGGAGCAGCTCTGGGTAT GGACGTC		
				GTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:7657	SEQ ID NO:15669	SEQ ID NO:23681		
		AA	SGGDYWS	YIYYSGSTIYYNPSLKS	DGAALGMDV		
			SEQ ID NO:7658	SEQ ID NO:15670	SEQ ID NO:23682		
iPS:437064	21-225_200G8	NA	AGTTACTACTGGAGC	TATATCTATTACAGTGGG AGTACTAAGTACAACCC	AAGGGAGTGGGAACCATCCA CTTTGACTAC		
				CTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:7659	SEQ ID NO:15671	SEQ ID NO:23683		
		AA	SYYWS	YIYYSGSTKYYNPSLKS	KGVGTHFDYY		
			SEQ ID NO:7660	SEQ ID NO:15672	SEQ ID NO:23684		
iPS:437066	21-225_200G9	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC	GATGGAGCAGCTCTGGGTAT GGACGTC		
				GTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:7661	SEQ ID NO:15673	SEQ ID NO:23685		
		AA	SGGDYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DGAALGMDV		
			SEQ ID NO:7662	SEQ ID NO:15674	SEQ ID NO:23686		
iPS:437068	21-225_200A11	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGAGG GAGCACCTACTACAACC	GATGCAGCAGCCCACGGCAT GGACGTC		
				CGTCCCTCAAGAGT			
			SEQ ID NO:7663	SEQ ID NO:15675	SEQ ID NO:23687		
		AA	SGGDYWS	YIYYRGSTYYNPSLKS	DAAAHGMDV		
			SEQ ID NO:7664	SEQ ID NO:15676	SEQ ID NO:23688		
iPS:437070	21-225_201G11	NA	CGCATCAATCCTCACTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATCATGTTTA TGCAGTATCTGTGAAAA GT	GATCCTGGGGGGCCTCTTTGA CTAC		
			SEQ ID NO:7665	SEQ ID NO:15677	SEQ ID NO:23689		
		AA	RINPTWN	RTYYRSKWYHVYAVSVK S	DPGGLFDY		
			SEQ ID NO:7666	SEQ ID NO:15678	SEQ ID NO:23690		
iPS:437074	21-225_203B2	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTAAATGAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGTGGGGAGCTATGCTCT TTATATC		
			SEQ ID NO:7667	SEQ ID NO:15679	SEQ ID NO:23691		
		AA	NYGMH	IIWPDGSNEYYADSVKG	HSGSYALYI		
			SEQ ID NO:7668	SEQ ID NO:15680	SEQ ID NO:23692		
iPS:437076	21-225_203G6	NA	CGCACCAATCCTCACTTGGAA C	AGGACATACTACAGGTC CAAGTGGTATCATGTTTA TGCACTATCTGTGAAAA GT	GATCCTGGGGGGCCTCTTTGA CTAC		
			SEQ ID NO:7669	SEQ ID NO:15681	SEQ ID NO:23693		
		AA	RTNPTWN	RTYYRSKWYHVYALSVK S	DPGGLFDY		
			SEQ ID NO:7670	SEQ ID NO:15682	SEQ ID NO:23694		
iPS:437082	21-225_205E12	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTAAATGAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGTGGGGAGCTATGCTCT TTATATC		
			SEQ ID NO:7671	SEQ ID NO:15683	SEQ ID NO:23695		
		AA	NYGMH	IIWPDGSNEYYADSVKG	HSGSYALYI		
			SEQ ID NO:7672	SEQ ID NO:15684	SEQ ID NO:23696		
iPS:437044	21-225_197F9	NA	ATTTACTACTGGAGC	GGCTACTATATGCAC	TGGATCAACCCTAATAG TCGTGGCACAAACTATG CACACAAGTTTCAGGGC	SEQ ID NO:23659	
						GYYMH	
						SEQ ID NO:23660	
		AA	GYYMH			WINPNSGATNYAQKFQG	AYYYGSGTYYYNEFDY
			SEQ ID NO:7636			SEQ ID NO:15648	
iPS:437036	21-225_195I9	NA	GGCTACTATATGCAC			TGGATCAACCCTTACAGT GGTGGCACAAACTATGC ACAGAAGTTTCAGGAC	GATAGAGCAGTGGCTGGAAA CTACTTCTACTACGGTATGG ACGTC
			SEQ ID NO:7637			SEQ ID NO:15649	SEQ ID NO:23661
		AA	GYYMH			WINPYSGGTNYAQKFQD	DRAVAGNYFYYGMDV
			SEQ ID NO:7638			SEQ ID NO:15650	SEQ ID NO:23662
iPS:437040	21-225_196E7	NA	GGCTACAATATGCAC			TGGATCAACCCTAATAG TGGTGGCACAAACTATG CACACAAGTTTCAGGGC	GATTACTATGATACTAGTGG AGAAGGGTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:7639			SEQ ID NO:15651	SEQ ID NO:23663
		AA	GYNMH			WINPNSGGTNYAHKFQG	IDYYDTSGEGWFDP
			SEQ ID NO:7640			SEQ ID NO:15652	SEQ ID NO:23664
iPS:437042	21-225_197E8	NA	GGCTACTATATACAC			TGGATCAACCCTAACAG TCGTGGCACAAACTATG CACAGAGGTTTCAGGGC	GAGATAGCAGTGGCTGGGAA CTACTTCTACTACGGTATGG ACGTC
			SEQ ID NO:7641			SEQ ID NO:15653	SEQ ID NO:23665
		AA	GYYIH			WINPNSGGTNYAQRFQG	EIAVAGNYFYYGMGV
			SEQ ID NO:7642			SEQ ID NO:15654	SEQ ID NO:23666
iPS:437044	21-225_197F9	NA	ATTTACTACTGGAGC			TATGTCTATTACAGTGGG AGCACCACCTACAACCC CTCCCTCAAGAGT	GAAAGGGGGAGTAGCCACA GATGGGGGGACTACTACGGA ATGGACGTC
			SEQ ID NO:7643			SEQ ID NO:15655	SEQ ID NO:23667
		AA	IYYWS			YVYYSGSTTYNPSLKS	ERGSSHRWGDYYGMDV
			SEQ ID NO:7644			SEQ ID NO:15656	SEQ ID NO:23668
iPS:437048	21-225_197B11	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	TACATCTATTACACTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GACGATCCCCTCTACGGAAT GGACGTC		

【図４９－７６４】

822/4125

FIGURE 49

	21-225_197B11	AA	SGGYYWS	YIYYTGSTYYYNPSLKS	DDPLYGMDV	SEQ ID NO:23669	
			SEQ ID NO:7646	SEQ ID NO:15658	SEQ ID NO:23670		
iPS:437050	21-225_197C11	NA	GGCTACAATATGCAC	TGGATCAACCCTAATAG TCGTGGCACAAACTATG CACACAAGTTTCAGGGC	GATTACTATGATAGTAGTGG AGAAGGGTGGTTCGACCCC		
			SEQ ID NO:7647	SEQ ID NO:15659	SEQ ID NO:23671		
		AA	GYNMH	WINPNSGGTNYAHKFQG	DYYYDSSGEGWFDP		
			SEQ ID NO:7648	SEQ ID NO:15660	SEQ ID NO:23672		
iPS:437054	21-225_198G3	NA	TTCCATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAAAAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAAAGGGTTTAGCAGTGGCTT TTACAGGGGGTTTGACAAC		
			SEQ ID NO:7649	SEQ ID NO:15661	SEQ ID NO:23673		
		AA	PHGMH	VIWYDGSKKYYADSVKG	EGFSSGFYRGFDN		
iPS:437056	21-225_198B8	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG ATCACCTACTACAATCCG TCCCTCAAGAGT	GATAGCAGCTCGCCGGGTAT GGACGTC	SEQ ID NO:15662	SEQ ID NO:23674
			SEQ ID NO:7651	SEQ ID NO:15663	SEQ ID NO:23675		
		AA	SGGDYWS	YIYYSGITYYNPSLKS	DSSSRGMDV		
			SEQ ID NO:7652	SEQ ID NO:15664	SEQ ID NO:23676		
iPS:437058	21-225_199F3	NA	TTCTATGGCATGCAC	GTTATTTGGTATGATGGA AGTAGTAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAAGGGTATAGCAGTGGCTT TTACAGGGGATTTGACCAAC		
			SEQ ID NO:7653	SEQ ID NO:15665	SEQ ID NO:23677		
		AA	IYQMH	VIWYDGSKKYYADSVKG	EGYSSGFYRGFAN		
			SEQ ID NO:7654	SEQ ID NO:15666	SEQ ID NO:23678		

【図４９－７６５】

823/4125

FIGURE 49

【図４９－７６６】

824/4125

FIGURE 49

【図４９－７６７】

FIGURE 49

iPS:437084	21-225_206B5	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGGTGGGAGCTACCACCT TGACTAC
			SEQ ID NO:7673	SEQ ID NO:15685	SEQ ID NO:23697
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EGGSYHLDY
			SEQ ID NO:7674	SEQ ID NO:15686	SEQ ID NO:23698
iPS:437086	21-225_209A8	NA	AGTTATAGCATGAAC	TACATTATGGTATGATGAT AGTATCAAAAAGTACGC AGACTCTGTGAAGGGC	GATGATGGGAGCTACTACTT TGACTAC
			SEQ ID NO:7675	SEQ ID NO:15687	SEQ ID NO:23699
		AA	SYSMN	YISSSSSSIKKYADSVKG	DDGSYYFDY
iPS:437088	21-225_209H10	NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:15688	SEQ ID NO:23700
				GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GAGGGTGGGAGCTACCACCT TGACTAC
			SEQ ID NO:7677	SEQ ID NO:15689	SEQ ID NO:23701
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EGGSYHLDY
			SEQ ID NO:7678	SEQ ID NO:15690	SEQ ID NO:23702
iPS:437090	21-225_210F11	NA	AGTGGTGGTTCCTACTGGAG C	TACATCTATTACATTGGG ACCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATGAGCCATTGACCGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:7679	SEQ ID NO:15691	SEQ ID NO:23703
		AA	SGGSYWS	YIYYIGITYYNPSLKS	DEPLTGMDV
			SEQ ID NO:7680	SEQ ID NO:15692	SEQ ID NO:23704

【図４９－７６８】

FIGURE 49

iPS:437092	21-225_210B12	NA	GACTACTATATGAAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGGTATGACTCGTTCGCCCC C
			SEQ ID NO:7681	SEQ ID NO:15693	SEQ ID NO:23705
		AA	DYYMN	WINPNSGGTNYAQKFQG	GYDSFAP
	21-225_210D12	NA	CACTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:15694	SEQ ID NO:23706
				GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TTTGGACGTC
			SEQ ID NO:7683	SEQ ID NO:15695	SEQ ID NO:23707
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGLDV
			SEQ ID NO:7684	SEQ ID NO:15696	SEQ ID NO:23708
iPS:437096	21-225_210E12	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7685	SEQ ID NO:15697	SEQ ID NO:23709
		AA	NYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7686	SEQ ID NO:15698	SEQ ID NO:23710
iPS:437098	21-225_211C1	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GCGGACTGGAACCCCGAGGG TTTGGACGTC
			SEQ ID NO:7687	SEQ ID NO:15699	SEQ ID NO:23711
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGLDV
			SEQ ID NO:7688	SEQ ID NO:15700	SEQ ID NO:23712

【図４９－７６９】

FIGURE 49

iPS:437100	21-225_211H2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCCTGGGAGCTACGGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:7689	SEQ ID NO:15701	SEQ ID NO:23713
		AA	SYAMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DPGSYGFDP
			SEQ ID NO:7690	SEQ ID NO:15702	SEQ ID NO:23714
iPS:437102	21-225_211E5	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGTGGA AGTGATCAATTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGCCCTCTCTGTCTACTACTAC GGTATGGGCGTC
			SEQ ID NO:7691	SEQ ID NO:15703	SEQ ID NO:23715
		AA	NYGMH	IIWPDGSDQYYADSVKG	GLSVYYYGMGV
			SEQ ID NO:7692	SEQ ID NO:15704	SEQ ID NO:23716
iPS:437104	21-225_211G5	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TTTGGACGTC
			SEQ ID NO:7693	SEQ ID NO:15705	SEQ ID NO:23717
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGLDV
			SEQ ID NO:7694	SEQ ID NO:15706	SEQ ID NO:23718
iPS:437106	21-225_211H7	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	TACATCTATTACGTTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATGGGCCATTGAGCGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:7695	SEQ ID NO:15707	SEQ ID NO:23719
		AA	SGGYYWS	YIYYVGSTYYNPSLKS	DCPLSGMDV
			SEQ ID NO:7696	SEQ ID NO:15708	SEQ ID NO:23720

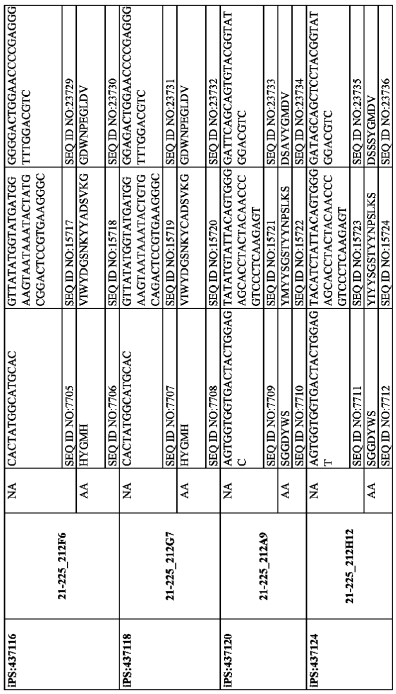
【図４９－７７０】

FIGURE 49

iPS:437108	21-225_211C9	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCAGCAGTGTACAATAT GGACGTC
			SEQ ID NO:7697	SEQ ID NO:15709	SEQ ID NO:23721
		AA	SGGDYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DSAVYNMDV
	21-225_211E9	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	SEQ ID NO:15710	SEQ ID NO:23722
				TACATCTATTACACTGGG AGCAACTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCAGCAGTGTACGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:7699	SEQ ID NO:15711	SEQ ID NO:23723
		AA	SGGDYWS	YIYYTGSNYYNPSLKS	DSAVYGMDV
			SEQ ID NO:7700	SEQ ID NO:15712	SEQ ID NO:23724
iPS:437112	21-225_212C2	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7701	SEQ ID NO:15713	SEQ ID NO:23725
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7702	SEQ ID NO:15714	SEQ ID NO:23726
iPS:437114	21-225_212A4	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GCGGACTGGAAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7703	SEQ ID NO:15715	SEQ ID NO:23727
		AA	NYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7704	SEQ ID NO:15716	SEQ ID NO:23728

【図４９－７７１】

FIGURE 49



iPS:437116	21-225_213F6	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CGGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TTTGGACGTC
			SEQ ID NO:7705	SEQ ID NO:15717	SEQ ID NO:23729
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGLDV
			SEQ ID NO:7706	SEQ ID NO:15718	SEQ ID NO:23730
iPS:437118	21-225_212G7	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGAGACTGGAACCCCGAGGG TTTGGACGTC
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYCADSVKG	GDWNPEGLDV
			SEQ ID NO:7707	SEQ ID NO:15719	SEQ ID NO:23731
iPS:437120	21-225_212A9	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TATATGTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCAGCAGTGTACGGTAT C
			SEQ ID NO:7708	SEQ ID NO:15720	SEQ ID NO:23732
		AA	SGGDYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DSSSYGMDV
			SEQ ID NO:7709	SEQ ID NO:15721	SEQ ID NO:23733
		AA	SGGDYWS	YMYYSGSTYYNPSLKS	DSAVYGMDV
			SEQ ID NO:7710	SEQ ID NO:15722	SEQ ID NO:23734
iPS:437124	21-225_212H12	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG T	TACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATAGCAGCTCCTACGGTAT C
			SEQ ID NO:7711	SEQ ID NO:15723	SEQ ID NO:23735
		AA	SGGDYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DSSSYGMDV
			SEQ ID NO:7712	SEQ ID NO:15724	SEQ ID NO:23736

【図４９－７７２】

FIGURE 49

iPS:437128	21-225_213G3	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7713	SEQ ID NO:15725	SEQ ID NO:23737
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7714	SEQ ID NO:15726	SEQ ID NO:23738
iPS:437130	21-225_213D5	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7715	SEQ ID NO:15727	SEQ ID NO:23739
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7716	SEQ ID NO:15728	SEQ ID NO:23740
iPS:437132	21-225_213F5	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTATAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCAGCAGTGTACAATAT C GGACGTC
			SEQ ID NO:7717	SEQ ID NO:15729	SEQ ID NO:23741
		AA	SGGDYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DSAVYNMDV
			SEQ ID NO:7718	SEQ ID NO:15730	SEQ ID NO:23742
iPS:437134	21-225_213A7	NA	GACTACTATATGAAC	TGGATCACACCCTAAGAA TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	CGGTATGATTCGTTCGCCCC C
			SEQ ID NO:7719	SEQ ID NO:15731	SEQ ID NO:23743
		AA	DYTYMN	WTNPKSNGGTNYAQKFQG	GTDSFAP
			SEQ ID NO:7720	SEQ ID NO:15732	SEQ ID NO:23744

【図４９－７７３】

FIGURE 49

iPS:437136	21-225_214H3	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG T	TACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATAGCAGCTCCTACGGTAT C GGACGTC
			SEQ ID NO:7721	SEQ ID NO:15733	SEQ ID NO:23745
		AA	SGGDYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DSSSYGMDV
			SEQ ID NO:7722	SEQ ID NO:15734	SEQ ID NO:23746
iPS:437138	21-225_214D8	NA	ACTGCTTTTTACTACTGGAG C	TACATCTATTTCAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GCAAGGGGATATCACTACAG TATCTTGACTAC
			SEQ ID NO:7723	SEQ ID NO:15735	SEQ ID NO:23747
		AA	TAFYYWS	VIYFSGSTYYNPSLKS	ARGYIYSIFDY
			SEQ ID NO:7724	SEQ ID NO:15736	SEQ ID NO:23748
iPS:437140	21-225_214E12	NA	AGTGGTGGTGATTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG CCCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GGATGGGGCTGCCGGAGGGTAT C GGACGTC
			SEQ ID NO:7725	SEQ ID NO:15737	SEQ ID NO:23749
		AA	SGGDYWS	YIYYSGPTYYNPSLKS	DGAAYGMDV
			SEQ ID NO:7726	SEQ ID NO:15738	SEQ ID NO:23750
iPS:437142	21-225_215A3	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TACATCTATTACACTGGG AGCAACTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCAGCAGTGTACGGTAT C GGACGTC
			SEQ ID NO:7727	SEQ ID NO:15739	SEQ ID NO:23751
		AA	SGGDYWS	YIYYTGSNYYNPSLKS	DSAVYGMDV
			SEQ ID NO:7728	SEQ ID NO:15740	SEQ ID NO:23752
iPS:437144	21-225_215B3	NA	AACGCCTGGATGCAC	CGTATTAAAAGCAAAAC TAATGGTGGGACAACAG ACTACGCTGCACCCGTG AAAGGC	GATCCGGGGGGGGATCTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:7729	SEQ ID NO:15741	SEQ ID NO:23753

【図４９－７７４】

FIGURE 49

		AA	NAWMH	RIKSKTNGGTTDYAAPVK G	DPGIFDY
			SEQ ID NO:7730	SEQ ID NO:15742	SEQ ID NO:23754
iPS:437146	21-225_215D3	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATGAGTACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7731	SEQ ID NO:15743	SEQ ID NO:23755
		AA	HYGMH	VIWYDGSNEYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7732	SEQ ID NO:15744	SEQ ID NO:23756
iPS:437148	21-225_215H3	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TATATGTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCAGCAGTGTACGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:7733	SEQ ID NO:15745	SEQ ID NO:23757
		AA	SGGDYWS	YMYYSGSTYYNPSLKS	DSAVYGMDV
			SEQ ID NO:7734	SEQ ID NO:15746	SEQ ID NO:23758
iPS:437150	21-225_216A3	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GCGGACTGGAACCCCGAGGG TTTGGACGTC
			SEQ ID NO:7735	SEQ ID NO:15747	SEQ ID NO:23759
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGLDV
			SEQ ID NO:7736	SEQ ID NO:15748	SEQ ID NO:23760
iPS:437154	21-225_216A7	NA	AGTGGTGGTGACTACTGGAG C	TATATGTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCAGCAGTGTACGGTAT GGACGTC
			SEQ ID NO:7737	SEQ ID NO:15749	SEQ ID NO:23761
		AA	SGGDYWS	YMYYSGSTYYNPSLKS	DSAVYGMDV
			SEQ ID NO:7738	SEQ ID NO:15750	SEQ ID NO:23762

【図４９－７７５】

FIGURE 49

IPS:437158	21-225_216H11	NA	AGTGGTGGTGATTACTGGAG C	TACATCTATTACAGTGGG CCCACCTACACAACCC	GATGGGCTGCGGAGGGTTT GGACGTC
			SEQ ID NO:7739	SEQ ID NO:15751	SEQ ID NO:23763
		AA	SGGDYWS	VIYYSGPIYYYNPSLKS	DGAARGLDV
			SEQ ID NO:7740	SEQ ID NO:15752	SEQ ID NO:23764
IPS:437160	21-225_216B12	NA	AGCTATGCCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGGGACTGGGATACTT CTTTGACTAC
			SEQ ID NO:7741	SEQ ID NO:15753	SEQ ID NO:23765
		AA	SYAMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DLGLGYFFDY
			SEQ ID NO:7742	SEQ ID NO:15754	SEQ ID NO:23766
IPS:437162	21-225_217B2	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGGAACCCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7743	SEQ ID NO:15755	SEQ ID NO:23767
		AA	NYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7744	SEQ ID NO:15756	SEQ ID NO:23768
IPS:437164	21-225_217C6	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTGATGAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGCCTATCTGTCTACTACTA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7745	SEQ ID NO:15757	SEQ ID NO:23769
		AA	NYGMH	IIWFDGSDEYYADSVKG	GLSVYYYGMDV
			SEQ ID NO:7746	SEQ ID NO:15758	SEQ ID NO:23770

【図４９－７７６】

FIGURE 49

IPS:437166	21-225_217G11	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTGATCAGTACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGCCTCTCTGTCTACTACTAC GGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7747	SEQ ID NO:15759	SEQ ID NO:23771
		AA	NYGMH	IIWFDGSDQYYADSVKG	GLSVYYYGMDV
			SEQ ID NO:7748	SEQ ID NO:15760	SEQ ID NO:23772
IPS:437168	21-225_218G4	NA	AGCTATGGCTTGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	TCGTTACTACTATTACTACGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7749	SEQ ID NO:15761	SEQ ID NO:23773
		AA	SYGLH	VIWYDGSNKYYADSVKG	WYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7750	SEQ ID NO:15762	SEQ ID NO:23774
IPS:437170	21-225_218E5	NA	AACTATGGCATGCAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTGATGAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GGCCTATCTGTCTACTACTA CGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7751	SEQ ID NO:15763	SEQ ID NO:23775
		AA	NYGMH	IIWFDGSDEYYADSVKG	GLSVYYYGMDV
			SEQ ID NO:7752	SEQ ID NO:15764	SEQ ID NO:23776
IPS:437172	21-225_219A7	NA	CACTATGGCATGCAC	GTCATATGGTTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7753	SEQ ID NO:15765	SEQ ID NO:23777
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7754	SEQ ID NO:15766	SEQ ID NO:23778

【図４９－７７７】

FIGURE 49

IPS:437182	21-225_221H2	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7755	SEQ ID NO:15767	SEQ ID NO:23779
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7756	SEQ ID NO:15768	SEQ ID NO:23780
IPS:437184	21-225_221G4	NA	CACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7757	SEQ ID NO:15769	SEQ ID NO:23781
		AA	HYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNPEGMDV
			SEQ ID NO:7758	SEQ ID NO:15770	SEQ ID NO:23782
IPS:437186	21-225_224H2	NA	AGCAACAGTGCTGCTTGGAA C	AGGACATACTACACAGGTC CAAGTGGTATAATGATT ATGCAGTATCTGTGAAA AGT	GAGGGGGGCCTAGGATATTG TAGTAGTACCAGCTGCTATG GAGGCTGGTTCGACCCC
			SEQ ID NO:7759	SEQ ID NO:15771	SEQ ID NO:23783
		AA	SNSAAWN	RTYYRSKWYNDYAVSVK S	EGGLGYCSSTSCYGGWFDP
			SEQ ID NO:7760	SEQ ID NO:15772	SEQ ID NO:23784
IPS:437188	21-225_224B11	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTAAAAA TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGAGCGTTTGATTACTTCTA CTACTACGCTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7761	SEQ ID NO:15773	SEQ ID NO:23785

【図４９－７７８】

FIGURE 49

IPS:437190	21-225_225A9	AA	GYYIH	WINPKNGGTNYAQKFQG	GAFDYFYYYAMDV
			SEQ ID NO:7762	SEQ ID NO:15774	SEQ ID NO:23786
		NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATAACCACTATTGTAGTAG TACCAGCTGCTCCCCATACT ACTACTACTTCGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO:7763	SEQ ID NO:15775	SEQ ID NO:23787
		AA	TYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DNHYCSSTSCSPYYYYYFGMDV
			SEQ ID NO:7764	SEQ ID NO:15776	SEQ ID NO:23788
IPS:437192	21-225_225E9	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATGTGGTATGATGG AGGTAATAAAGACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCGGGAAATATTGTACTAG TACCAGCTGCTCCCTTACTACT ACTACTACGGTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7765	SEQ ID NO:15777	SEQ ID NO:23789
		AA	SYGMH	VMWYDGSNKDYADSVK G	DRSYCTSTSCPYYYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7766	SEQ ID NO:15778	SEQ ID NO:23790
IPS:437194	21-225_226B2	NA	GGCTACTTTATGCAC	TCGATCAACCCTAACAG TCGTGACACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGGACTTACTATGGTTCGGG GACTATTTTTAACGAACTTG ACTCC
			SEQ ID NO:7767	SEQ ID NO:15779	SEQ ID NO:23791
		AA	GYPMH	WINPNSGDYNYAQKFQG	GTYYGSGSYPNELDS
			SEQ ID NO:7768	SEQ ID NO:15780	SEQ ID NO:23792
IPS:437196	21-225_226B7	NA	GGCTACTATATGCAC	TCGATCAACCCTAACAG TCGAGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGAC	GGAATATTACTATGGTTCGGG GACTATTATTATAACTGGTTCG ACTTC
			SEQ ID NO:7769	SEQ ID NO:15781	SEQ ID NO:23793
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQD	GYYYGSGSYYNWFDS

【図４９－７７９】

FIGURE 49

iPS:437198	21-225_226F8	NA	GGCTACTATATACAC	SEQ ID NO:7770	TGGATCAACCCTAACAG
					TGGTGGCACAAACTATG
					CACGGAAGTTTCAGGGC
				SEQ ID NO:7771	SEQ ID NO:15783
		AA	GYYMH		WNPNSGGTNYAQKFQG
iPS:437200	21-225_226A10	NA	GGCTACTTTATGCAC	SEQ ID NO:7772	SEQ ID NO:15784
					TGGATCAACCCTAACAG
					TGGTGACACAAACTATG
					CACAGAAGTTTCAGGGC
				SEQ ID NO:7773	SEQ ID NO:15785
		AA	GYFMH		WNPNSGGTNYAQKFQG
iPS:437202	21-225_227D3	NA	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:7774	SEQ ID NO:15786
					TGGATCAACCCTAAGAG
					TGGTGGCACAAACTTTG
					CACAGAAGTTTCAGGGC
				SEQ ID NO:7775	SEQ ID NO:15787
		AA	GYYMH		WNPKSGGTNFAQKFQG
iPS:437204	21-225_227E5	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:7776	SEQ ID NO:15788
					GCTATTAGTGGTCGTGGT
					GGTAACACATTCTACGC
					AGACTCCGTGAAGGGC
				SEQ ID NO:7777	SEQ ID NO:15789
		AA	SYAMS		AISGSGGSTYYADSVKG
iPS:437208	21-225_227C10	NA	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:7778	SEQ ID NO:15790
					TGGATCAACCCTAAGAG
					TGGTGGCACAAACTATG
					CACAGAAGTTTCAGGGC
				SEQ ID NO:7779	SEQ ID NO:15791

		AA	GYYMH	WNPKSGGTNYAQKFQG	GAFDYFYYYGMDV
iPS:437210	21-225_227E12	NA	ACTAGTGGAGTGGGGTGTGGG	SEQ ID NO:15792	SEQ ID NO:23804
			C	CTCATTTATTGGAATGAT	AGGGGACAGCAGCTGCGCCT
				GATAAGGTCTACAGCCC	CGACTAC
				ATCTCTCTGAAGAGC	
				SEQ ID NO:7781	SEQ ID NO:23805
		AA	TSGVGVG	LIYWNDDKVYSPSLKS	RGQQLALDY
iPS:437214	21-225_48B12	NA	AGCTATGCCATGAAC	SEQ ID NO:7782	SEQ ID NO:23806
				GCTATTAGTGGTCGTGGT	AGAGAGACGTATAACTGGAA
				GGTAACACATTCTACGC	CTACGGAAGGGTTTGACTAC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:7783	SEQ ID NO:23807
		AA	SYAMN	AISGRGGNTPYADSVKG	RETYNWNYEGFDY
iPS:437216	21-225_51D5	NA	AGCTATGTGTCATGAGC	SEQ ID NO:7784	SEQ ID NO:23808
				ACTATGAGTGGTGAGTGG	GTGACTGCTTTTGACTAC
				TGGTCGCACATACTACG	
				CAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:7785	SEQ ID NO:15797
		AA	SYVMS	TMSGSGGRTYYADSVNG	VTAFDY
iPS:437220	21-225_55H6	NA	AGCTATAGCACATGAAC	SEQ ID NO:7786	SEQ ID NO:15798
				TCCATTAGTGGTCAGTAGT	ACTGGDGDTCTTTGACTAC
				ACTTACATATACTACGCCA	
				GACTCAGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:7787	SEQ ID NO:15799
		AA	SYSMN	SISGSSTYYYADSVKG	TGVFDY
iPS:437224	21-225_56H11	NA	AACTATAGAATGAAC	SEQ ID NO:7788	SEQ ID NO:15800
				TCCATTATGTGGTAGTAGT	GTGGCCTCCTTTGACTAC
				ACTGACATATACTACGC	
				AGACTCAGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:7789	SEQ ID NO:15801

【図４９－７８０】

FIGURE 49

【図４９－７８１】

FIGURE 49

		AA	NYRMN	SISGSSTDIYYADSVKG	VASFDY
iPS:437226	21-225_57C2	NA	AGCTTTGGCATGAAC	SEQ ID NO:7790	SEQ ID NO:15802
				TCTATTAGTAGTAGTACT	SEQ ID NO:23814
				GGTTACATATACAACGC	ACCTATAGTGGGAGCCTGGA
				AGACTCAGTGAAGGGC	CGTC
				SEQ ID NO:7791	SEQ ID NO:15803
		AA	SFGMN	SISSSTGYIYNADSVKG	SEQ ID NO:23815
iPS:437228	21-225_60C11	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:7792	TYSGSLDV
				GCTATTAGTGGTAGTGGT	SEQ ID NO:15804
				GGTAACACATTCTACGC	SEQ ID NO:23816
				AGACTCCGTGAAGGGC	TTTTTCGGTGTAGTGGGAGT
				SEQ ID NO:7793	CGGGTGCTTTGACTAC
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	SEQ ID NO:15805
iPS:437230	21-225_62H10	NA	AGCTATAGCATGAAC	SEQ ID NO:7794	SEQ ID NO:23817
				TCCATTAGTAGTAGTAGT	FFGVVGVGCFDY
				AGTTACATATACTACGC	SEQ ID NO:15806
				AGACTCAGTGAAGGGC	SEQ ID NO:23818
				SEQ ID NO:7795	GGGGGTTCGAGGGGGTTCGA
		AA	SYSMN	SISSSSSYIYYADSVKG	CCCC
iPS:437232	21-225_63E1	NA	ACTTCTGCCATGAGC	SEQ ID NO:7796	GGSRGFDP
				GCTATTAGTGGTAGTGGT	SEQ ID NO:15808
				GCTAACACATTCTACGC	SEQ ID NO:23820
				AGACTCCGTGAAGGGC	GTTATAGCAGTGGCTGGAAGG
				SEQ ID NO:7797	GCACTTTTCGACCCC
		AA	TSAMS	AISGSGANTPYADSVKG	SEQ ID NO:15809
iPS:437234	21-225_64E2	NA	GGCTACTATATGCAC	SEQ ID NO:7798	VIAVAGGHFFDP
				TGGATCAACCCTAACAA	SEQ ID NO:23821
				TAATGGCACAAACTATG	GATGGGAGCAGTGGCTTTGA
				CACAGAAGTTTCAGGGC	CTAC

【図４９－７８２】

FIGURE 49

	21-225_64E2	AA	GYYMH	SEQ ID NO:7799	SEQ ID NO:15811
				WINPNNGTNYAQKFQG	SEQ ID NO:23823
					DGSSGFDY
iPS:437248	21-225_97B3	NA	GATTACTACTGGAGC	SEQ ID NO:7800	SEQ ID NO:15812
				GAAATCAATCATAGTGG	SEQ ID NO:23824
				AGACACCAAACTACAACC	GAGTTTCCATATAGTGGAAG
				CGTCCCTCAAGAGT	CTACCTCTACTACTACGGTA
				SEQ ID NO:7801	TGGACGTC
		AA	DYYWS	SEQ ID NO:15813	SEQ ID NO:23825
iPS:437250	21-225_148C6	NA	AGCTATGCCATGAGC	EINHSGDTNYNPSLKS	EFPYSGSYLYYYGMDV
				AGTAGCACATACTACGC	SEQ ID NO:15814
				AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:23826
				SEQ ID NO:7803	GTTATTAGTGGTGGTGGT
		AA	SYAMS	VISGGGSSTYYADSVKG	AGTAGTACATACTACGC
iPS:437252	21-225_148H11	NA	AGCTATGCCATGAGC	SEQ ID NO:7804	AGACTCCGTGAAGGGC
				AGTAGCACATACTACGC	SEQ ID NO:15815
				AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:23827
				SEQ ID NO:7805	WRGNPTDYGMDV
		AA	SYAMS	VISGGSSTYYADSVKG	SEQ ID NO:15816
iPS:437254	21-225_149F2	NA	CGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:7806	SEQ ID NO:23828
				TTTATATGGTATGATGGA	GTTATTAGTGGTGGTGGT
				AGTGAGAACTACTATGC	AGTAGCACATACTACGC
				AGACTCCGTGAAGGGC	CTACGGTAATGGACGTC
				SEQ ID NO:7807	SEQ ID NO:15817
		AA	RYGMH	FIWYDGSNNYADSVKG	SEQ ID NO:23829
					GATCGGGTGAGAGGGTTCGGG
				SEQ ID NO:7808	GACTCCCTACTACTACTACG
					GTATGGACGTC
				SEQ ID NO:7809	SEQ ID NO:15819
		AA	RYGMH	FIWYDGSNYYADSVKG	SEQ ID NO:23831
					DRVFGSGTPYYYYGMDV
				SEQ ID NO:7810	SEQ ID NO:15820
					SEQ ID NO:23832

【図４９－７８３】

FIGURE 49

iPS:437256	21-225_150F11		NA	CGCTATGGCATGCAC	TTTATATGGTATGATGGA AGTGAGAACTACTATGC
		SEQ ID NO:7809			AGACTCCGTGAAGGGC
		SEQ ID NO:7810	AA	RYGMH	FIWYDGSENYYADSVKG
iPS:437258			NA	ACCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGGTGG AAGTGATACAGACTATG
	21-225_153F9	SEQ ID NO:7811			CAGACTCCGTGAGGGGC
		SEQ ID NO:7812	AA	TYGMH	VIWYGGSDTDYADSVRG
iPS:437260			NA	GGCTACTTTATGCAC	TGGATCAAGCCTAAAAG CGGTGGCACAAACTGTG
	21-225_170D1	SEQ ID NO:7813			CACAGAAGTTTCAGGGC
		SEQ ID NO:7814	AA	GYFMH	WIKPKSGGTNCAQKFQG
iPS:437262			NA	AGCTATAGCATGAAC	TACATTAGCAGTAGTGG TACTACCAAATACTACG
	21-225_170E4	SEQ ID NO:7815			CAGACTCTGTGGAGGGC
		SEQ ID NO:7816	AA	SYSMN	YISSSGSTIKYYADSVEG
iPS:437264	21-225_171H12		NA	GGCTACTTTATGCAC	TGGATCAAGCCTAAGAG TGGTGGCACAAACTCTG
					CACAGAGGTTTCAGGGC

		SEQ ID NO:7817			GYFMH
	21-225_171H12	SEQ ID NO:7818	AA	GYFMH	WIKPKSGGTNSAQRFQG
iPS:437266			NA	GGCTACTTTATGCAC	TGGATCAAGCCTAAGAG TCGTGGCACAAACTCTG
	21-225_177A5	SEQ ID NO:7819			CACAGAGGTTTCAGGGC
		SEQ ID NO:7820	AA	GYFMH	WIKPKSGGTNSAQRFQG
iPS:437268			NA	AGCTATGGCATGGAC	ATTATATGGTTTGATGGA AGTAATAAATACTATGC
	21-225_177D2	SEQ ID NO:7821			AGACTCCGTGAAGGGC
		SEQ ID NO:7822	AA	SYGMD	IIWPDGSNKYYADSVKG
iPS:437270			NA	GGCTACTTTATGCAC	TGGATCAAGCCTAAAAG TGGTGGCACAAACTGTG
	21-225_178H4	SEQ ID NO:7823			CACAGAAGTTTCAGGGC
		SEQ ID NO:7824	AA	GYFMH	WIKPKSGGTNCAQKFQG
iPS:437274			NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAGAAACTATG
	21-225_196D4				CAGACTCCGTGAAGGGC

【図４９－７８４】

842/4125

FIGURE 49

【図４９－７８５】

843/4125

FIGURE 49

		AA	SYGMH	VIWYDGSNRNYADSVKG	DRSKGYDGMDV
iPS:437280	21-225_203C10			SEQ ID NO:7826	SEQ ID NO:23850
		NA	GACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AGGTAATACACATTATA	GAAGTGGGTTGGCTTGATGA CTAC
				CAGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:7827	SEQ ID NO:23851
		AA	DYGMH	VIWYDGGNTHYTDSVKG	EVGWLDDY
				SEQ ID NO:7828	SEQ ID NO:23852
iPS:437282	21-225_207C9	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTATGGTATAGTGGT GGTAGCACATACTACGC	GCTGGTGGAACTACGGGGAG CTACTACTACAACGGTATGG
				AGACTCCGTGAAGGGC	ACGTC
				SEQ ID NO:7829	SEQ ID NO:23853
		AA	SYAMS	AISGSGGSTYYADSVKG	AGGTTGSYYYNGMDV
				SEQ ID NO:7830	SEQ ID NO:23854
iPS:437286	21-225_208F1	NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG	GAACGGTATTAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG
				TAGACTCCGTGAAGGGC	TC
				SEQ ID NO:7831	SEQ ID NO:23855
		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	ERYSSGLYDYGMDV
				SEQ ID NO:7832	SEQ ID NO:23856
iPS:437290	21-225_210G6	NA	GACTATGTCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG	GAACGGTATTAGCAGTGGCTT GTACGACTACGGTATGGACG
				TAGACTCCGTGAAGGGC	TC
				SEQ ID NO:7833	SEQ ID NO:23857

【図４９－７８６】

844/4125

FIGURE 49

		AA	DYVMH	VIWYDGSNKYYVDSVKG	ERYSSGLYDYGMDV
iPS:437294	21-225_216D5			SEQ ID NO:7834	SEQ ID NO:23858
		NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG C	TACATCTATTTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCC GTCCCTCAAGAGT	GATTCCCCTGACAGGGGGTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7835	SEQ ID NO:23859
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DSPDRGFDY
				SEQ ID NO:7836	SEQ ID NO:23860
iPS:437302	21-225_225B11	NA	AGCTATGGCATGCAC	ATTATATCATATAGTGGA AGTAAATAAATACTATGC	CGGGGAATACAGCTATGGCGG GTACGGTATGGACGTC
				AGACTCCGTGAAGGGC	
				SEQ ID NO:7837	SEQ ID NO:23861
		AA	SYGMH	IISYSGSNKYYADSVKG	RGYSYGGYGMDV
				SEQ ID NO:7838	SEQ ID NO:23862
iPS:437320	21-225_75A1	NA	GATTACTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AGACCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GAGTTTCCATATAGTGGAAG CTACCTCTACTACTACGGTA TGGACGTC
				SEQ ID NO:7839	SEQ ID NO:23863
		AA	DYYWS	EINHSGDTNYNPSLKS	EFPYSGSYLYYYGMDV
				SEQ ID NO:7840	SEQ ID NO:23864
iPS:437322	21-225_75B1	NA	AATTATGATATCAAC	TCGGATGCACCCTAACAG TCGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGTAGTGGCGTCGGTTACTGGTT CGACCCC
				SEQ ID NO:7841	SEQ ID NO:23865
		AA	NYDIN	WMIPNSGNTGYAQKFQG	SSGWFWFDP
				SEQ ID NO:7842	SEQ ID NO:23866

【図４９－７８７】

FIGURE 49

iPS:437324	21-225_75C2	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:7843	CGTCCCTCAAGAGT	SEQ ID NO:23867
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:7844	SEQ ID NO:13856	SEQ ID NO:23868
iPS:437326	21-225_75C10	NA	AGTTATGGCATGCAT	GTTATATGGTATGATGG AAGTGATAAATACTATG CAGCACTCCGTGAAGGGC	GATCGGTTAGTGGGAGCTAC GGTTGATGCTTTTGATATC
		AA	SYGMH	VIWYDGSDKYYADSVKG	DRLVGATVDAFDI
			SEQ ID NO:7845	SEQ ID NO:13857	SEQ ID NO:23869
			SEQ ID NO:7846	SEQ ID NO:13858	SEQ ID NO:23870
iPS:437328	21-225_75D3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:7847	SEQ ID NO:13859	SEQ ID NO:23871
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:7848	SEQ ID NO:13860	SEQ ID NO:23872
iPS:437332	21-225_75F3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:7849	SEQ ID NO:13861	SEQ ID NO:23873
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:7850	SEQ ID NO:13862	SEQ ID NO:23874
iPS:437334	21-225_75H11	NA	ACTGGTTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGGATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	CTTATAGCAGTGGCCTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:7851	SEQ ID NO:13863	SEQ ID NO:23875
		AA	TGGVGVG	LIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDY

【図４９－７８８】

FIGURE 49

iPS:437340	21-225_75G9	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGGACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGTGGGCTTGACTA C
			SEQ ID NO:7853	SEQ ID NO:13865	SEQ ID NO:23877
		AA	GCYWS	EINHSGRTNYNPSLKS	DYGGLDY
			SEQ ID NO:7854	SEQ ID NO:13866	SEQ ID NO:23878
iPS:437344	21-225_75G12	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:7855	SEQ ID NO:13867	SEQ ID NO:23879
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:7856	SEQ ID NO:13868	SEQ ID NO:23880
iPS:437346	21-225_75H7	NA	AGGAGTATGTTACTACTGGGG C	AGTATCTATTATAGTGGG AGCGCCTACTCCAACCC GTCCCCTCAAGAGT	CTTGACTCTAACTGGGGGTCT TGACTAC
			SEQ ID NO:7857	SEQ ID NO:13869	SEQ ID NO:23881
		AA	RSSYYWG	SIYYSGSAYSNPSLKS	LDSWGLDY
			SEQ ID NO:7858	SEQ ID NO:13870	SEQ ID NO:23882
iPS:437350	21-225_74A3	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:7859	SEQ ID NO:13871	SEQ ID NO:23883
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:7860	SEQ ID NO:13872	SEQ ID NO:23884
iPS:437356	21-225_74B1	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTTACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	ACCAGTGGCTGGAAACTTCTT TGACTAC
			SEQ ID NO:7861	SEQ ID NO:13873	SEQ ID NO:23885

【図４９－７８９】

FIGURE 49

	21-225_74C1	AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	TSGWNFFDY
			SEQ ID NO:7862	SEQ ID NO:13874	SEQ ID NO:23886
iPS:437361		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTGACAG TGGTAACACAGGCTTTG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:7863	SEQ ID NO:13875	SEQ ID NO:23887
		AA	NYDIN	WMNPDSGNTGFAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:7864	SEQ ID NO:13876	SEQ ID NO:23888
iPS:437363	21-225_74C10	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACATAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:7865	SEQ ID NO:13877	SEQ ID NO:23889
		AA	NYDIN	WMNPNSGNIGYAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:7866	SEQ ID NO:13878	SEQ ID NO:23890
iPS:437369	21-225_74D6	NA	GGTTGCTACTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG AAGCACCAACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GACTACGGCGGTATGGACGT C
			SEQ ID NO:7867	SEQ ID NO:13879	SEQ ID NO:23891
		AA	GCYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGGMDV
			SEQ ID NO:7868	SEQ ID NO:13880	SEQ ID NO:23892
iPS:437371	21-225_74D8	NA	AACTACGACATGCAC	GCTATTGGTACTGCTGGT GACACATACTATCCCAGG CTCCGTGAAGGGC	GTTCTTGACTACGGTGACTC CTTGGGCTACTACTACTACG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO:7869	SEQ ID NO:13881	SEQ ID NO:23893
		AA	NYDMH	AIGTAGDTYYPGSVKG	VLDYGDSLGYYYYGMDV
			SEQ ID NO:7870	SEQ ID NO:13882	SEQ ID NO:23894

【図４９－７９０】

FIGURE 49

	21-225_74G9	NA	ACTGGTGGAGTGGGTGTGGG C	CTCATTTATTGGGATGAT GATAAGCGCTACAGCCC ATCTCTGAAGAGC	CTTATAGCAGTGGCCTTTGA CTAC
			SEQ ID NO:7871	SEQ ID NO:13883	SEQ ID NO:23895
		AA	TGGVGVG	LIYWDDDKRYSPSLKS	LIAVAFDY
			SEQ ID NO:7872	SEQ ID NO:13884	SEQ ID NO:23896
iPS:437379	21-225_74H2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTTTG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:7873	SEQ ID NO:13885	SEQ ID NO:23897
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGFAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:7874	SEQ ID NO:13886	SEQ ID NO:23898
iPS:437383	21-225_74H8	NA	AACGCCTGGATGAAC	CGTATTAAAAGCAAAAC TGATGGTGGGACAACAG ACTACGCTGCACCCGTG AAAGGC	GTGGGAGCTACTACGGACTA C
			SEQ ID NO:7875	SEQ ID NO:13887	SEQ ID NO:23899
		AA	NAWMN	RIKSKTDGGTTDYAAPVK G	VGATTDY
			SEQ ID NO:7876	SEQ ID NO:13888	SEQ ID NO:23900
iPS:438664	21-225_216G1	NA	AACTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGACTGGAACCCCGAGGG TATGGACGTC
			SEQ ID NO:7877	SEQ ID NO:13889	SEQ ID NO:23901
		AA	NYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	GDWNFEGMDV
			SEQ ID NO:7878	SEQ ID NO:13890	SEQ ID NO:23902

【図４９－７９１】

FIGURE 49

IPS:441468	21-225_25A4.001.001	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7879	SEQ ID NO:23903
				WMYPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7880	SEQ ID NO:23904
IPS:441475	21-225_25A4.001.002	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAACGCAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7881	SEQ ID NO:23905
				WMYPNSGNAGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7882	SEQ ID NO:23906
IPS:441482	21-225_25A4.001.003	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAACGTAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7883	SEQ ID NO:23907
				WMYPNSGNVGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7884	SEQ ID NO:23908
IPS:441489	21-225_25A4.001.004	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7885	SEQ ID NO:23909
				WMYPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7886	SEQ ID NO:23910

【図４９－７９２】

FIGURE 49

IPS:441496	21-225_25A4.001.005	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7887	SEQ ID NO:23911
				WMYPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7888	SEQ ID NO:23912
IPS:441505	21-225_25A4.001.006	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAACGCAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7889	SEQ ID NO:23913
				WMYPNSGNAGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7890	SEQ ID NO:23914
IPS:441512	21-225_25A4.001.007	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAACGTAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7891	SEQ ID NO:23915
				WMYPNSGNVGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7892	SEQ ID NO:23916

【図４９－７９３】

FIGURE 49

IPS:441519	21-225_25A4.001.008	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7893	SEQ ID NO:23917
				WMYPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7894	SEQ ID NO:23918
IPS:441554	21-225_25A4.001.013	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7895	SEQ ID NO:23919
				WMYPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7896	SEQ ID NO:23920
IPS:441595	21-225_25A4.001.019	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7897	SEQ ID NO:23921
				WMYPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7898	SEQ ID NO:23922
IPS:441604	21-225_25A4.001.020	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7899	SEQ ID NO:23923
				WMYPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7900	SEQ ID NO:23924

【図４９－７９４】

FIGURE 49

IPS:441613	21-225_25A4.001.021	NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTAACGCAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7901	SEQ ID NO:23925
				WMYPNSGNAGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7902	SEQ ID NO:23926
IPS:441841	21-225_4A2.001.001	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7903	SEQ ID NO:23927
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7904	SEQ ID NO:23928
IPS:441847	21-225_4A2.001.002	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7905	SEQ ID NO:23929
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:7906	SEQ ID NO:23930
IPS:441853	21-225_4A2.001.003	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC
				SEQ ID NO:7907	SEQ ID NO:23931

【図４９－７９５】

FIGURE 49

iPS:441859	21-225_4A2.001.004	NA	NYDIN	SEQ ID NO:7908	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
				SEQ ID NO:15920	SEQ ID NO:23932	
			AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
		AA	NYDIN	SEQ ID NO:7909	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15921	SEQ ID NO:23933	
				WMHPNSGNAGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15922	SEQ ID NO:23934	
iPS:441866	21-225_4A2.001.005	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7911	SEQ ID NO:23935	
		AA	NYDIN	WMHPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15924	SEQ ID NO:23936	
iPS:441873	21-225_4A2.001.006	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7913	SEQ ID NO:23937	
		AA	NYDIN	WMHPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15926	SEQ ID NO:23938	
iPS:441880	21-225_4A2.001.007	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7915	SEQ ID NO:23939	
		AA	NYDIN	WMHPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	

【図４９－７９６】

FIGURE 49

iPS:441884	21-225_4A2.001.008	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACGCAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7917	SEQ ID NO:23941	
		AA	NYDIN	WMHPNSGNAGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15930	SEQ ID NO:23942	
iPS:441888	21-225_4A2.001.009	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7919	SEQ ID NO:23943	
		AA	NYDIN	WMHPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15932	SEQ ID NO:23944	
iPS:441892	21-225_4A2.001.010	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACGCAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7921	SEQ ID NO:23945	
		AA	NYDIN	WMHPNSGNAGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15934	SEQ ID NO:23946	
iPS:441896	21-225_4A2.001.011	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7923	SEQ ID NO:23947	
		AA	NYDIN	WMHPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15936	SEQ ID NO:23948	

【図４９－７９７】

FIGURE 49

iPS:441900	21-225_4A2.001.012	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7925	SEQ ID NO:23949	
		AA	NYDIN	WMHPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:7926	SEQ ID NO:23950	
iPS:441955	21-225_4A2.001.022	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7927	SEQ ID NO:23951	
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:7928	SEQ ID NO:23952	
iPS:441962	21-225_4A2.001.023	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7929	SEQ ID NO:23953	
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:7930	SEQ ID NO:23954	
iPS:441971	21-225_4A2.001.024	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7931	SEQ ID NO:23955	
		AA	NYDIN	WMHPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:7932	SEQ ID NO:23956	

【図４９－７９８】

FIGURE 49

iPS:441999	21-225_4A2.001.028	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7933	SEQ ID NO:23957	
		AA	NYDIN	WMHPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15945	SEQ ID NO:23958	
iPS:442006	21-225_4A2.001.029	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAGCACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7935	SEQ ID NO:23959	
		AA	NYDIN	WMHPNSGSTGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15948	SEQ ID NO:23960	
iPS:442020	21-225_4A2.001.031	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACGCAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC	
				SEQ ID NO:7937	SEQ ID NO:23961	
		AA	NYDIN	WMHPNSGNEGYAQKFQG	SSGWYYFDY	
				SEQ ID NO:15950	SEQ ID NO:23962	
iPS:442050	21-225_4H6.004	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCCGTTTGA CTAC	
				SEQ ID NO:7939	SEQ ID NO:23963	
		AA	DYYLH	WHHPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY	
				SEQ ID NO:7940	SEQ ID NO:23964	
iPS:442059	21-225_4H6.005	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCCGTTTGA CTAC	

10

20

30

40

50

【図４９－７９９】

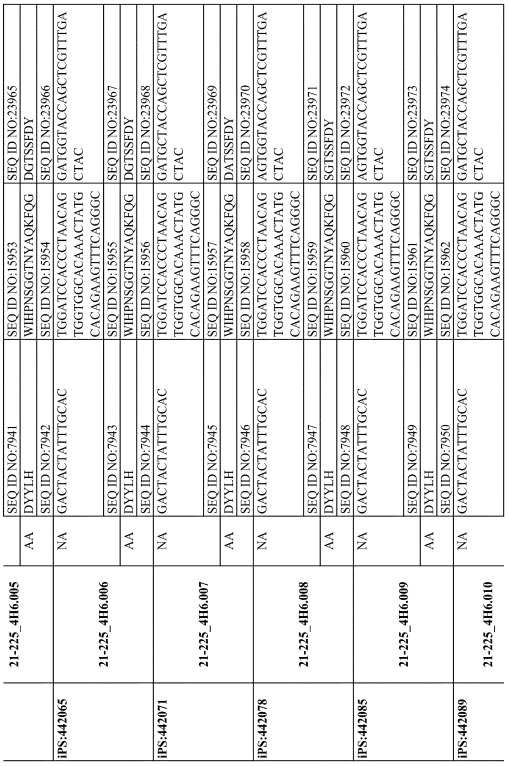


FIGURE 49

21-225_4H6.005		SEQ ID NO:7941	SEQ ID NO:15953	SEQ ID NO:23965
	AA	DYYLH	WHPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY
iPS:442065	NA	SEQ ID NO:7942	SEQ ID NO:15954	SEQ ID NO:23966
21-225_4H6.006		GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC
		SEQ ID NO:7943	SEQ ID NO:15955	SEQ ID NO:23967
	AA	DYYLH	WHPNSGGTNYAQKFQG	DGTSSFDY
		SEQ ID NO:7944	SEQ ID NO:15956	SEQ ID NO:23968
iPS:442071	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGCTACCAGCTCGTTTGA CTAC
21-225_4H6.007		SEQ ID NO:7945	SEQ ID NO:15957	SEQ ID NO:23969
	AA	DYYLH	WHPNSGGTNYAQKFQG	DATSSFDY
		SEQ ID NO:7946	SEQ ID NO:15958	SEQ ID NO:23970
iPS:442078	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	AGTGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC
21-225_4H6.008		SEQ ID NO:7947	SEQ ID NO:15959	SEQ ID NO:23971
	AA	DYYLH	WHPNSGGTNYAQKFQG	SGTSSFDY
		SEQ ID NO:7948	SEQ ID NO:15960	SEQ ID NO:23972
iPS:442085	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	AGTGGTACCAGCTCGTTTGA CTAC
21-225_4H6.009		SEQ ID NO:7949	SEQ ID NO:15961	SEQ ID NO:23973
	AA	DYYLH	WHPNSGGTNYAQKFQG	SGTSSFDY
		SEQ ID NO:7950	SEQ ID NO:15962	SEQ ID NO:23974
iPS:442089	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGCTACCAGCTCGTTTGA CTAC
21-225_4H6.010		SEQ ID NO:7951	SEQ ID NO:15963	SEQ ID NO:23975
	AA	DYYLH	WHPNSGGTNYAQKFQG	DATSSFDY
iPS:442093	NA	SEQ ID NO:7952	SEQ ID NO:15964	SEQ ID NO:23976
21-225_4H6.011		GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGCTACCAGCTCGTTTGA CTAC
		SEQ ID NO:7953	SEQ ID NO:15965	SEQ ID NO:23977
	AA	DYYLH	WHPNSGGTNYAQKFQG	DATSSFDY
		SEQ ID NO:7954	SEQ ID NO:15966	SEQ ID NO:23978
iPS:442115	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGACGCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
21-225_5E5.003		SEQ ID NO:7955	SEQ ID NO:15967	SEQ ID NO:23979
	AA	NYVMH	VIWYDASNKYYADSVKG	EVYSSGWYDYGMDV
		SEQ ID NO:7956	SEQ ID NO:15968	SEQ ID NO:23980
iPS:442122	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGAATCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
21-225_5E5.004		SEQ ID NO:7957	SEQ ID NO:15969	SEQ ID NO:23981
	AA	NYVMH	VIWYDGSNKYYAESVKG	EVYSSGWYDYGMDV
		SEQ ID NO:7958	SEQ ID NO:15970	SEQ ID NO:23982
iPS:442129	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGGCTCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
21-225_5E5.005		SEQ ID NO:7959	SEQ ID NO:15971	SEQ ID NO:23983

【図４９－８００】

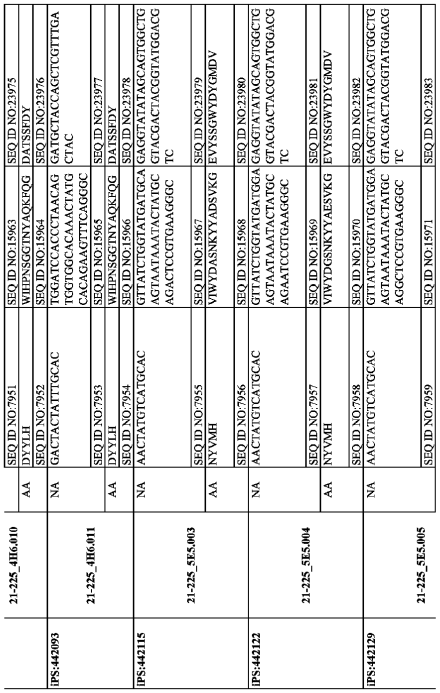


FIGURE 49

【図４９－８０１】

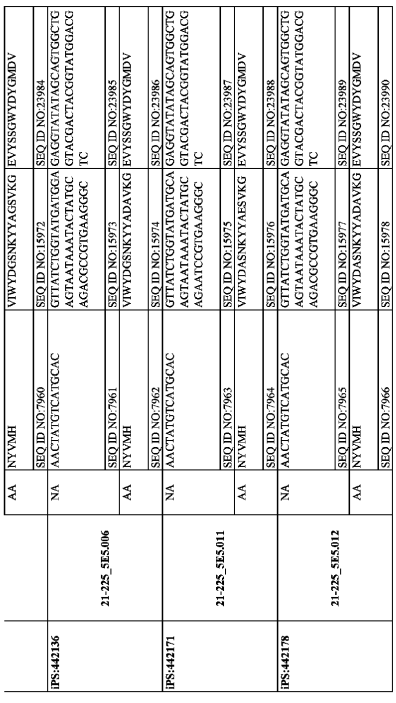


FIGURE 49

21-225_5E5.006	NA	NYVMH	VIWYDGSNKYYAGSVKG	EVYSSGWYDYGMDV
iPS:442136		SEQ ID NO:7960	SEQ ID NO:15972	SEQ ID NO:23984
		AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACGCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
	AA	SEQ ID NO:7961	SEQ ID NO:15973	SEQ ID NO:23985
		NYVMH	VIWYDGSNKYYADAVKG	EVYSSGWYDYGMDV
		SEQ ID NO:7962	SEQ ID NO:15974	SEQ ID NO:23986
21-225_5E5.011	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGAATCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
iPS:442171		SEQ ID NO:7963	SEQ ID NO:15975	SEQ ID NO:23987
	AA	NYVMH	VIWYDASNKYYAESVKG	EVYSSGWYDYGMDV
		SEQ ID NO:7964	SEQ ID NO:15976	SEQ ID NO:23988
21-225_5E5.012	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGACGCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
iPS:442178		SEQ ID NO:7965	SEQ ID NO:15977	SEQ ID NO:23989
	AA	NYVMH	VIWYDASNKYYADAVKG	EVYSSGWYDYGMDV
		SEQ ID NO:7966	SEQ ID NO:15978	SEQ ID NO:23990

【図４９－８０２】

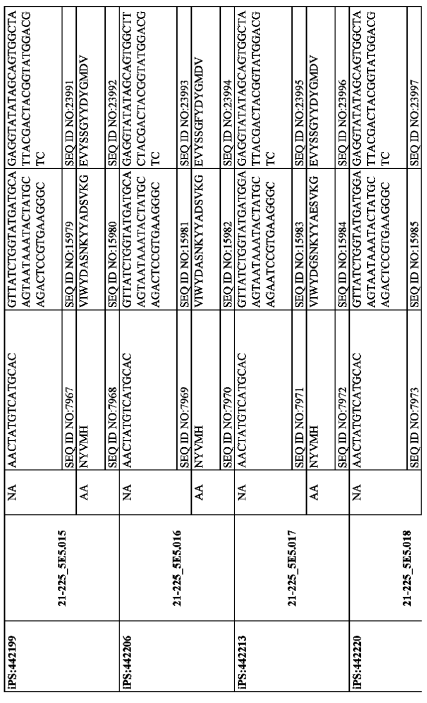
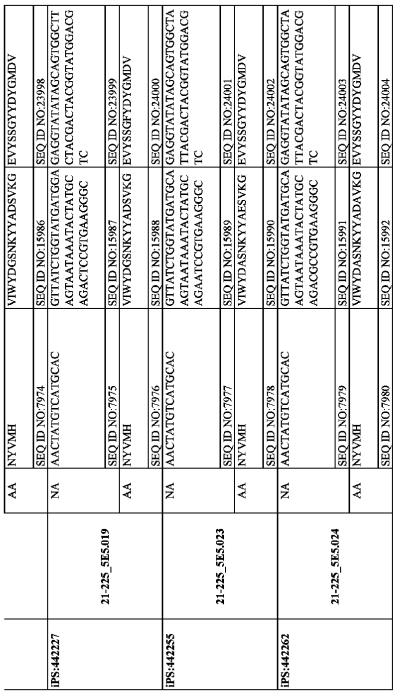


FIGURE 49

21-225_5E5.015	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTA TTACGACTACGGTATGGACG TC
iPS:442199		SEQ ID NO:7967	SEQ ID NO:15979	SEQ ID NO:23991
	AA	NYVMH	VIWYDASNKYYADSVKG	EVYSSGYYDYGMDV
		SEQ ID NO:7968	SEQ ID NO:15980	SEQ ID NO:23992
21-225_5E5.016	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTT CTACGACTACGGTATGGACG TC
iPS:442206		SEQ ID NO:7969	SEQ ID NO:15981	SEQ ID NO:23993
	AA	NYVMH	VIWYDASNKYYADSVKG	EVYSSGFYDYGMDV
		SEQ ID NO:7970	SEQ ID NO:15982	SEQ ID NO:23994
21-225_5E5.017	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGAATCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTA TTACGACTACGGTATGGACG TC
iPS:442213		SEQ ID NO:7971	SEQ ID NO:15983	SEQ ID NO:23995
	AA	NYVMH	VIWYDGSNKYYAESVKG	EVYSSGYYDYGMDV
		SEQ ID NO:7972	SEQ ID NO:15984	SEQ ID NO:23996
21-225_5E5.018	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTA TTACGACTACGGTATGGACG TC
iPS:442220		SEQ ID NO:7973	SEQ ID NO:15985	SEQ ID NO:23997

【図４９－８０３】

FIGURE 49



		AA	NYVMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EVYSSGFYYDYGMDV
iPS:442227	21-225_5E5.019	NA	AACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:15986 GTTATCTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:23998 GAGGTATATAGCAGTGGCTT CTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	NYVMH	SEQ ID NO:15987 VIWYDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:23999 EVYSSGFYYDYGMDV
iPS:442255	21-225_5E5.023	NA	AACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:15988 GTTATCTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGAATCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:24000 GAGGTATATAGCAGTGGCTA TTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	NYVMH	SEQ ID NO:15989 VIWYDASNKYYAESVKG	SEQ ID NO:24001 EVYSSGYYYDYGMDV
iPS:442262	21-225_5E5.024	NA	AACTATGTCATGCAC	SEQ ID NO:15990 GTTATCTGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGACGCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:24002 GAGGTATATAGCAGTGGCTA TTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	NYVMH	SEQ ID NO:15991 VIWYDASNKYYADAVKG	SEQ ID NO:24003 EVYSSGYYYDYGMDV
				SEQ ID NO:15992	SEQ ID NO:24004

【図４９－８０４】

FIGURE 49

iPS:442269	21-225_5E5.025	NA	AACTATGTCATGCAC	GTTATCTGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGC AGAATCCGTGAAGGGC	GAGGTATATAGCAGTGGCTG GTACGACTACGGTATGGACG TC
		AA	NYVMH	SEQ ID NO:15993 VIWYDGSNKYYAESVKG	SEQ ID NO:24005 EVYSSGWYYDYGMDV
iPS:442311	21-225_7E11.001.001	NA	AGCTTTGGCATGCAC	SEQ ID NO:15994 ATTATCTGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:24006 GATCTGAGTATGGGCCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	SEQ ID NO:15995 IIWHDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:24007 DLSMGGMDV
iPS:442317	21-225_7E11.001.002	NA	AGCTTTGGCATGCAC	SEQ ID NO:15996 ATTATCTGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:24008 GATCTGAGTATGGGCCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	SEQ ID NO:15997 IIWHDGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:24009 DLSMGGMDV
iPS:442323	21-225_7E11.001.003	NA	AGCTTTGGCATGCAC	SEQ ID NO:15998 ATTATCTGGCATAGTGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	SEQ ID NO:24010 GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	SEQ ID NO:15999 IIWHSGSNKYYADSVKG	SEQ ID NO:24011 DLSMGGMDV
				SEQ ID NO:16000	SEQ ID NO:24012

【図４９－８０５】

FIGURE 49

iPS:442330	21-225_7E11.001.004	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	IIWHEGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV
iPS:442337	21-225_7E11.001.005	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGACTCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	IIWHDASNKYYADSVKG	DLSMGGMDV
iPS:442344	21-225_7E11.001.006	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	IIWHDGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV
iPS:442351	21-225_7E11.001.007	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGACGCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	IIWHDGSNKYYADAVKG	DLSMGGMDV
				SEQ ID NO:16008	SEQ ID NO:24020

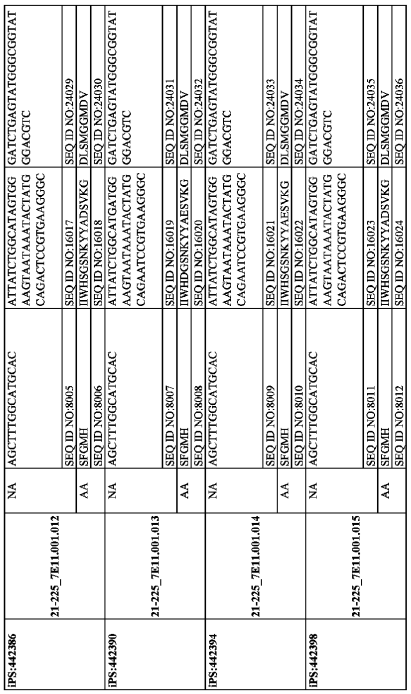
【図４９－８０６】

FIGURE 49

iPS:442358	21-225_7E11.001.008	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGACGCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	IIWHEGSNKYYADAVKG	DLSMGGMDV
iPS:442365	21-225_7E11.001.009	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	IIWHEGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV
iPS:442372	21-225_7E11.001.010	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATAGTGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	IIWHSGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV
iPS:442379	21-225_7E11.001.011	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATAGTGG AAGTAATAAATACTATG CAGACGCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC
		AA	SFQMH	IIWHSGSNKYYADAVKG	DLSMGGMDV
				SEQ ID NO:16016	SEQ ID NO:24028

【図４９－８０７】

FIGURE 49



iPS:442386	21-225_7E11.001.012	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATAGTGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8005	SEQ ID NO:16017	SEQ ID NO:24029	
		AA	SFQMH	SFQMH	IIWHSGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV	
				SEQ ID NO:8006	SEQ ID NO:16018	SEQ ID NO:24030	
iPS:442390	21-225_7E11.001.013	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8007	SEQ ID NO:16019	SEQ ID NO:24031	
		AA	SFQMH	IIWHDGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8008	SEQ ID NO:16020	SEQ ID NO:24032	
iPS:442394	21-225_7E11.001.014	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATAGTGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8009	SEQ ID NO:16021	SEQ ID NO:24033	
		AA	SFQMH	IIWHSGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8010	SEQ ID NO:16022	SEQ ID NO:24034	
iPS:442398	21-225_7E11.001.015	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATAGTGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8011	SEQ ID NO:16023	SEQ ID NO:24035	
		AA	SFQMH	IIWHSGSNKYYADSVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8012	SEQ ID NO:16024	SEQ ID NO:24036	

【図４９－８０８】

FIGURE 49

iPS:442402	21-225_7E11.001.016	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATAGTGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8013	SEQ ID NO:16025	SEQ ID NO:24037	
		AA	SFQMH	IIWHSGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8014	SEQ ID NO:16026	SEQ ID NO:24038	
iPS:442406	21-225_7E11.001.017	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGACGCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8015	SEQ ID NO:16027	SEQ ID NO:24039	
		AA	SFQMH	IIWHEGSNKYYADAVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8016	SEQ ID NO:16028	SEQ ID NO:24040	
iPS:442410	21-225_7E11.001.018	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8017	SEQ ID NO:16029	SEQ ID NO:24041	
		AA	SFQMH	IIWHDASNKYYAESVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8018	SEQ ID NO:16030	SEQ ID NO:24042	
iPS:442417	21-225_7E11.001.019	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGATGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8019	SEQ ID NO:16031	SEQ ID NO:24043	
		AA	SFQMH	IIWHDGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8020	SEQ ID NO:16032	SEQ ID NO:24044	

【図４９－８０９】

FIGURE 49

iPS:442431	21-225_7E11.001.021	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATAGTGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8021	SEQ ID NO:16033	SEQ ID NO:24045	
		AA	SFQMH	IIWHSGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8022	SEQ ID NO:16034	SEQ ID NO:24046	
iPS:442438	21-225_7E11.001.022	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGAAGG AAGTAATAAATACTATG CAGAATCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8023	SEQ ID NO:16035	SEQ ID NO:24047	
		AA	SFQMH	IIWHEGSNKYYAESVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8024	SEQ ID NO:16036	SEQ ID NO:24048	
iPS:442568	21-225_149D8	NA	AACAGTGGTTACTACTGGAG C	ITACAGCTATTACAGTGG GAGCACCTACTACAACC CGTCCCTCAAGAGT	GGGGGATATAACTGGAACCA TGCTTTTGATATC		
				SEQ ID NO:8025	SEQ ID NO:16037	SEQ ID NO:24049	
		AA	NSGYYWS	YSYYSGSTYYNPSLKS	GGYNWNHAFDI		
				SEQ ID NO:8026	SEQ ID NO:16038	SEQ ID NO:24050	
iPS:443003	21-225_43F11_LC2	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGAGGGAATTACTTCTACAA CCACGTTAATGGACGTC		
				SEQ ID NO:8027	SEQ ID NO:16039	SEQ ID NO:24051	
		AA	GYYHI	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGNYFYNHVMDV		
				SEQ ID NO:8028	SEQ ID NO:16040	SEQ ID NO:24052	
iPS:443005	21-225_43F11_LC1	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GGAGGGAATTACTTCTACAA CCACGTTAATGGACGTC		
				SEQ ID NO:8029	SEQ ID NO:16041	SEQ ID NO:24053	

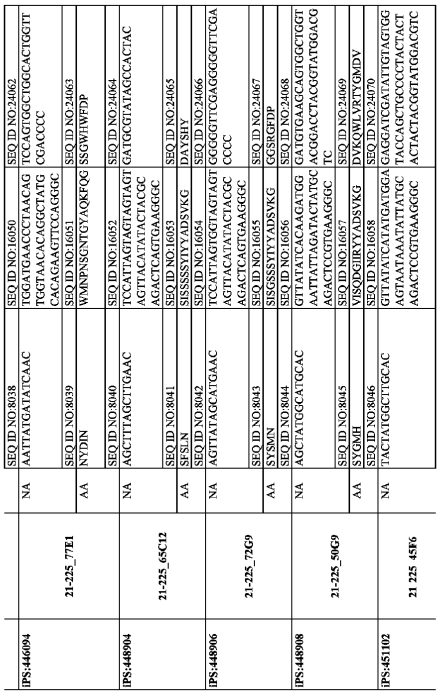
【図４９－８１０】

FIGURE 49

	21-225_25A4.001.029	AA	GYYHI	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGNYFYNHVMDV		
				SEQ ID NO:8030	SEQ ID NO:16042	SEQ ID NO:24054	
iPS:443006		NA	AATTATGATATTAAT	TGGATGTACCCTAACAG TGGTCAAACAGGCTATG CACAGAAATTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTT TGACTAC		
				SEQ ID NO:8031	SEQ ID NO:16043	SEQ ID NO:24055	
		AA	NYDIN	WMYPNSGQTGYAQKFQG	SSGWYYFDY		
				SEQ ID NO:8032	SEQ ID NO:16044	SEQ ID NO:24056	
iPS:443016	21-225_4H6.014	NA	GACTACTATTTGCAC	TGGATCCACCCTAACAG TGGTGGCACAAACTATG CACAGAAGTTTCAGGGC	GATGCTACCACAGCTCGTTTGA CTAC		
				SEQ ID NO:8033	SEQ ID NO:16045	SEQ ID NO:24057	
		AA	DYYLH	WIIPNSGGTNYAQKFQG	DAYSSFDY		
				SEQ ID NO:8034	SEQ ID NO:16046	SEQ ID NO:24058	
iPS:443027	21-225_7E11.001.023	NA	AGCTTTGGCATGCAC	ATTATCTGGCATGATGCA AGTAATAAATACTATGC AGACGCCGTGAAGGGC	GATCTGAGTATGGGCGGTAT GGACGTC		
				SEQ ID NO:8035	SEQ ID NO:16047	SEQ ID NO:24059	
		AA	SFQMH	IIWHDASNKYYADAVKG	DLSMGGMDV		
				SEQ ID NO:8036	SEQ ID NO:16048	SEQ ID NO:24060	
iPS:446086	21-225_94D8	NA	AATTATGATATTCAAC	TGGATGACACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGTC	AGCAGTGGCTGGTACATCTT TGACTAC		
				SEQ ID NO:8037	SEQ ID NO:16049	SEQ ID NO:24061	
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQV	SSGWYFDY		

【図４９－８１１】

FIGURE 49



iPS:446094	21-225_77E1		NA	AATTATGATATCAAC	SEQ ID NO:8038	TGGATGAACCCTAACAG	SEQ ID NO:24062
						TGGTAACACAGGCTATG	TCCAGTGGCTGGCACTGGTT
						CACAGAAGTTCCAGGGC	CGACCCC
			AA	NYDIN	SEQ ID NO:8039	SEQ ID NO:16051	SEQ ID NO:24063
					SEQ ID NO:8040	WMKPNSGNTGYAQKFQG	SSGWFWFDP
					SEQ ID NO:8040	SEQ ID NO:16052	SEQ ID NO:24064
iPS:448904	21-225_65C12		NA	AGCTTTAGCTTGAAC	SEQ ID NO:8041	TCCATTAGTAGTAGTAGT	GATGCGTATACGCCACTAC
						AGTTACATATACTACGC	
						AGACTCAGTGAAGGGC	
			AA	SFSLN	SEQ ID NO:16053	SEQ ID NO:24065	
					SEQ ID NO:8042	SISSSSSYIYYADSVKG	DAYSHV
					SEQ ID NO:16054	SEQ ID NO:24066	
iPS:448906	21-225_72C9		NA	AGTTATAGTGGTAGTAGT	SEQ ID NO:8043	TCCATTAGTGGTAGTAGT	GGGGGTTCGAGGGGGTTCGA
						AGTTACATATACTACGC	CCCC
						AGACTCAGTGAAGGGC	
			AA	SYSMN	SEQ ID NO:16055	SEQ ID NO:24067	
					SEQ ID NO:8044	SISGSSSSYIYYADSVKG	GGSRGFDP
					SEQ ID NO:16056	SEQ ID NO:24068	
iPS:448908	21-225_50C9		NA	AGCTATGGCATGCAC	SEQ ID NO:8045	GTTATATCACAAGATGG	GATGTGAAGCAGTGGCTGGT
						AATTATTAGATACTATGC	ACGGACCTACGGTATGGAACG
						AGACTCCGTGAAGGGC	TC
					SEQ ID NO:16057	SEQ ID NO:24069	
			AA	SYGMH	VISQDGIIRYYADSVKG	DVKQWLVRTYGMDV	
					SEQ ID NO:8046	SEQ ID NO:24070	
iPS:451102	21 225 45F6		NA	TACTATGGCTTGCAC	SEQ ID NO:8047	GTTATATCATATGATGGA	GAGGATCGATATTGTAGTGG
						AGTAATAATAATTATGC	TACCAGCTGCCCCTACTACT
						AGACTCCGTGAAGGGC	ACTACTACGGTATGGACGTC

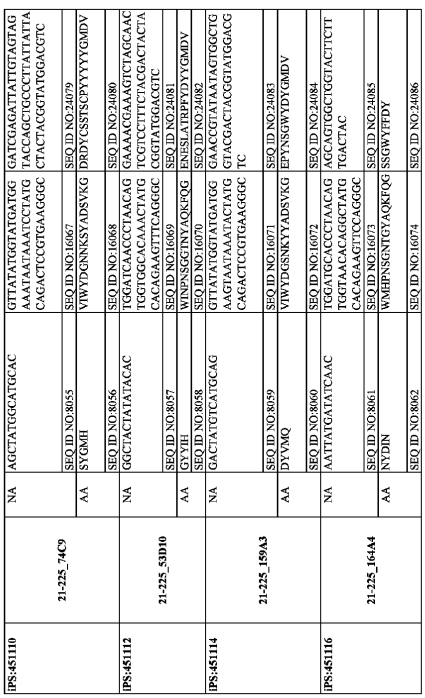
【図４９－８１２】

FIGURE 49

	21-225_45F6		AA	YYGLH	SEQ ID NO:8047	SEQ ID NO:16059	SEQ ID NO:24071
						VISYDGSNKYYADSVKG	EDRYCSGTSCPYYYYYGMDV
					SEQ ID NO:8048		
iPS:451104	21-225_49C5		NA	AGCTATGGTATCAGC	SEQ ID NO:8048	SEQ ID NO:16060	SEQ ID NO:24072
						TGGATCAGCGCTTATAAT	CACGATTTTTGGAAGTGGTTA
						GGTAACACAAAGTATGC	TTATAAGGGGTAATGGACGTC
						ACAGAAGCTCCAGGGC	
			AA	SYGIS	SEQ ID NO:8049	SEQ ID NO:16061	SEQ ID NO:24073
						WISAYNGNTKYAQKLQG	HDFWSGYYKGMDV
					SEQ ID NO:8050	SEQ ID NO:16062	SEQ ID NO:24074
iPS:451106	21-225_49D10		NA	AGCTATGGTATCAGC	SEQ ID NO:8050	TGGATCAGCGCTTATAAT	CACGATTTTTGGAAGTGGTTA
						GGTAACACAAAGAATGC	TTATAAGGGGTAATGGACGTC
						ACAGAAGCTCCAGGGC	
					SEQ ID NO:8051	SEQ ID NO:16063	SEQ ID NO:24075
			AA	SYGIS	WISAYNGNTKNAQKLQG	HDFWSGYYKGMDV	
					SEQ ID NO:8052	SEQ ID NO:16064	SEQ ID NO:24076
iPS:451108	21-225_53E8		NA	AGCTATGGTATCAGC	SEQ ID NO:8052	TGGATCAGCGCTTATAAT	CACGATTTTTGGAAGTGGTTA
						GGTAACACAAAGTTTGC	TTATAAGGGGTAATGGACGTC
						ACAGAAGCTCCAGGGC	
					SEQ ID NO:8053	SEQ ID NO:16065	SEQ ID NO:24077
			AA	SYGIS	WISAYNGNTKFAQKLQG	HDFWSGYYKGMDV	
					SEQ ID NO:8054	SEQ ID NO:16066	SEQ ID NO:24078

【図４９－８１３】

FIGURE 49



iPS:451110	21-225_74C9		NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCGAGATTATTGTAGTAG	
					AAATATATAAATCCTATG	TACCAGCTGCCCTATTATTA	
					CAGACTCCGTGAAGGGC	CTACTACGGTATGGACGTC	
					SEQ ID NO:8055	SEQ ID NO:16067	SEQ ID NO:24079
			AA	SYGMH	VIWYDGNNKSYADSVKG	DRDYCSSTSCPYYYYYGMDV	
					SEQ ID NO:8056	SEQ ID NO:16068	SEQ ID NO:24080
iPS:451112	21-225_53D10		NA	GGCTACTATATATACAC	TGGATCAACCCTAACAG	GAAAACGAAAGTCTAGCAAC	
					TGGTGGCACAAACTATG	TCGTCCTTCTACGACTACTA	
					CACAGAAGTTTCAGGGC	CGGTATGGACGTC	
					SEQ ID NO:8057	SEQ ID NO:16069	SEQ ID NO:24081
			AA	GYYIH	WINPNSGGTNYAQKFQG	ENESLATRPFYDYYGMDV	
					SEQ ID NO:8058	SEQ ID NO:16070	SEQ ID NO:24082
iPS:451114	21-225_159A3		NA	GACTATGTCATGCAG	GTTATATGGTATGATGG	GAACCGTATAATAGTGGCTG	
					AAGTAATAAATACTATG	GTACGACTACGGTATGGACG	
					CAGACTCCGTGAAGGGC	TC	
					SEQ ID NO:8059	SEQ ID NO:16071	SEQ ID NO:24083
			AA	DYVMQ	VIWYDGSNKYYADSVKG	EPYNSGWYDYGMDV	
					SEQ ID NO:8060	SEQ ID NO:16072	SEQ ID NO:24084
iPS:451116	21-225_164A4		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTTCTT	
					TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC	
					CACAGAAGTTCCAGGGC		
					SEQ ID NO:8061	SEQ ID NO:16073	SEQ ID NO:24085
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY	
					SEQ ID NO:8062	SEQ ID NO:16074	SEQ ID NO:24086

【図４９－８１４】

FIGURE 49

iPS:451118	21-225_191C8		NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAG	TTATATCTATTACAGTGGG	GACACGTTTTGCTTTGATGG	
				C	ACCACCATTTACAACCCC	TTGTGGTTATTTCTTTTGACTC	
					TCCCTCAAGAGT	C	
				SEQ ID NO:8063	SEQ ID NO:16075	SEQ ID NO:24087	
			AA	SGGYYWS	YIYYSGTTIYNPSLKS	DTFCFDGCGYFPDS	
				SEQ ID NO:8064	SEQ ID NO:16076	SEQ ID NO:24088	
iPS:451120	21-225_197B3		NA	AGCCATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGG	GATCAAGGTGTGGGGTACTA	
					AAGTAATGAACACTATG	CGGTATGGACGTC	
					CAGACTCCGTGAAGGGC		
					SEQ ID NO:8065	SEQ ID NO:16077	SEQ ID NO:24089
			AA	SHGMH	VIWYDGSNEHYADSVKG	DQGVGYYGMDV	
					SEQ ID NO:8066	SEQ ID NO:16078	SEQ ID NO:24090
iPS:451122	21-225_200A11		NA	GTTTACTATTGGAGC	GAAATCAATCATAGTGG	GACTACGGTGTCTTTGACTA	
					AAGCACCAACTACAACC	C	
					CGTCCCTCAAGAGT		
					SEQ ID NO:8067	SEQ ID NO:16079	SEQ ID NO:24091
			AA	VYYWS	EINHSGSTNYNPSLKS	DYGVFDY	
					SEQ ID NO:8068	SEQ ID NO:16080	SEQ ID NO:24092
iPS:451124	21-225_74F6		NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACTTTTT	
					TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC	
					CACAGAAGTTCCAGGGC		
				SEQ ID NO:8069	SEQ ID NO:16081	SEQ ID NO:24093	
			AA	NYDIN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYFFDY	
					SEQ ID NO:8070	SEQ ID NO:16082	SEQ ID NO:24094
iPS:451127			NA	AATTATGATGTTCAAC	TGGATGCACCCTAACAG	AGCAGTGGCTGGTACCTCTT	
					TGGTAACACAGGCTATG	TGACTAC	
					CACAGAAGTTCCAGGGC		

【図４９－８１５】

FIGURE 49

21-225_164A7			SEQ ID NO:8071	SEQ ID NO:16083	SEQ ID NO:24095
		AA	NYDVN	WMHPNSGNTGYAQKFQG	SSGWYLFDY
			SEQ ID NO:8072	SEQ ID NO:16084	SEQ ID NO:24096
iPS:451129	21-225_94D2	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGTACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:8073	SEQ ID NO:16085	SEQ ID NO:24097
		AA	NYDIN	WMHPNSGNTGFAQKFQG	SSGWYWFDP
			SEQ ID NO:8074	SEQ ID NO:16086	SEQ ID NO:24098
iPS:451131	21-225_160A7	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGCACCCTCACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	AGCAGTGGCTGGTACTACTTT TGACTAC
			SEQ ID NO:8075	SEQ ID NO:16087	SEQ ID NO:24099
		AA	NYDIN	WMHPHSGNTGYAQKFQG	SSGWYYFDY
			SEQ ID NO:8076	SEQ ID NO:16088	SEQ ID NO:24100
iPS:451133	21-225_95H4	NA	AATTATGATATCAAC	TGGATGAACCCTAACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	TCCAGTGGCTGGAACTGGTT CGACCCC
			SEQ ID NO:8077	SEQ ID NO:16089	SEQ ID NO:24101
		AA	NYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	SSGWNWFDP
			SEQ ID NO:8078	SEQ ID NO:16090	SEQ ID NO:24102
iPS:437240	21-225_841H12	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGCTGAACCCTCACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGGTTTTACGATATTTTGACT CGTTATTCCCCCACCTACTA CTACTACGATATGGACGTC
			SEQ ID NO:8079	SEQ ID NO:16091	SEQ ID NO:24103

【図４９－８１６】

FIGURE 49

		AA	SYDIN	WLNPHSGNTGYAQKFQG	GFYDILTGYSPTYYYYDMDV
			SEQ ID NO:8080	SEQ ID NO:16092	SEQ ID NO:24104
iPS:434577	21-225_75C11	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGCTGAACCCTCACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGGTTTTACGATATTTTGACT CGTTATTCCCCCACCTACTA CTACTACGATATGGACGTC
			SEQ ID NO:8081	SEQ ID NO:16093	SEQ ID NO:24105
		AA	SYDIN	WLNPHSGNTGYAQKFQG	GFYDILTGYSPTYYYYDMDV
			SEQ ID NO:8082	SEQ ID NO:16094	SEQ ID NO:24106
iPS:435477	21-225_154E8	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CACGGTATAGCAGTGGCTGG TACTGGGGCTCACTACTTTG ACTAC
			SEQ ID NO:8083	SEQ ID NO:16095	SEQ ID NO:24107
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	HGIAVAGTGAHYFDY
			SEQ ID NO:8084	SEQ ID NO:16096	SEQ ID NO:24108
iPS:434553	21-225_76H12	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGCCTGAACCCTCACAG TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGGTTTTACGATATTTTGACT CGTTATTCCCCCACCTACTA CTACTACGATATGGACGTC
			SEQ ID NO:8085	SEQ ID NO:16097	SEQ ID NO:24109
		AA	SYDIN	WLNPHSGNTGYAQKFQG	GFYDILTGYSPTYYYYDMDV
			SEQ ID NO:8086	SEQ ID NO:16098	SEQ ID NO:24110
iPS:434927	21-225_86E5	NA	AGTTATGATATCAAC	TGGATTTACGATATTTTGACT TGGTAACACAGGCTATG CACAGAAGTTCCAGGGC	GGGTTTTACGATATTTTGACT CGTTATTCCCCCACCTACTA CTACTACGATATGGACGTC
			SEQ ID NO:8087	SEQ ID NO:16099	SEQ ID NO:24111

【図４９－８１７】

FIGURE 49

		AA	SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	GFYDILTGYSPTYYYYDMDV
			SEQ ID NO:16100		SEQ ID NO:24112
iPS:435385	21-225_149G7	NA	AGCTATGCCATGAGC	GCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAACACATTCTACGC AGACTCCGTGAAGGGC	CACGGTATAGCAGTGGCTGG TACTGGGGCTCACTACTTTG ACTAC
			SEQ ID NO:8089	SEQ ID NO:16101	SEQ ID NO:24113
		AA	SYAMS	AISGSGGNTFYADSVKG	HGIAVAGTGAHYFDY
			SEQ ID NO:8090	SEQ ID NO:16102	SEQ ID NO:24114

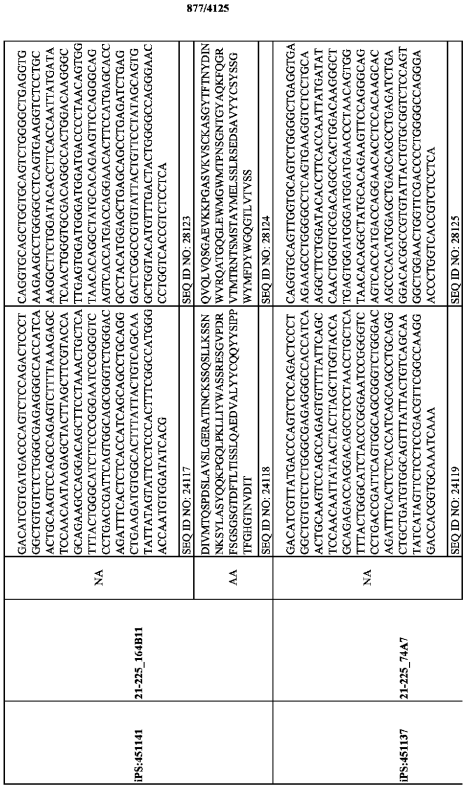
【図５０－１】

FIGURE 50

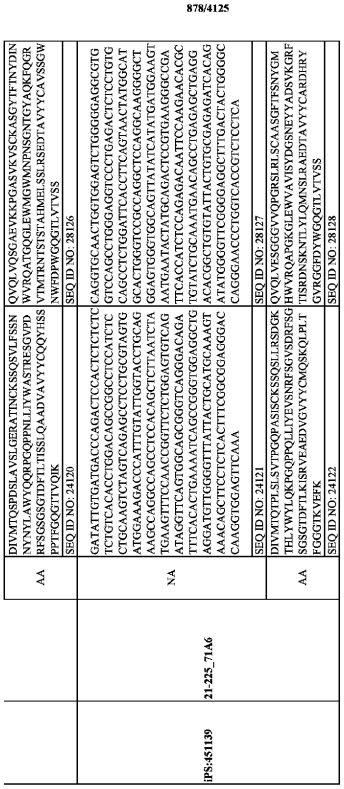
Table 3
Standard IgG Antibody Variable Region Sequences

iPS#	Ab	Type	LCV-region	HCV-region
iPS:451135	21-225_64A11	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCCATTCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGCGACAGAGTCACCATTCA CTTGCCGGGCAAGTCGGAGCGTTAGCAGATAT TTAAATTGGTATCAGCAGACACTGGGGAAAGC CCTTAAGCTCTTGATATCTGTTGCATCCGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCGAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGTGTGCAACGTGAAGATTTTGCAACTTA CTTCTGTCAACAGAGTGACAGTTTCCCTCTCAC TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGTTGGAAGT AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGGAGAGGAG CAGTGGCTCCGTACTACGGTATGGACGTCTGGGG CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 24115	SEQ ID NO: 28121
		AA	DIQMTQSPFSLSASVGDRVTITCRASRSVSRYLN WYQQTLGKALKLLISVASRLQSGVPSRFSGSGS TDFTLTISSVQREDFATYFCQQSDSFPLITFGGGTK VEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM HWVRQAPGKGLEWVAVISYVGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNTLRAEDTAVYYCARRGAV APYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 24116	SEQ ID NO: 28122

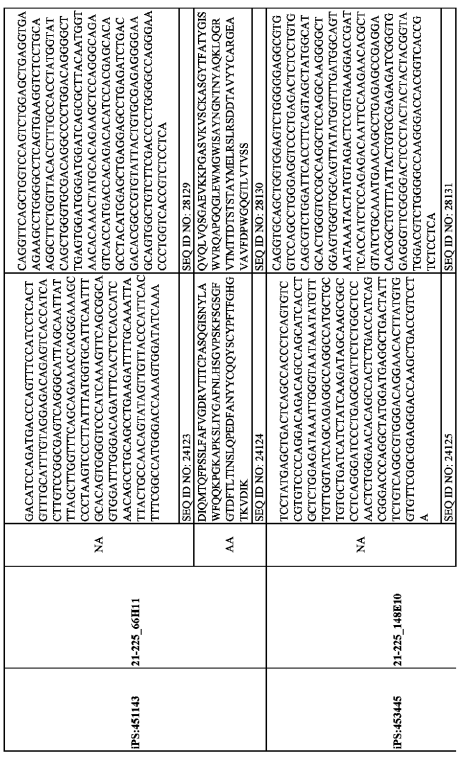
【図５０－２】



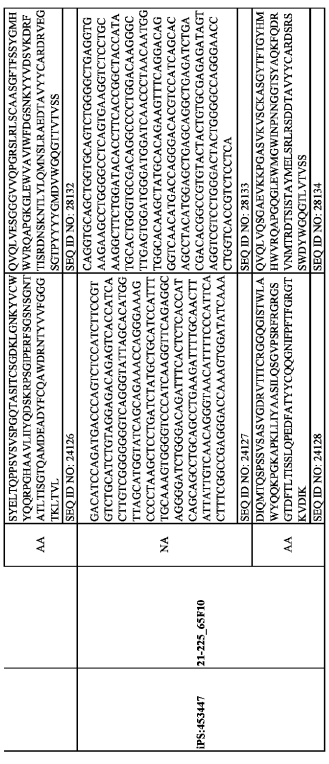
【図５０－３】



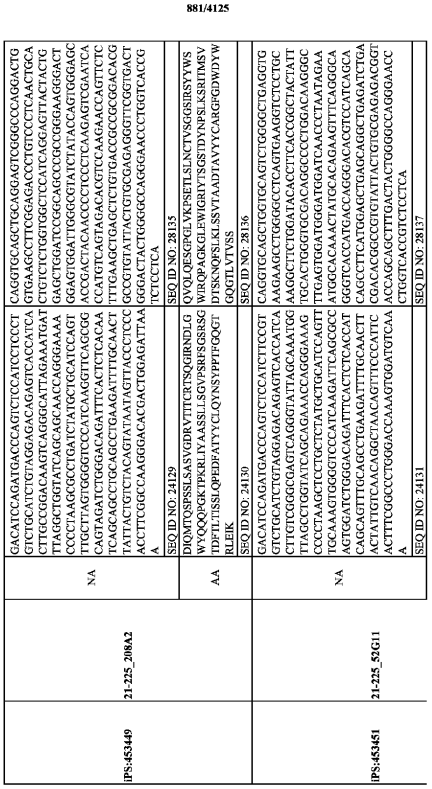
【図５０－４】



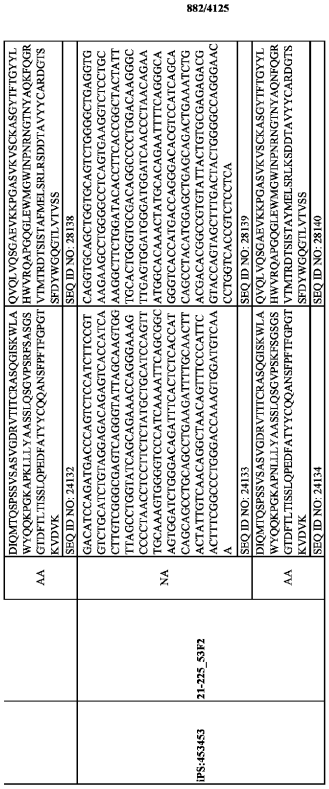
【図５０－５】



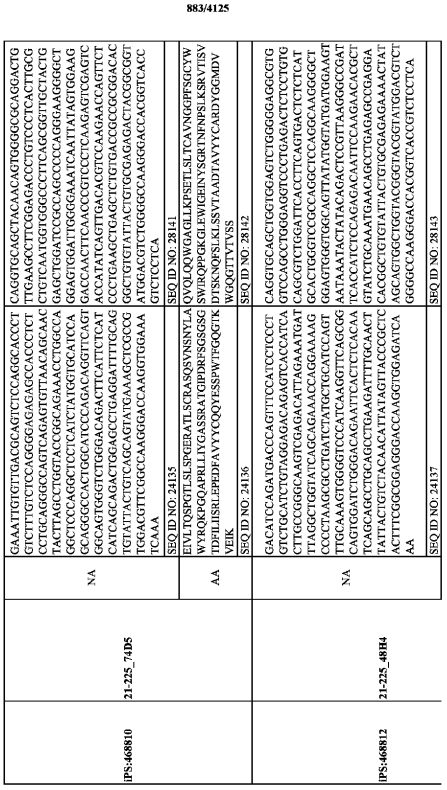
【図５０－６】



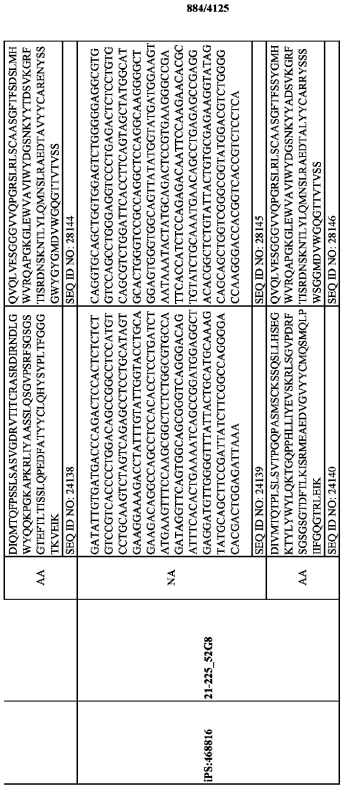
【図５０－７】



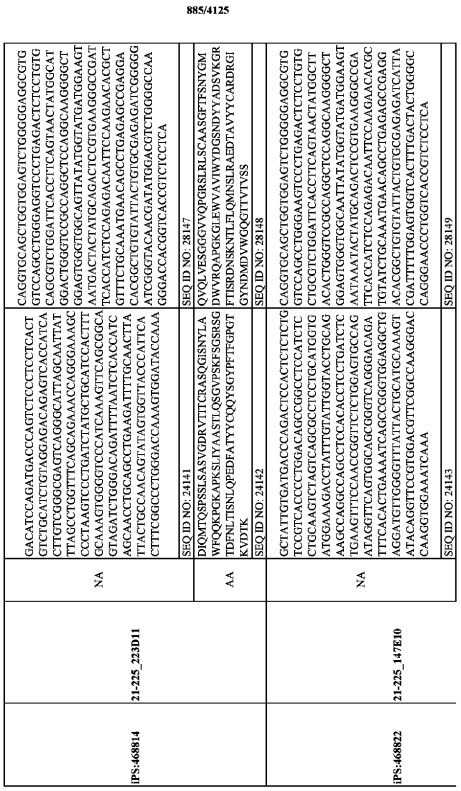
【図５０－８】



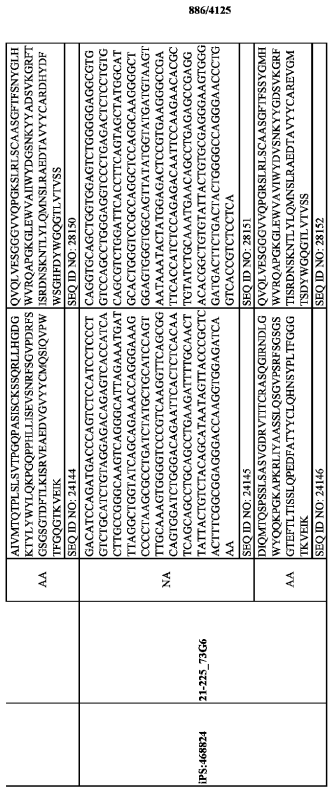
【図５０－９】



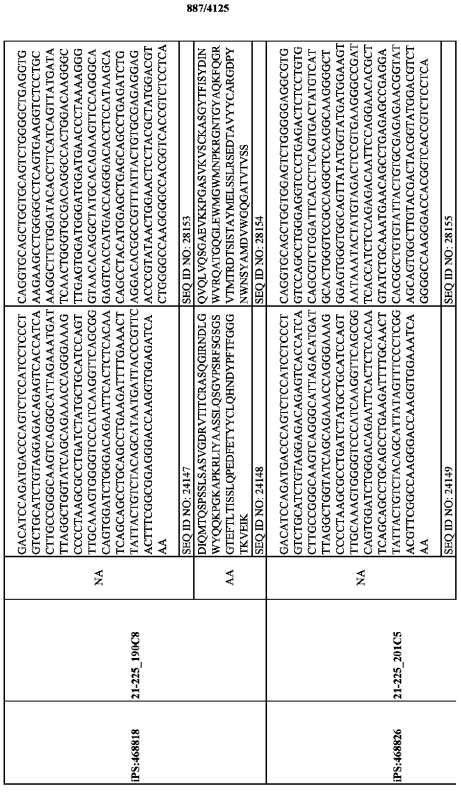
【図５０－１０】



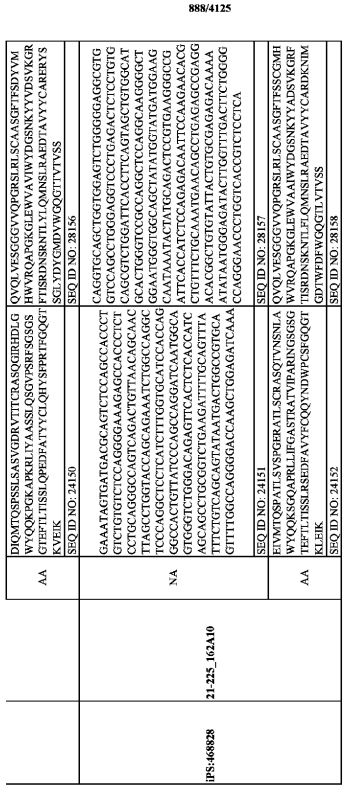
【図５０－１１】



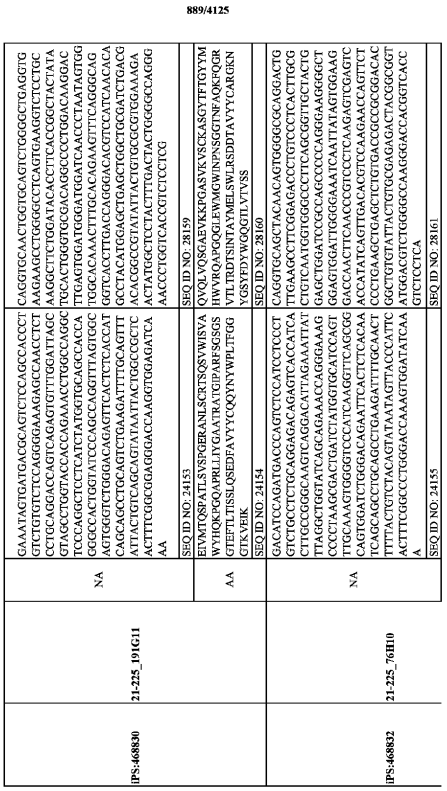
【図５０－１２】



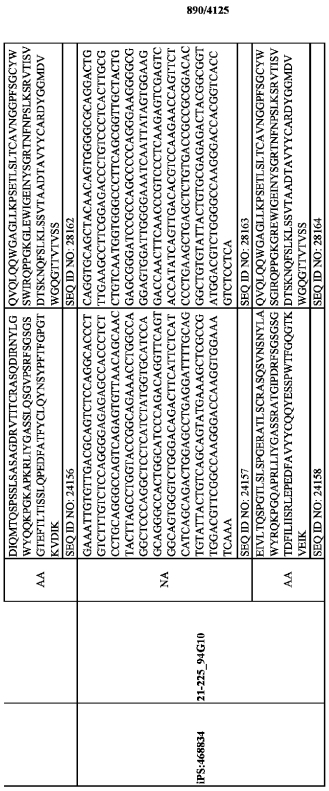
【図５０－１３】


888/4125
FIGURE 50
iPS:468828
21-225_162A10
NA
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGTTAACAGCAAC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAATCTGGCCAGGC
TCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCAGCAAC
GGCCACTGTTATCCAGCAGGATCAATGGCAT
GTGGGTCTCCTATCTTGGTGCAATCCACAG
AGCAGCCTGCGCCTGATTTTGCAGTTTA
TTTCTGTCAGCAGTATAATGATCTGGCGTTCA
GTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 24157
SEQ ID NO: 24163
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYYM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYS
SGLYDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 24158
SEQ ID NO: 24164
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYYM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYS
SGLYDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 24159
SEQ ID NO: 24165
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS

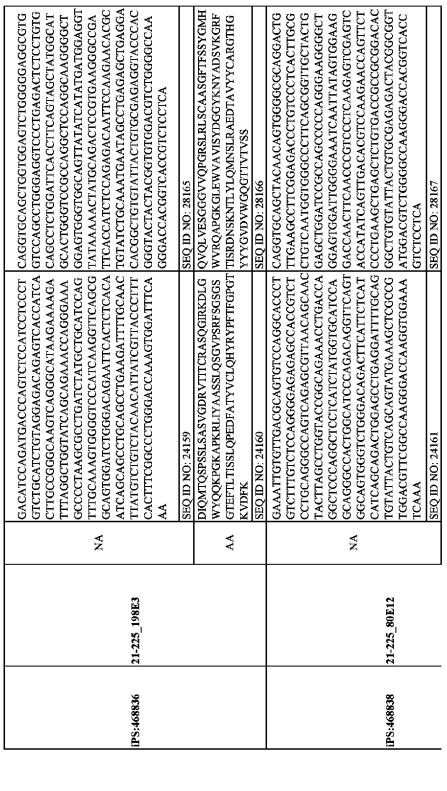
【図５０－１４】



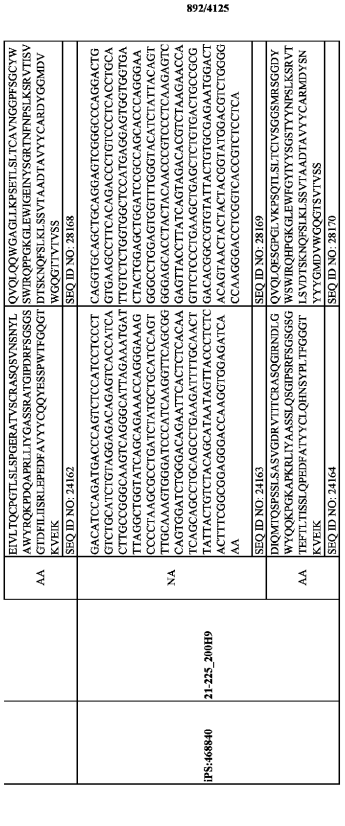
【図５０－１５】



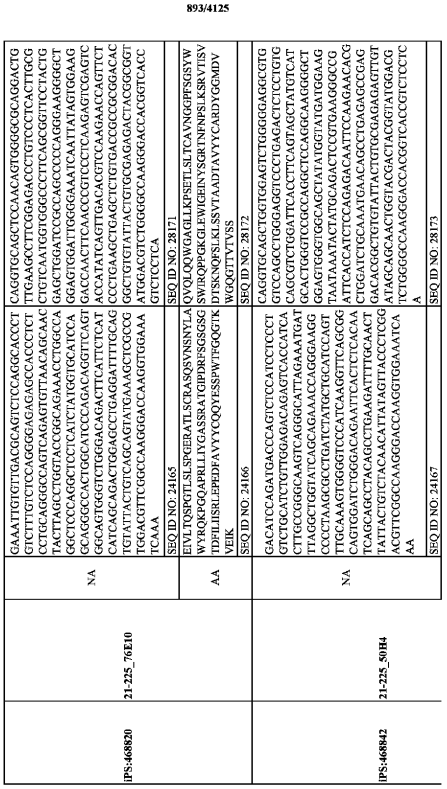
【図５０－１６】



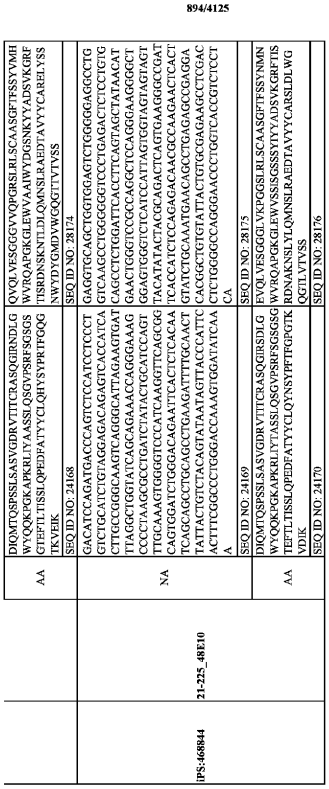
【図５０－１７】



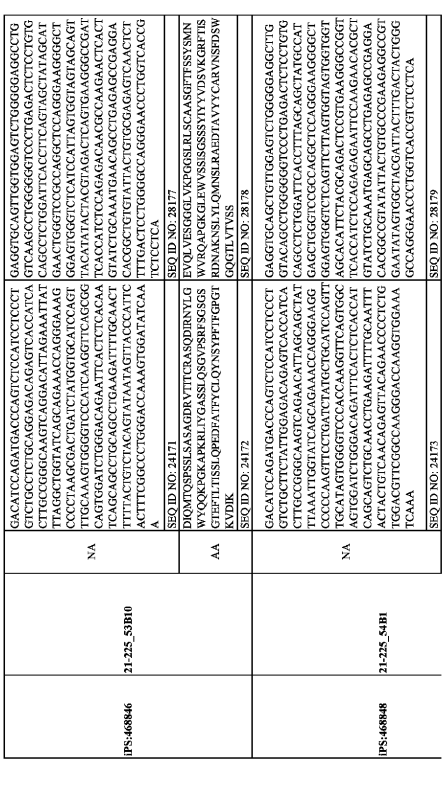
【図５０－１８】



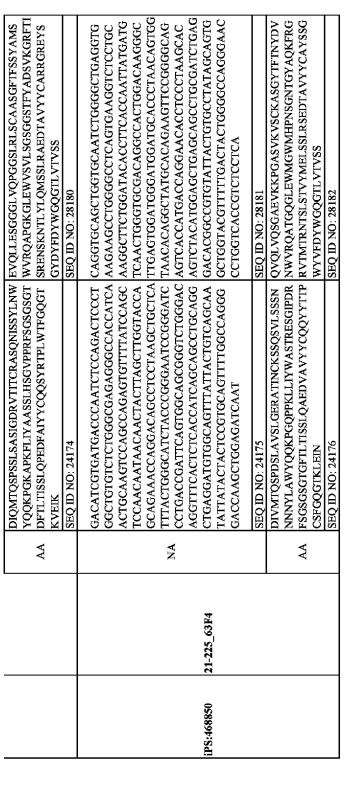
【図５０－１９】



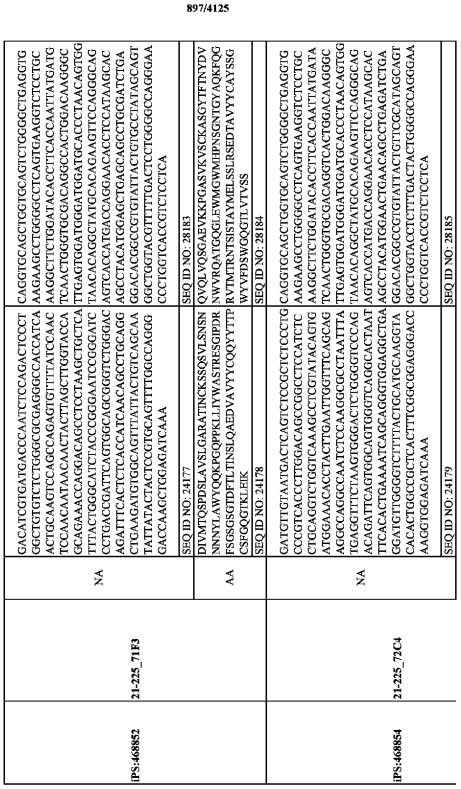
【図５０－２０】



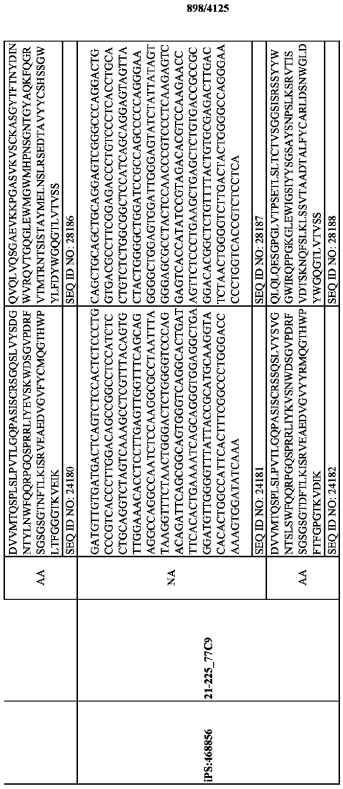
【図５０－２１】



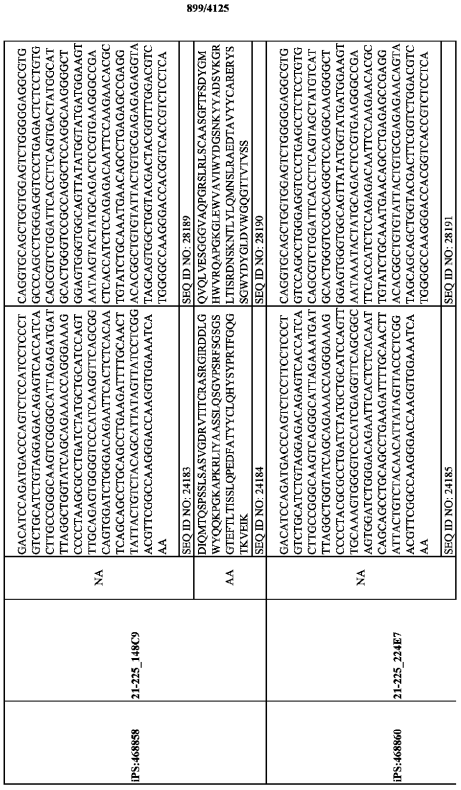
【図５０－２２】



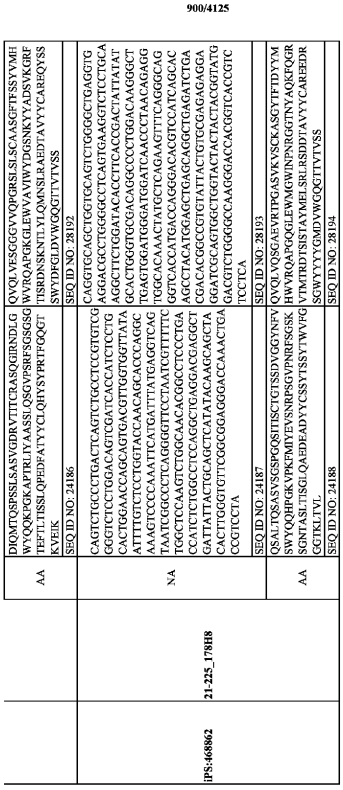
【図５０－２３】



【図５０－２４】



【図５０－２５】



【図５０－２６】

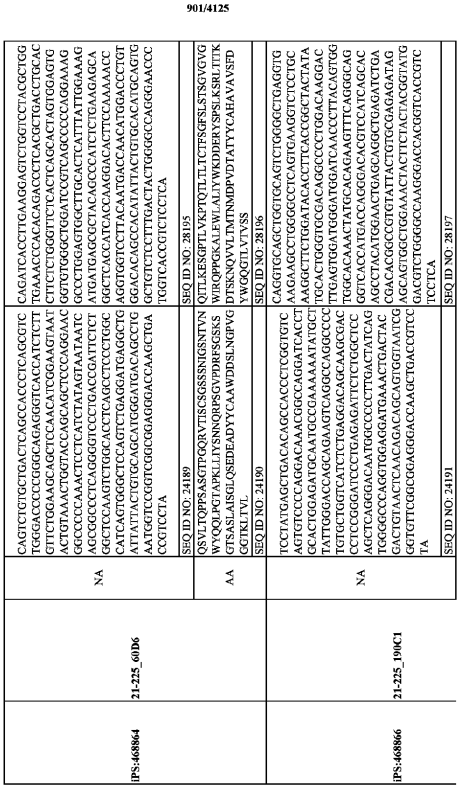


FIGURE 50

【図５０－２７】

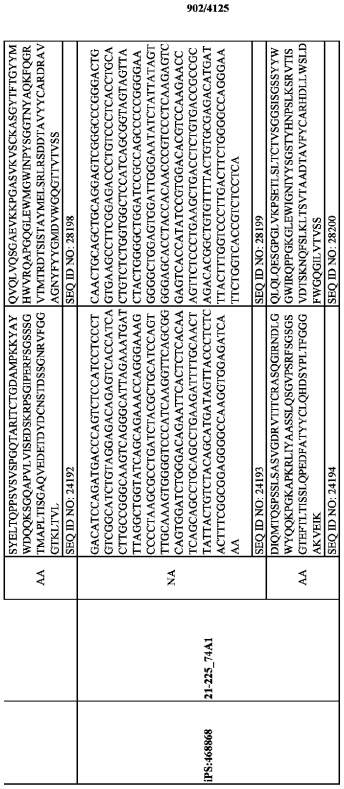


FIGURE 50

【図５０－２８】

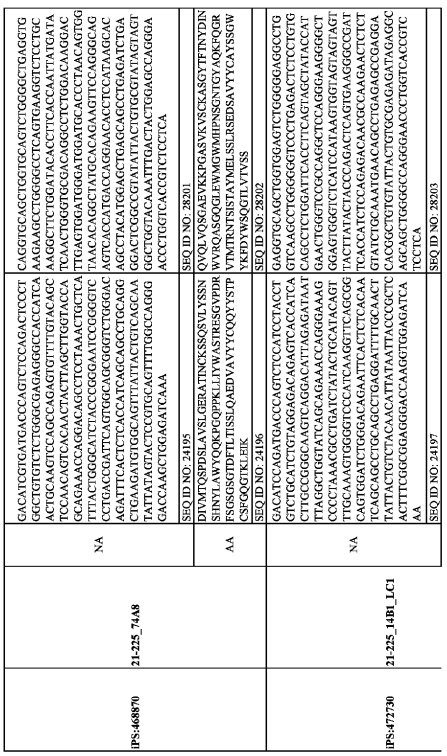


FIGURE 50

【図５０－２９】

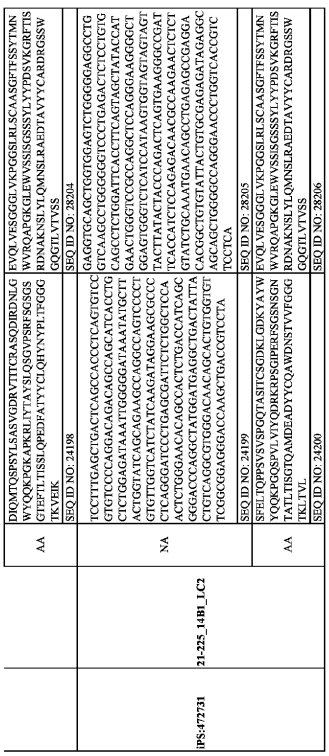


FIGURE 50

【図５０－３０】

905/4125

FIGURE 50

IPS:472732	21-225_2B10_LC1	NA	GATGTTGTTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTTC CTTGTCGGGGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTTTGCTGCATCCAGTT TGCAAAGTGGGGCCCCATCAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCATTC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCGTCTGGATTCACCGTCAGTCGCTACGC CATGCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGC TGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAATGGT AACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA GGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAGGATA CGGACTTGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA CCTACTGGTCACCGTCTCCTCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCGTCTGGATTCACCGTCAGTCGCTACGC CATGCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGC TGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAATGGT AACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA GGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAGGATA CGGACTTGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA CCTACTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 24201	SEQ ID NO: 28207
		AA	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTFLNWFQQRPGQSPRRLITYKVSNWDSGVPDRF SGSGSQTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWPF PFGQGTRLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYVMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKVRF TVSRDNSKNTLSLQMNSLRAEDTAVYYCARERYTS GWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 24202	SEQ ID NO: 28208
IPS:472733	21-225_2B10_LC2	NA	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCT GGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTG CACTGGAACAGCAGTGATGGTGGTTATA ATTTTGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGAC AAAGCCCCCAAACTCATGATTATGATGGAAGT TAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTC TGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCT GATTATTACTGCAGCTCATATACAAGCACCGG CACTGTGGTAATCGGCGGAAGGGACCAAACTG ACCGTCCTA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCT ATGCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGC TGGAGTGGGTGGCGGTTATATGGTATGATGGA AAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGTCCGA TCACCGTCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT GTCTCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATATAT ACCAGATGGCTGGTATGACTACGTGGACTACT GGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 24203	SEQ ID NO: 28209

【図５０－３１】

906/4125

FIGURE 50

IPS:473253	21-225_7C3_LC1	AA	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNFV SWYQQHPDKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSK SGNTASLTISGLQAEDEADYYCSSYSTSTGTVVIG GGTKLTVL	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYVMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKVRF TVSRDNSKNTLSLQMNSLRAEDTAVYYCARERYTS GWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 24204	SEQ ID NO: 28210
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAC CCTAAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCATT ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAC CCTAAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCATT ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A
			SEQ ID NO: 24205	SEQ ID NO: 28211
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRSDLG WYQQKPVKAPKRLITYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLPITFGQ GTRLEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNDYYL HWVRQAPGQGLEWMGWIHPNSGGTNYAQKFQGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCARDGTSS PDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 24206	SEQ ID NO: 28212

【図５０－３２】

907/4125

FIGURE 50

IPS:473254	21-225_7C3_LC2	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTG CAAAGTGGGGTCCCATCTCGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACC ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAAC TTACTACTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCTCC GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT CAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTC ATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAAT CTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAA TAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAG TGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTA ACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCAC CCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAA ACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCAT CAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGC TTCAACAGGGGAGAGTGTTAG	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTG CAAAGTGGGGTCCCATCTCGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACC ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAAC TTACTACTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCTCC GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT CAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTC ATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAAT CTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAA TAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAG TGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTA ACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCAC CCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAA ACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCAT CAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGC TTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
			SEQ ID NO: 24207	SEQ ID NO: 28213
		AA	DIQMTQSPSSVSASLGDRVTITCRASQGISSWLA WYQQKQGKAPKLLIFAASRLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT KVDIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNDYYL HWVRQAPGQGLEWMGWIHPNSGGTNYAQKFQGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYSCARDGTSS FDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 24208	SEQ ID NO: 28214
IPS:473255	21-225_9F12_LC1	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTG CAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCA TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACG TATTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCTATC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATTTCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTG CAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCA TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACG TATTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCTATC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATTTCAA A
			SEQ ID NO: 24209	SEQ ID NO: 28215

【図５０－３３】

908/4125

FIGURE 50

IPS:473256	21-225_9F12_LC2	AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDFNYPWTFGQG TRLEIK	QVQLVESGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFADYYL HWVRQAPGQGLEWMGWIHPNSGGTNFAQKFQGR VTMTRDTSISTAYLELSSLRSDDTAVYYCARDGTSS FDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 24210	SEQ ID NO: 28216
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCAGCTGACTGCTTACCTCAGGGAGAG AGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT GTTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCA GAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATC TATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC CCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGG GACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT GGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTG TCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCAGCTGACTGCTTACCTCAGGGAGAG AGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT GTTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCA GAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATC TATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC CCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGG GACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT GGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTG TCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA
			SEQ ID NO: 24211	SEQ ID NO: 28217
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG WYQQKPVKAPKRLITYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLPITFGQ GTRLEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFADYYL HWVRQAPGQGLEWMGWIHPNSGGTNYAQKFQGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYSCARDGTSS PDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 24212	SEQ ID NO: 28218

10

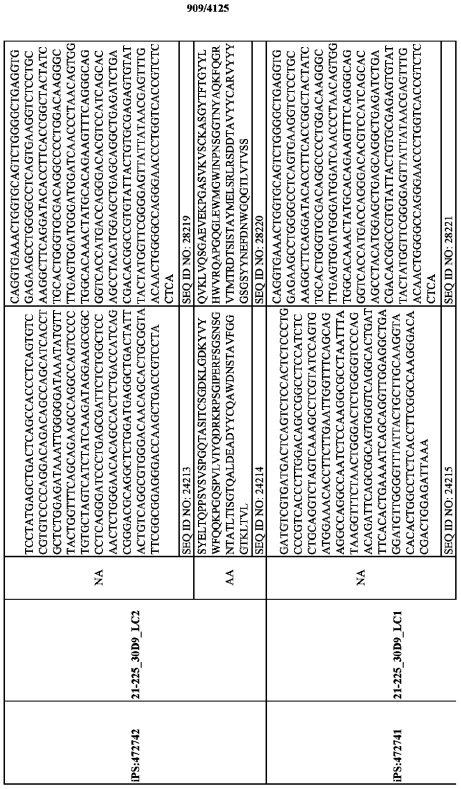
20

30

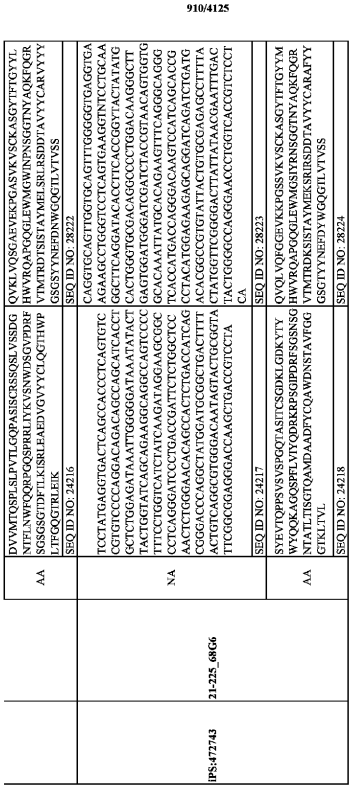
40

50

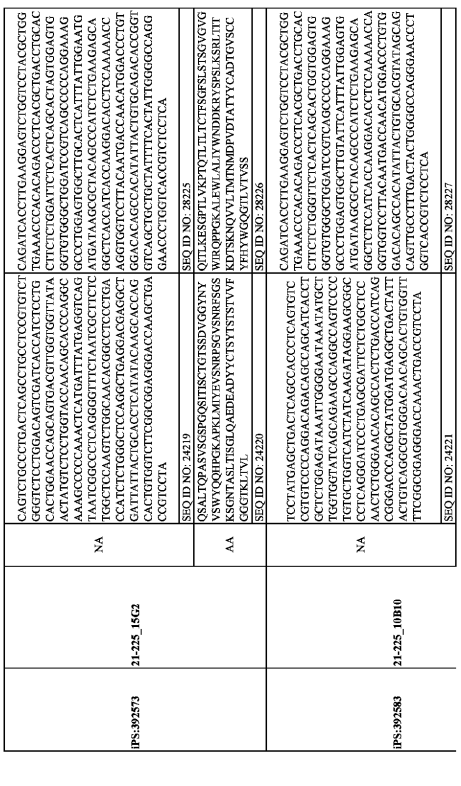
【図５０－３４】



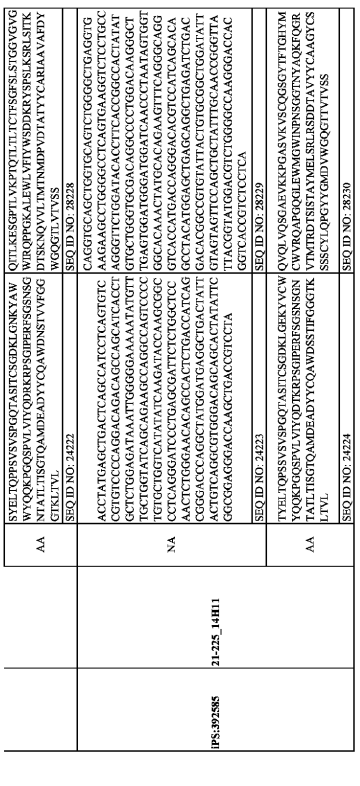
【図５０－３５】



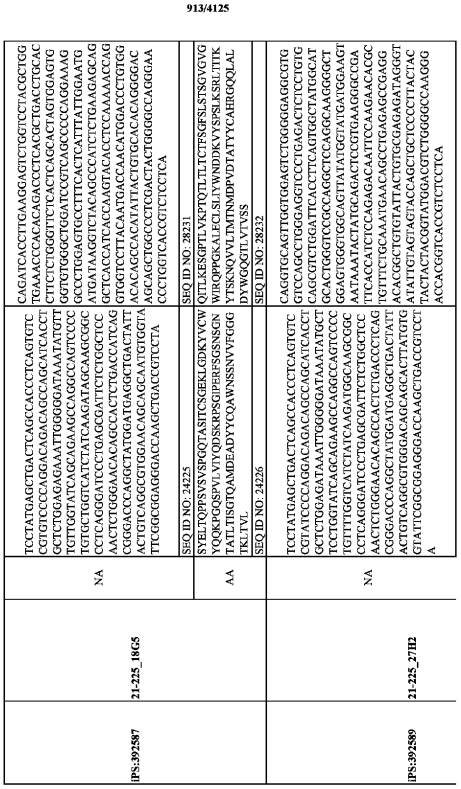
【図５０－３６】



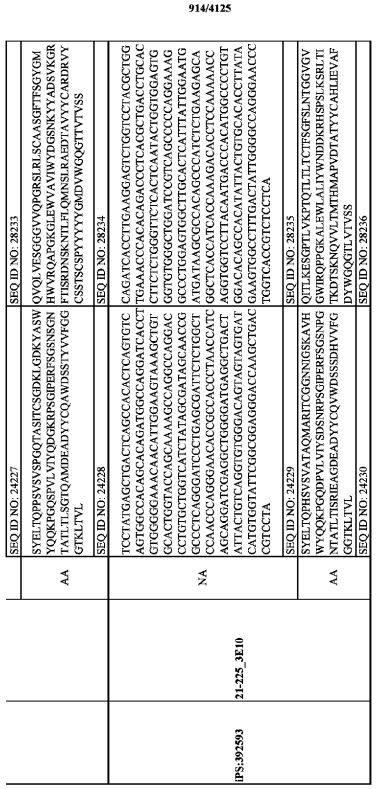
【図５０－３７】



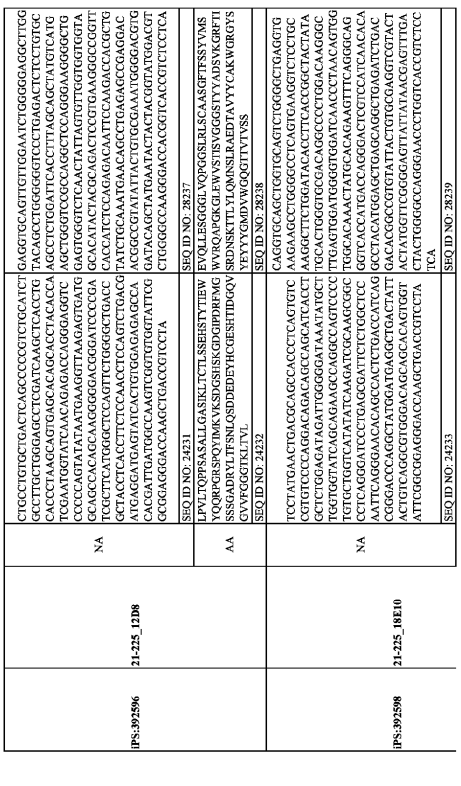
【図５０－３８】



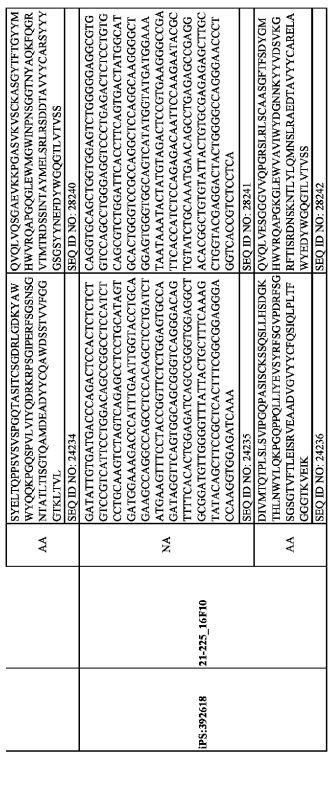
【図５０－３９】



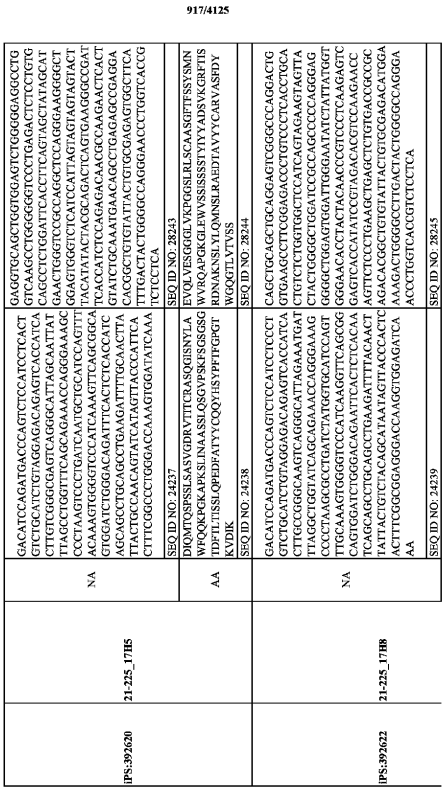
【図５０－４０】



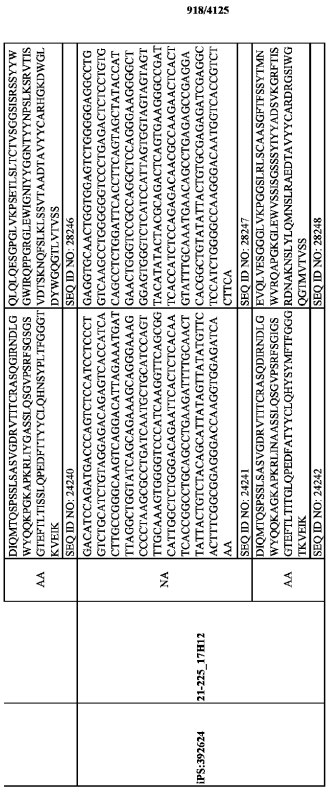
【図５０－４１】



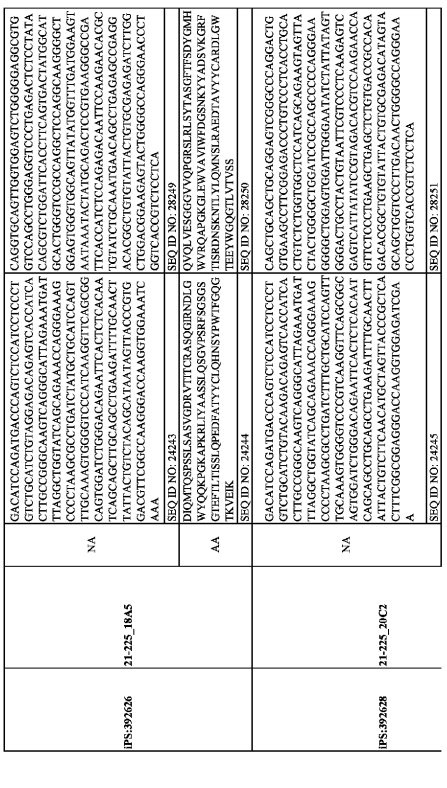
【図５０－４２】



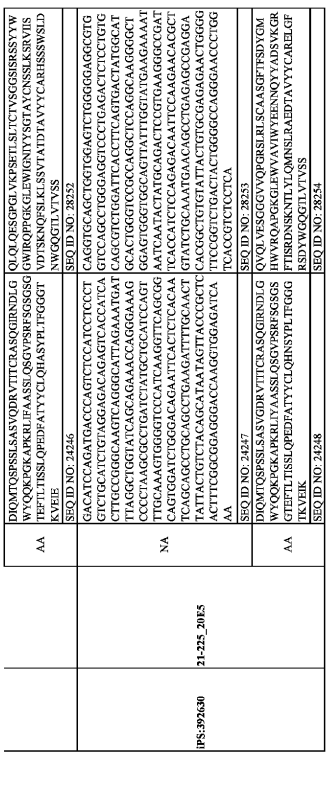
【図５０－４３】



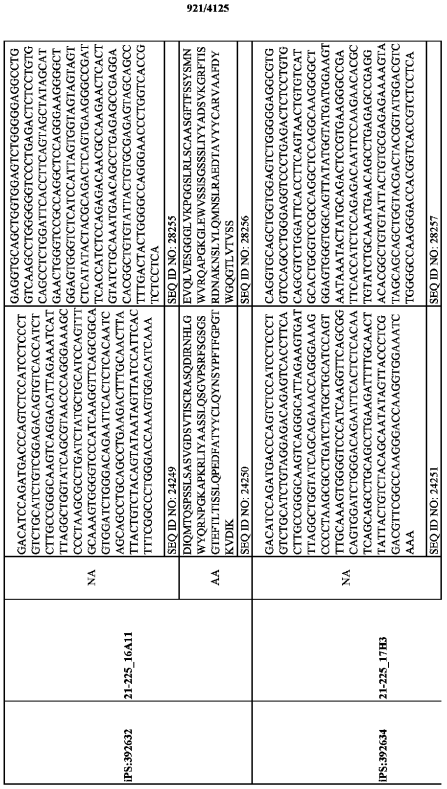
【図５０－４４】



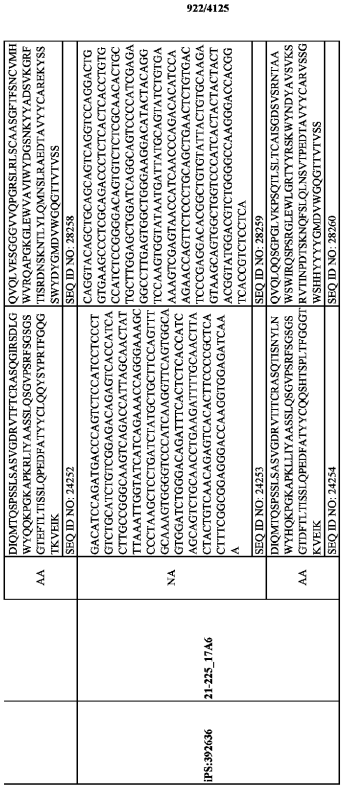
【図５０－４５】



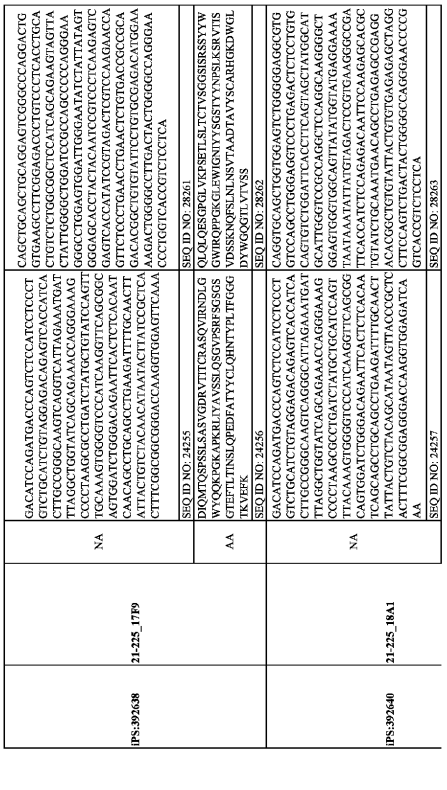
【図５０－４６】



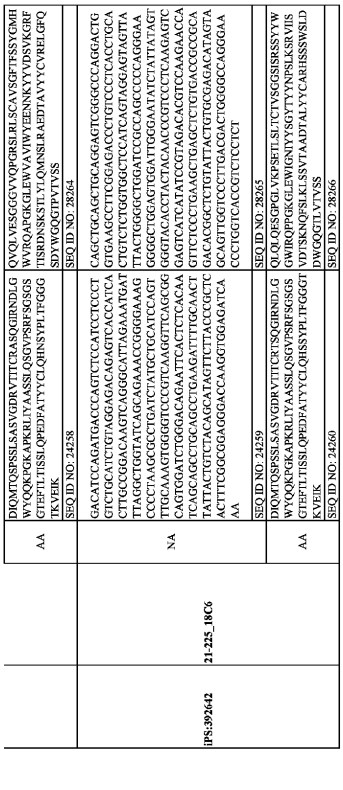
【図５０－４７】



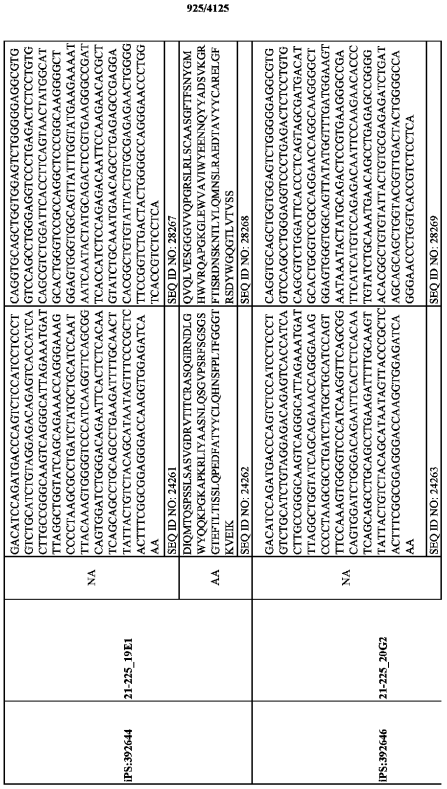
【図５０－４８】



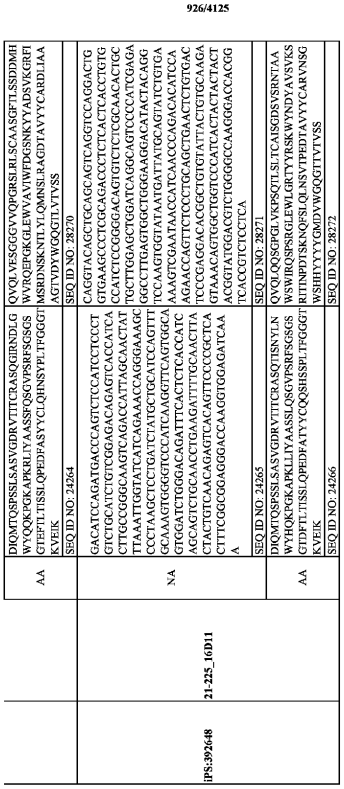
【図５０－４９】



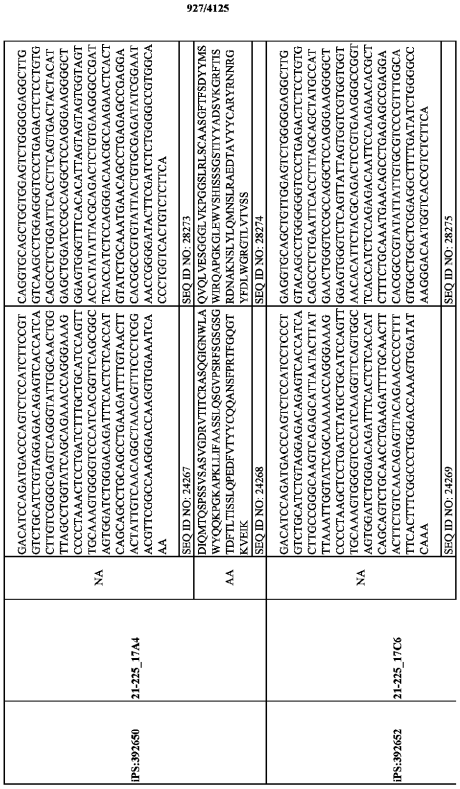
【図５０－５０】



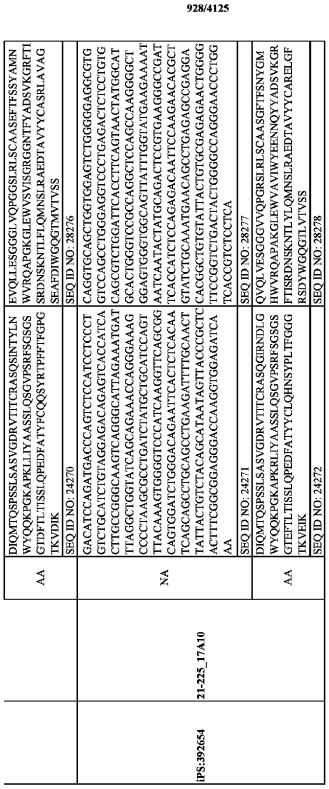
【図５０－５１】



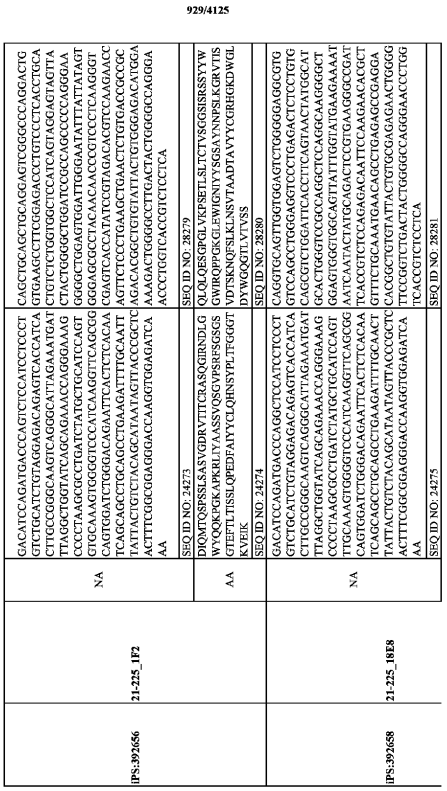
【図５０－５２】



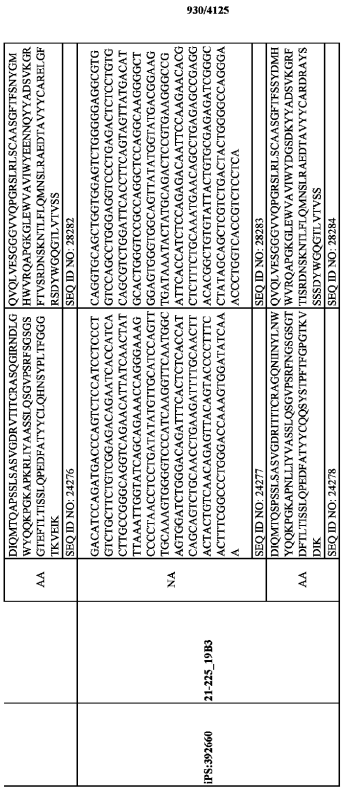
【図５０－５３】



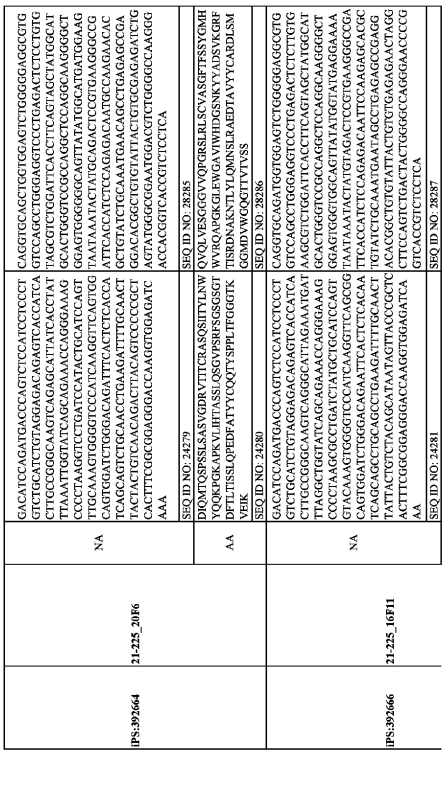
【図５０－５４】



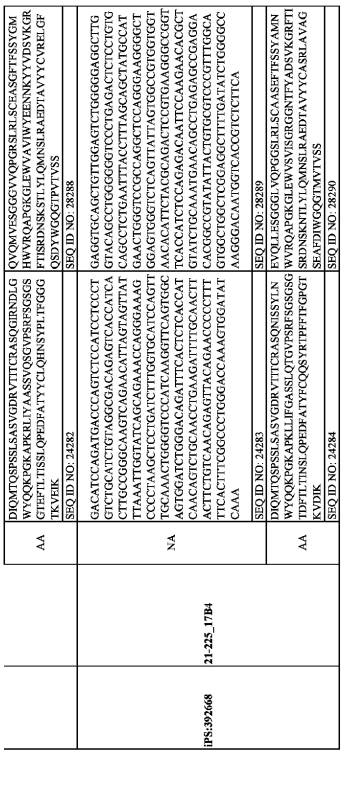
【図５０－５５】



【図５０－５６】



【図５０－５７】



【図５０－５８】

FIGURE 50

933/4125

IPS:392674	21-225_18C2	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAATCCTCCCT
			GTCTGCGTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
			CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
			TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCGTGT
			GACGTTCGGCCTGGGGACCAAGGTGGTCATCA
			AA
			SEQ ID NO: 24285
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGLGT
			KVVIK
			SEQ ID NO: 24286
IPS:392676	21-225_19F3	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAATCCTCCCT
			CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			CTGTCTCCGGTGGCGGCCATCAGCGGTAGTTATA
			CTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
			GGGAAGCACCTACTACAACCCGTCCTTCAAGAGTC
			GAGTCACCATATCCGTAGACAGCGTCCAAGAACC
			AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCGA
			AGTACTGCTGTCCCTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCT
			SEQ ID NO: 24287
		AA	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYYW
			SWIRQPPGKGLEWIGNIYYSGSTYYNPSFKSRVTIS
			VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARHSSSWSLD
			YWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 24288

【図５０－５９】

FIGURE 50

934/4125

IPS:392678	21-225_20F3	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
			CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGTTATT
			TTATATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
			CCCTAAGCTCCTGATCTATAAGGCTTCCAGTT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGTGGCA
			GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATC
			AGCAGCCTGCAGCCTGATGATTTTGCAACTTA
			TTACTGTCAACAGTATTATAGTTATCCGCTCA
			AAA
			SEQ ID NO: 24289
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSYLVW
			YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGT
			DFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSAPPFPGPGTK
			VDIK
			SEQ ID NO: 24290

【図５０－６０】

FIGURE 50

935/4125

IPS:392680	21-225_20A7	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
			TTAGGCTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
			CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
			TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCGTGT
			ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
			AA
			SEQ ID NO: 24291
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
			GTEFSLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT
			KVEIK
			SEQ ID NO: 24292
IPS:392682	21-225_16A12	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
			CTTGTCGGGCGAGTCAGGCCATTAACACTTAT
			TTAGCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
			CCCTAAGTCCTGATTTCTGCTGCATCCAGTTT
			GCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA
			GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
			TTACTGCCAACAGTATTATAGTTATCCGCTCAC
			ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
			CTGGTGGCCAGGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 24293
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPGT
			KVDIK
			SEQ ID NO: 24294

【図５０－６１】

FIGURE 50

936/4125

IPS:392684	21-225_17F4	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
			CTTGCCGGGCAAGTCAGATTAGAAATGAT
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
			CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
			TTGCAAACTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAT
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
			TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTGG
			ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCA
			A
			SEQ ID NO: 24295
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPGT
			KVDIK
			SEQ ID NO: 24296
IPS:392674	21-225_18C2	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAATCCTCCCT
			GTCTGCGTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
			CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGTTATT
			TTATATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
			CCCTAAGCTCCTGATCTATAAGGCTTCCAGTT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGTGGCA
			GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATC
			AGCAGCCTGCAGCCTGATGATTTTGCAACTTA
			TTACTGTCAACAGTATTATAGTTATCCGCTCA
			AAA
			SEQ ID NO: 24297
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGLGT
			KVVIK
			SEQ ID NO: 24298
IPS:392676	21-225_19F3	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAATCCTCCCT
			CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			CTGTCTCCGGTGGCGGCCATCAGCGGTAGTTATA
			CTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
			GGGAAGCACCTACTACAACCCGTCCTTCAAGAGTC
			GAGTCACCATATCCGTAGACAGCGTCCAAGAACC
			AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCGA
			AGTACTGCTGTCCCTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCT
			SEQ ID NO: 24299
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPGT
			KVEIK
			SEQ ID NO: 24300

10

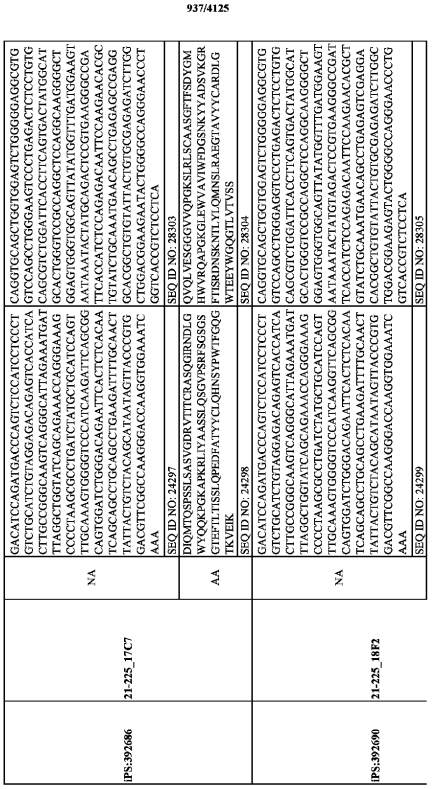
20

30

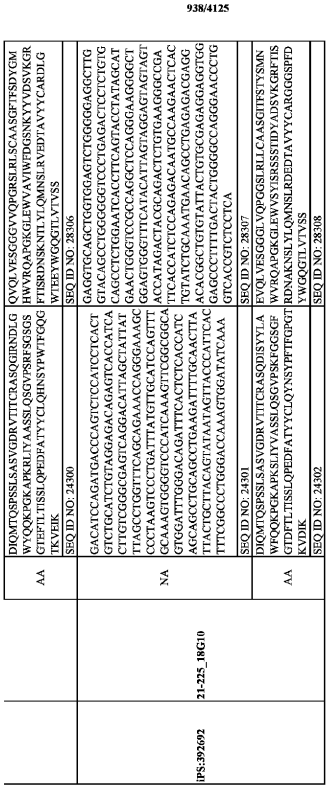
40

50

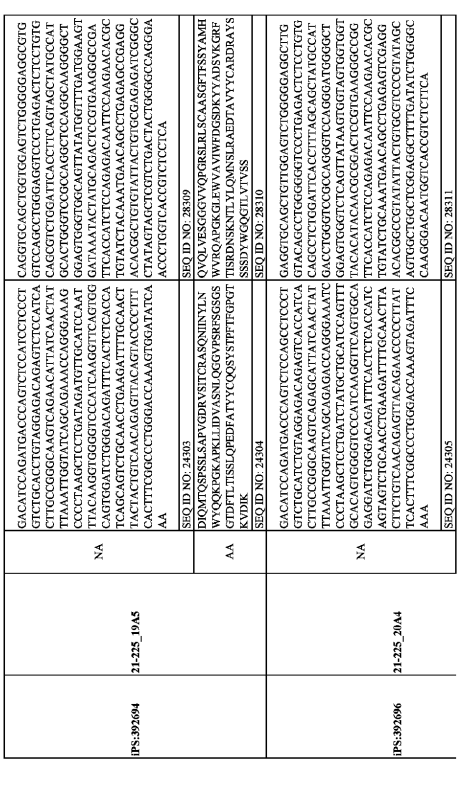
【図５０－６２】



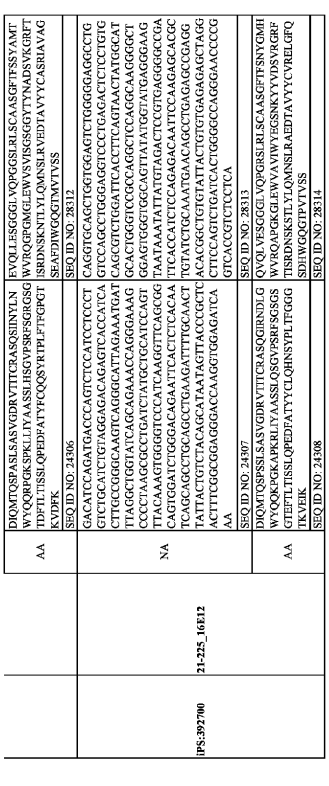
【図５０－６３】



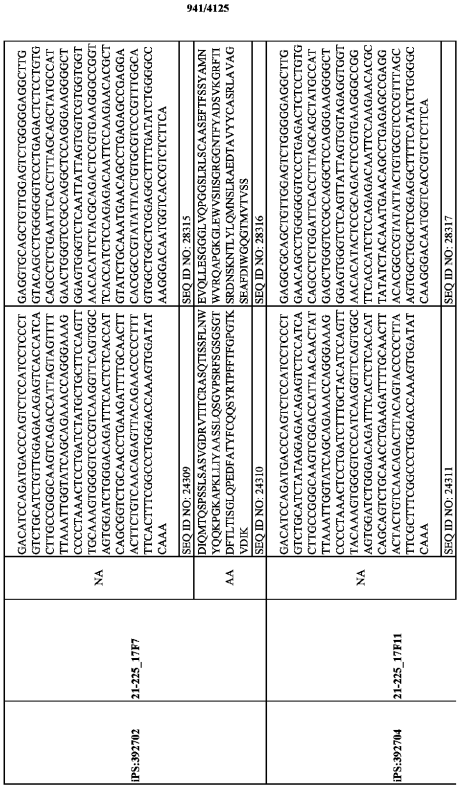
【図５０－６４】



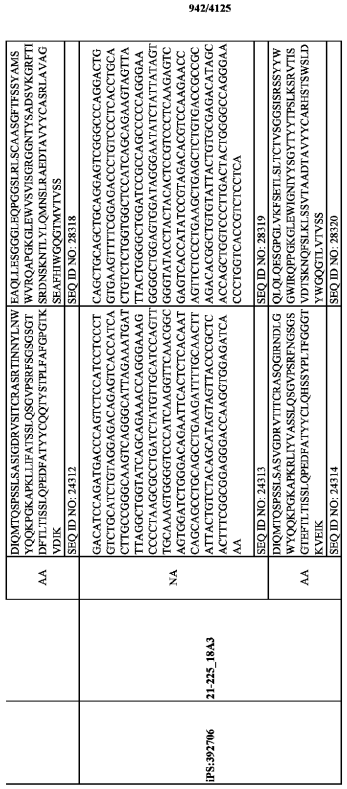
【図５０－６５】



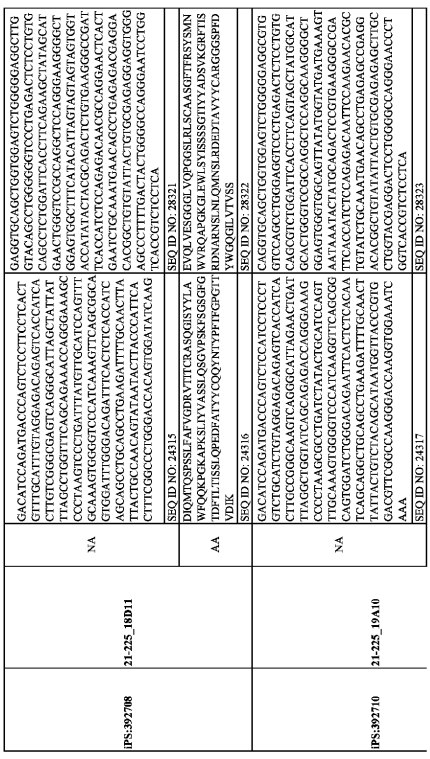
【図５０－６６】



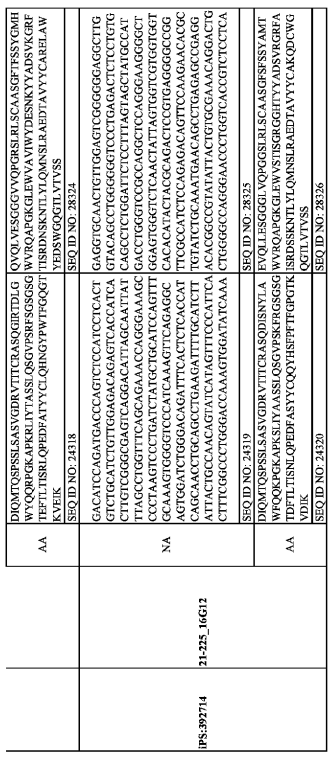
【図５０－６７】



【図５０－６８】



【図５０－６９】



【図５０－７０】

FIGURE 50

945/4125

IPS:392716	21-225_17B5	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTGACTATGGCAT
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			CCCCTAAGGCCTGATCTATGCTGCAATCAAT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGAAAGT
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	AATAAACACTATAGACTCCGTGAAGGGCCGA
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTCAGTTTCACAA	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	TCGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA	GTTCCGGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
			AA	GTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 24321	SEQ ID NO: 28327
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAASGFTFSDYGM
			WYQQKPGKAPKRLIYAASNLQSGVPSRFSGSGS	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDESNKHYIDSVKGRF
			GTEFSFTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRELGFR
			KVEIK	FDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 24322	SEQ ID NO: 28328
IPS:392718	21-225_17B8	NA	GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			CTGTAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTA	AAGGCGTCTGGATACACCTTCACCAGCTATGCTA
			ATGGGAACAACTCTTTGGATTGGTACCTGCAG	TCAACTGGGTGCGACAGGCCCACTGGACAAGGGC
			AAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA	TTGAGTGGATGGGATGGAATCCCTAACACCTGG
			TTGGGTTCTCATCGGGCCTCCGGGGTCCCTG	TAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG
			ACAGGTTCAGTGACAGTGGAATCAGGCAGACAT	AGTCACCATTGACCAGGAACACCTCCATAAGCAC
			TTTACACATGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGA	AGCCTACATCGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA
			GGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGGTTC	GGATCACACGGCCGTATATTTCTGTACGAAAGGCT
			TACAAACTCCTCCCCTCACTTTCGGCGGAGGG	GGGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCA
			ACCAAGGTGGAGATCAAA	CCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 24323	SEQ ID NO: 28329

【図５０－７１】

FIGURE 50

946/4125

IPS:392720	21-225_17A12	AA	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGN	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYAIN
			NSLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSHRASGVPDRFS	WVRQATGQGLEWMGWMNPNTGNTGYAQKFQGR
			DSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQMQVLQTPP	VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYFCTRKAGF
			LTFGGGTKVEIK	DYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 24324	SEQ ID NO: 28330
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	ATACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGTAATTAT	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
			TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC	GAGCTGGGTCCGCCAGGATCCAGGGAAAGGGCT
			CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCACT	GGAGTGGGTTTCACATTATAGTGGTGTCGTGGGGA
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
			CAGCGGTCTGGATCTATTCACTCACCATC	GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACTTA	AGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTA
			TTGCTGTCAAAAGTATAACAGTGCCCCTCCGA	CACGGCTGTGTATTTACTGTGCGAGAGATCGTGGG
			TCACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATT	AGCTACTGGGGCCAGGGTACCCTGGTCACCGTCT
			AAA	CCTCA
			SEQ ID NO: 24325	SEQ ID NO: 28331
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINNYLA	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
			WYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYYADSVKGRFTIS
			GTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNSAPPITFGQGT	RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGSYW
			RLEIK	GQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 24326	SEQ ID NO: 28332
IPS:392722	21-225_18E12	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACGGAGTCACCATCA	GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
			CTTGTCGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG	CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTGACTATTACAT
			TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAAGGGCT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC	ACCATATACTACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGAT
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCACCAT	TCACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT
			CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	AACCGGGGGTACTTCGATCTCTGGGGCCGTGGCT
			AA	CCCTGGTCACTGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 24331	SEQ ID NO: 28337
		AA	DIQMTQSPSSVSASVGDGVTITCRASQGISSWLA	QVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMS
			WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS	WIRQAPGKGLEWVSHISSSGSTIYYADSVKGRFTIS
			GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPRTFGQG	RDNGENSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARYRNNRG
			TKVEIK	YFDLWGRGSLVTVSS
			SEQ ID NO: 24332	SEQ ID NO: 28338

【図５０－７２】

FIGURE 50

947/4125

【図５０－７３】

FIGURE 50

948/4125

10

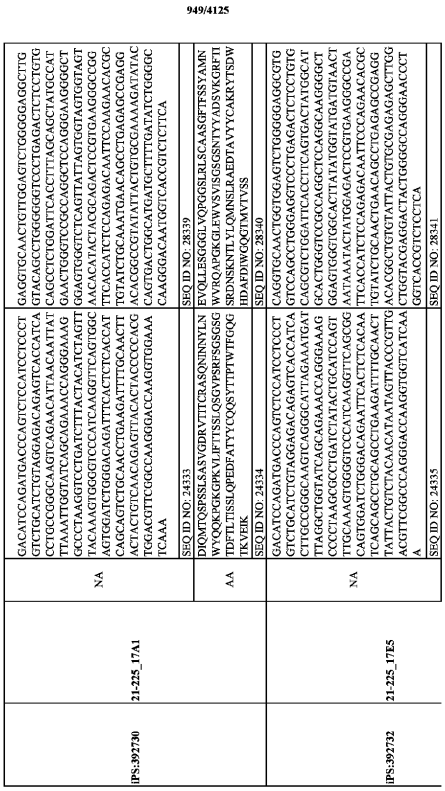
20

30

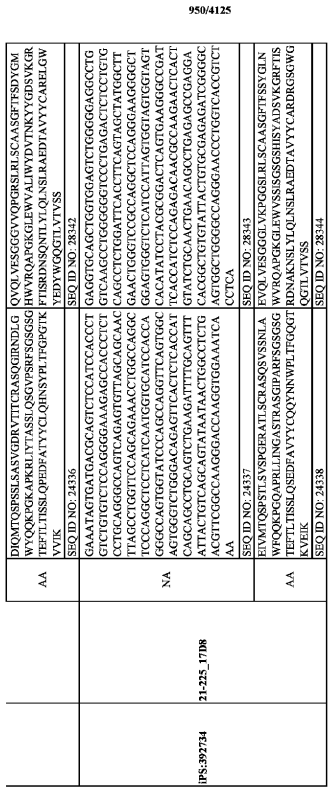
40

50

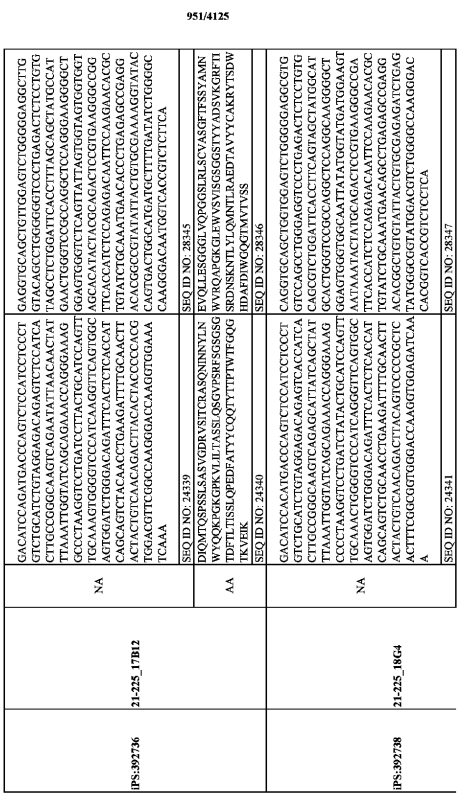
【図５０－７４】



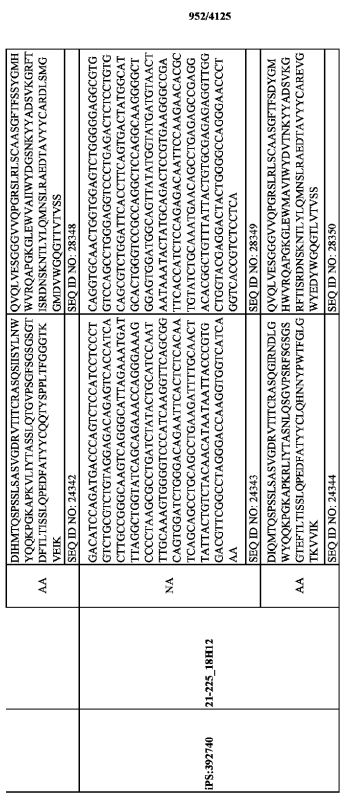
【図５０－７５】



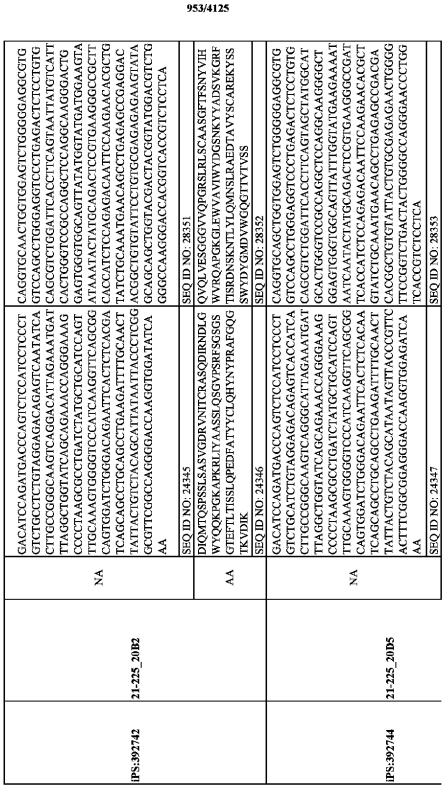
【図５０－７６】



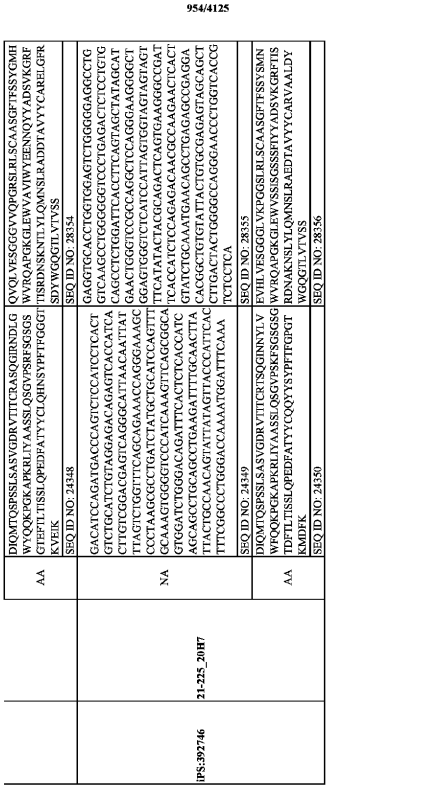
【図５０－７７】



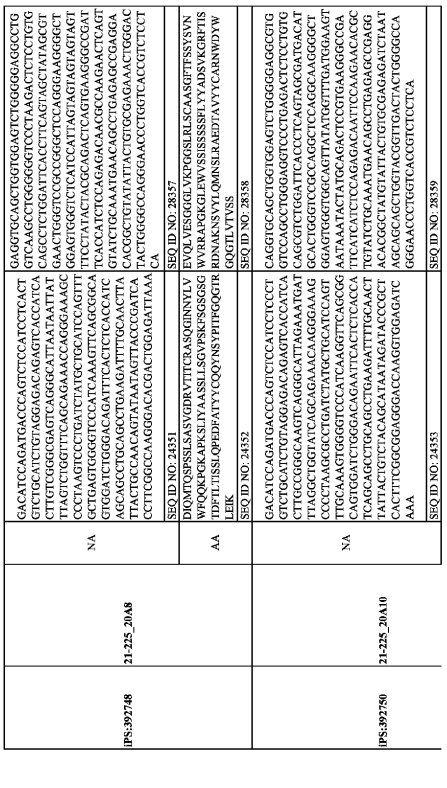
【図５０－７８】



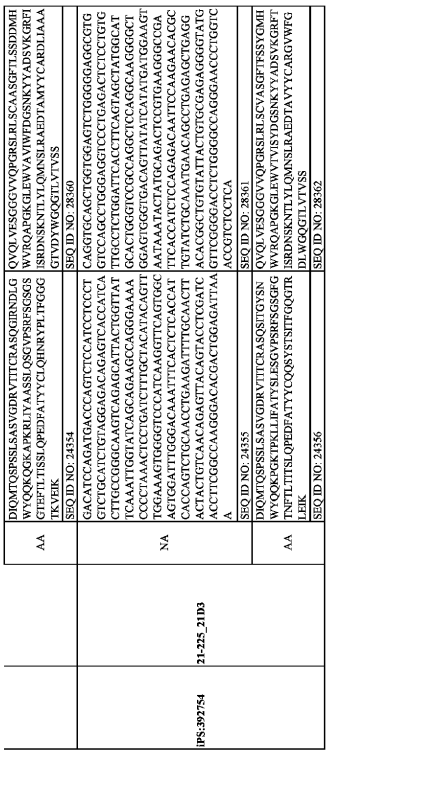
【図５０－７９】



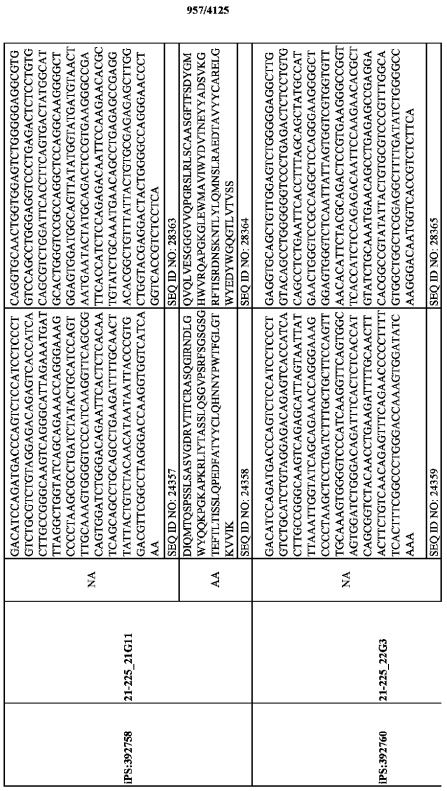
【図５０－８０】



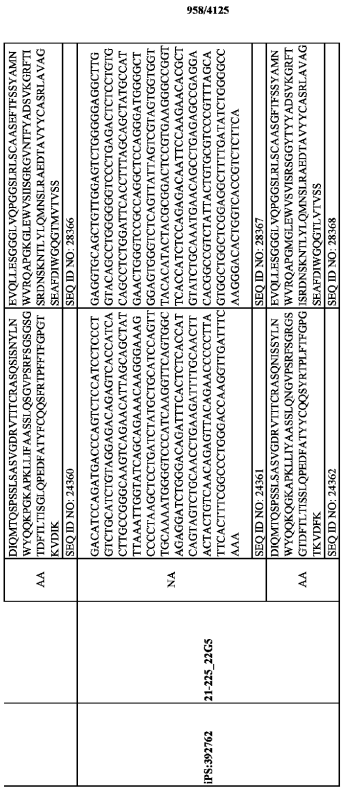
【図５０－８１】



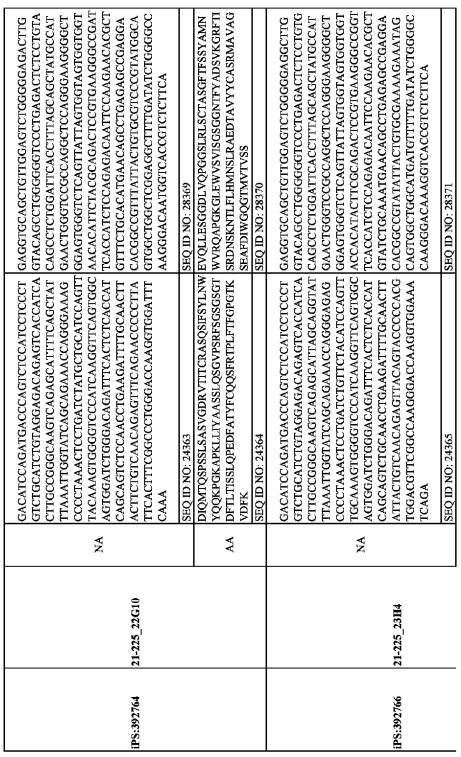
【図５０－８２】



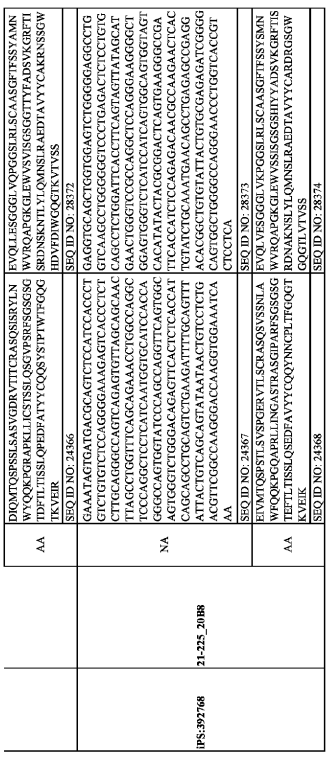
【図５０－８３】



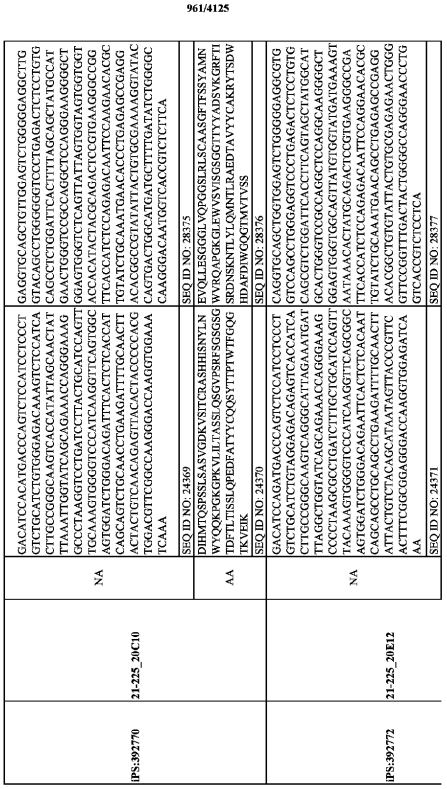
【図５０－８４】



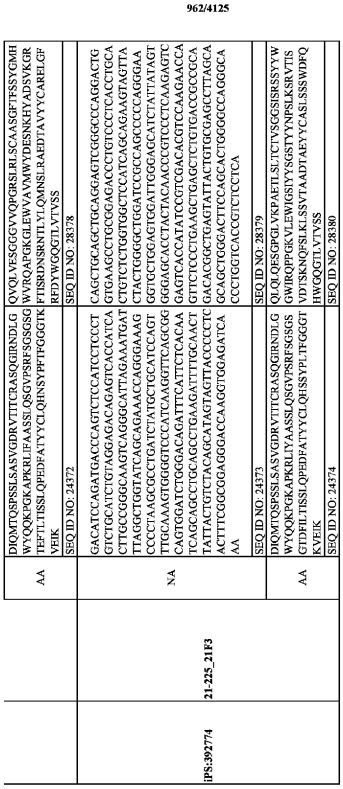
【図５０－８５】



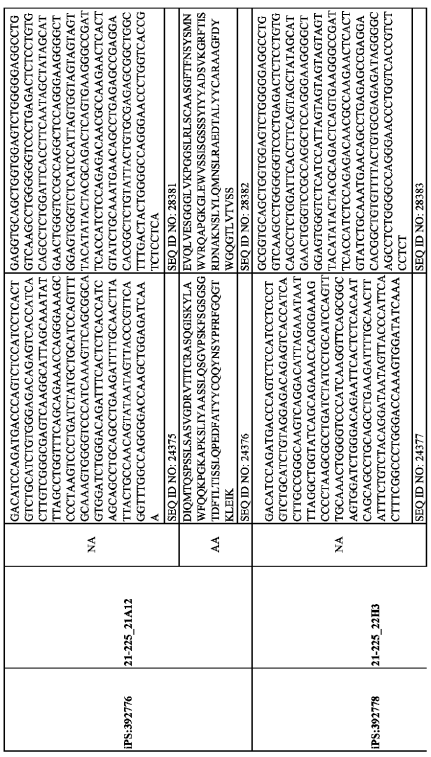
【図５０－８６】



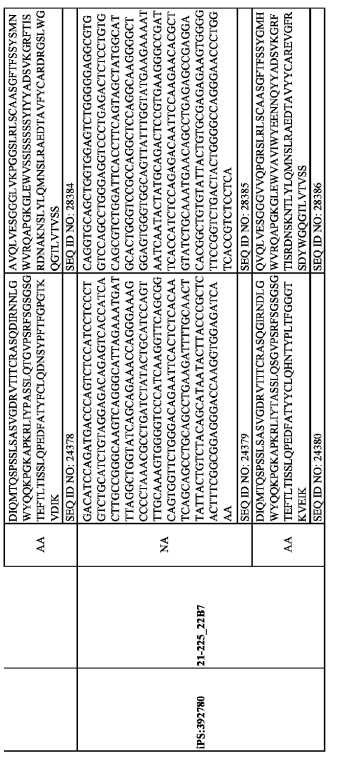
【図５０－８７】



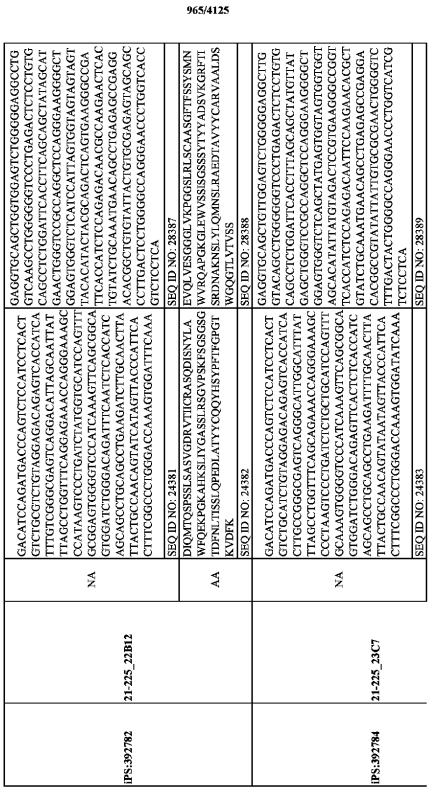
【図５０－８８】



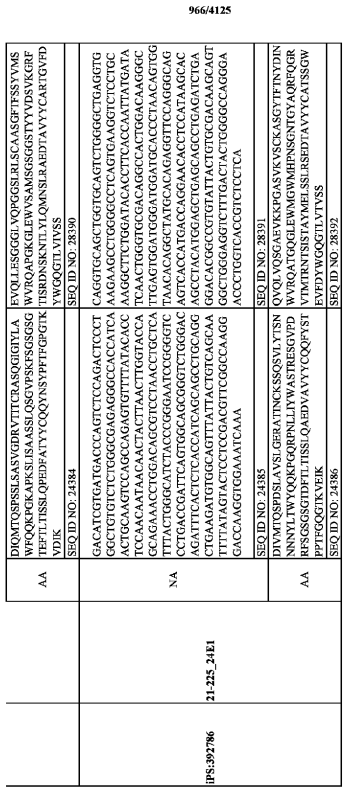
【図５０－８９】



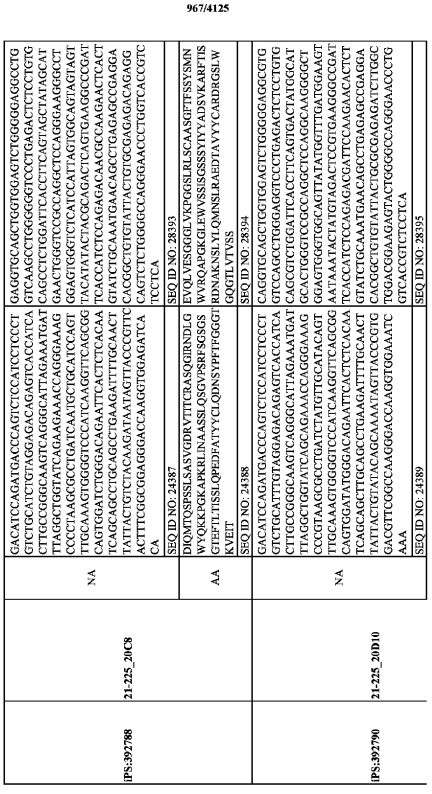
【図５０－９０】



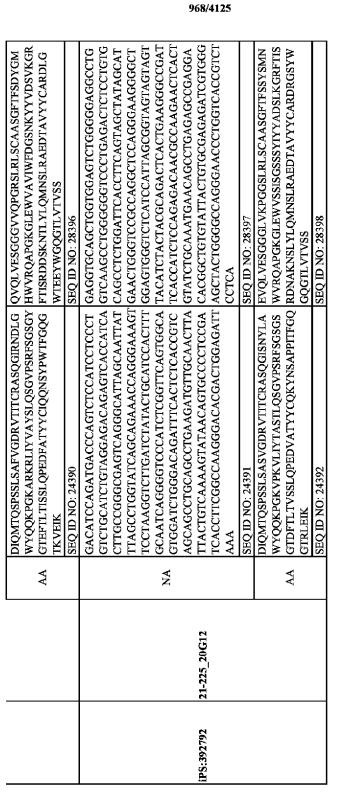
【図５０－９１】



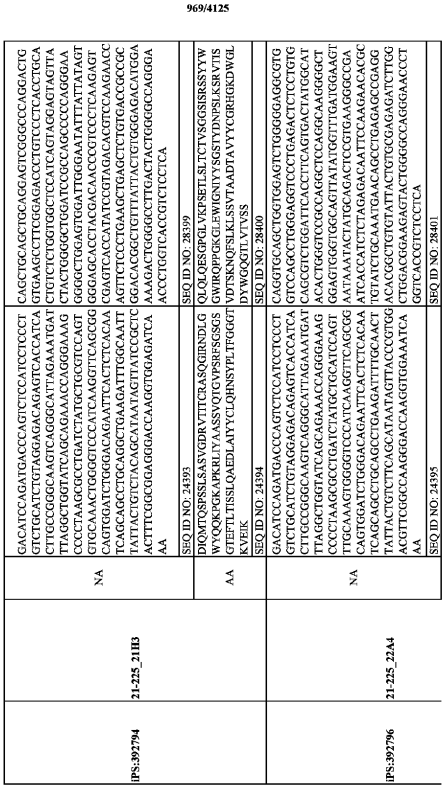
【図５０－９２】



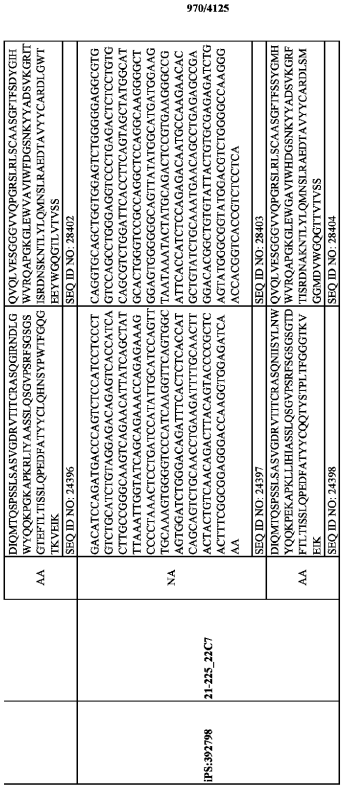
【図５０－９３】



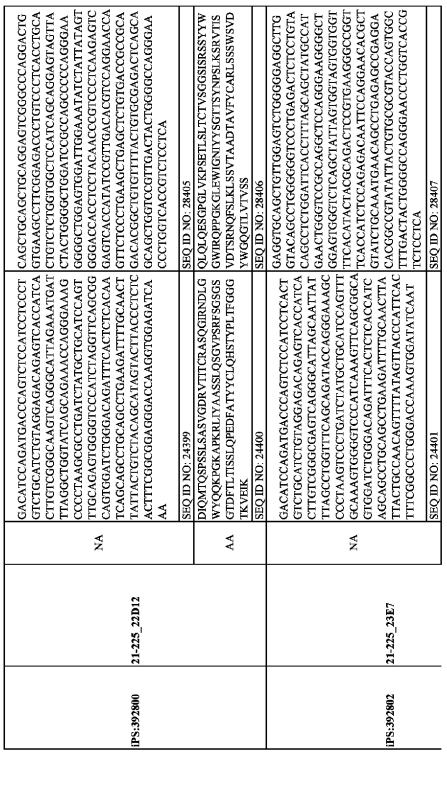
【図５０－９４】



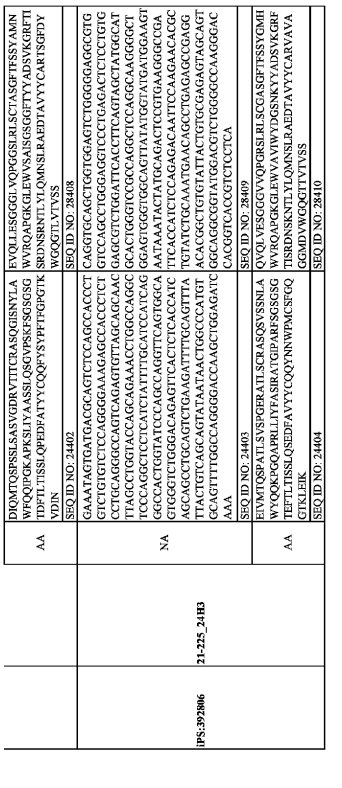
【図５０－９５】



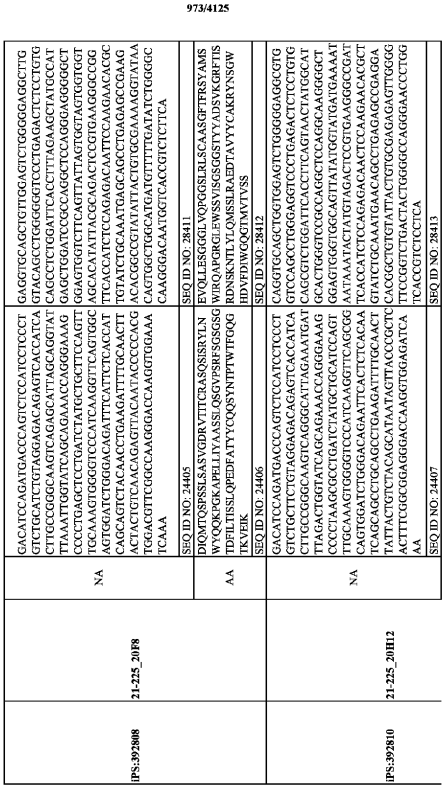
【図５０－９６】



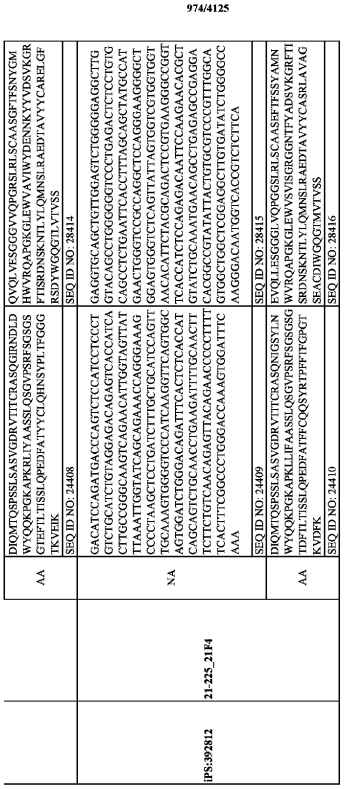
【図５０－９７】



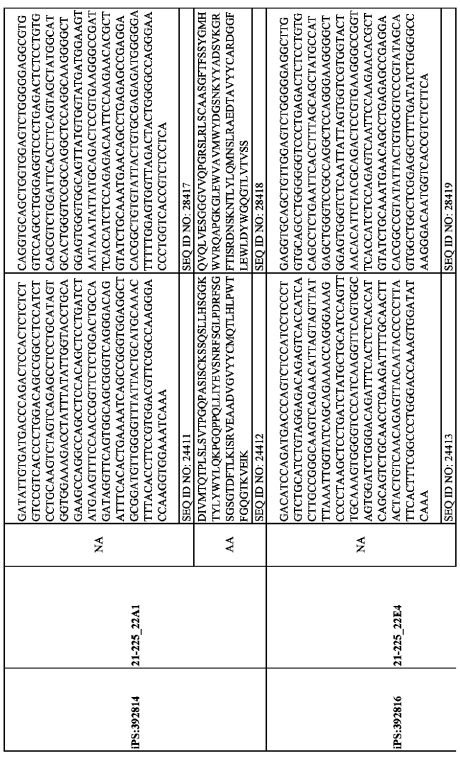
【図５０－９８】



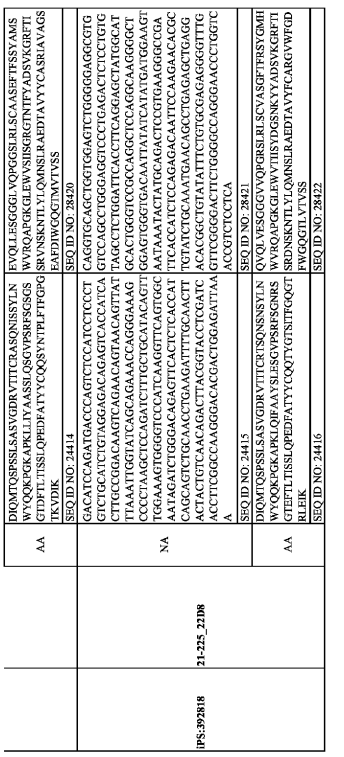
【図５０－９９】



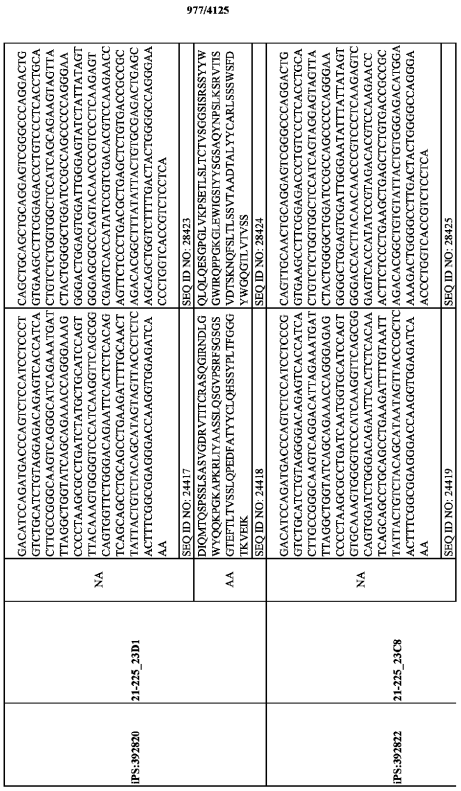
【図５０－１００】



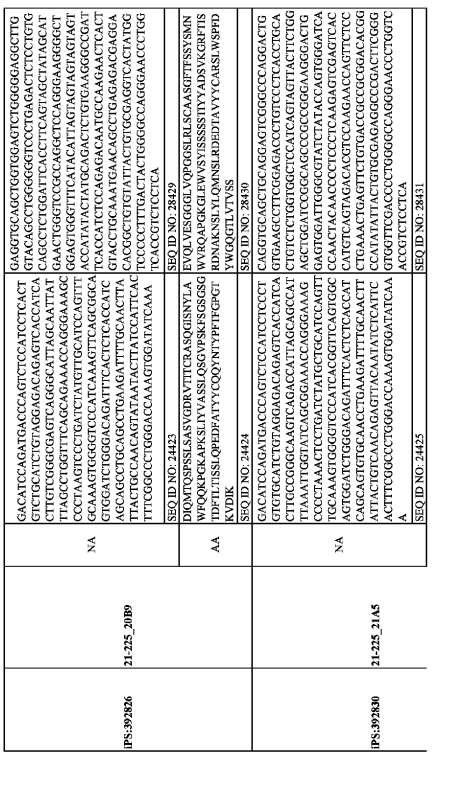
【図５０－１０１】



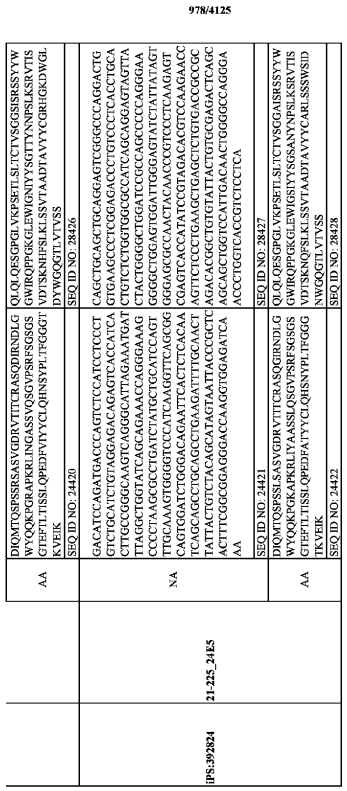
【図５０－１０２】



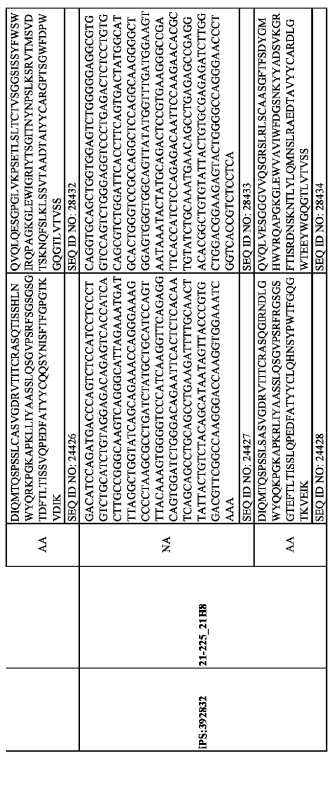
【図５０－１０４】



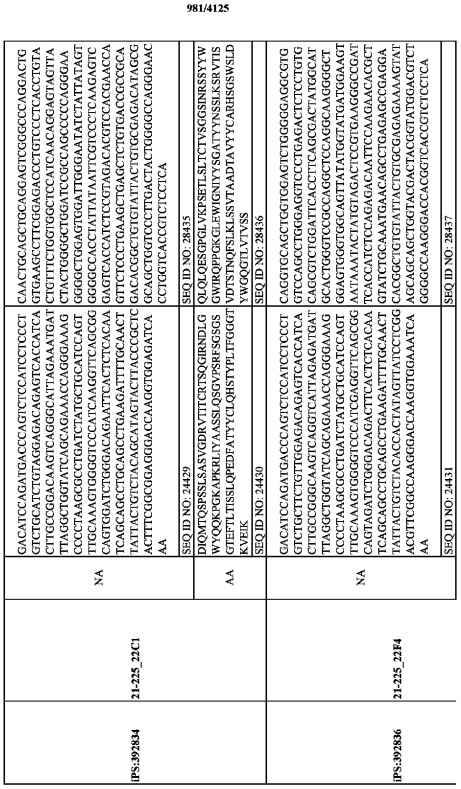
【図５０－１０３】



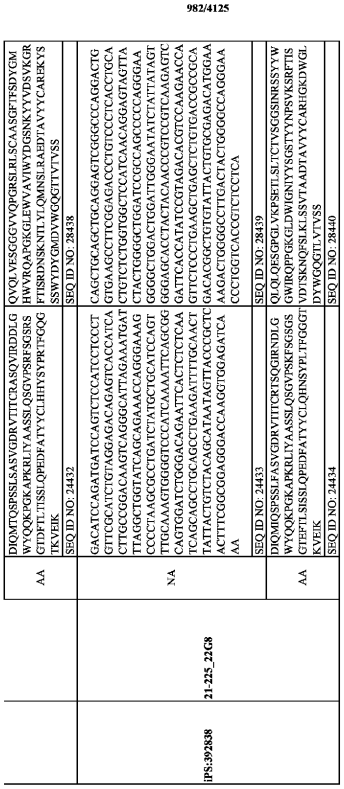
【図５０－１０５】



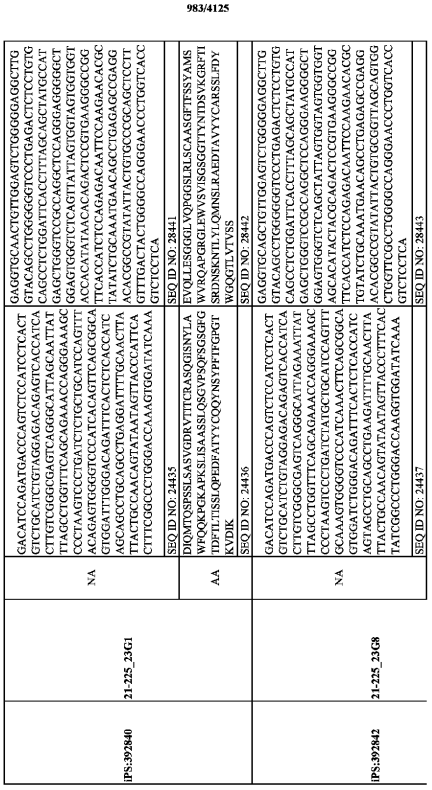
【図５０－１０６】



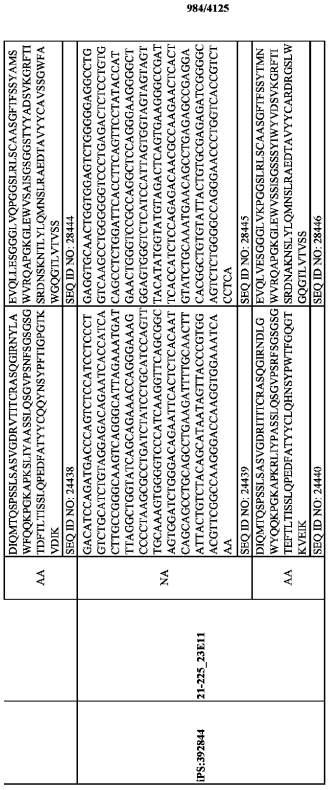
【図５０－１０７】



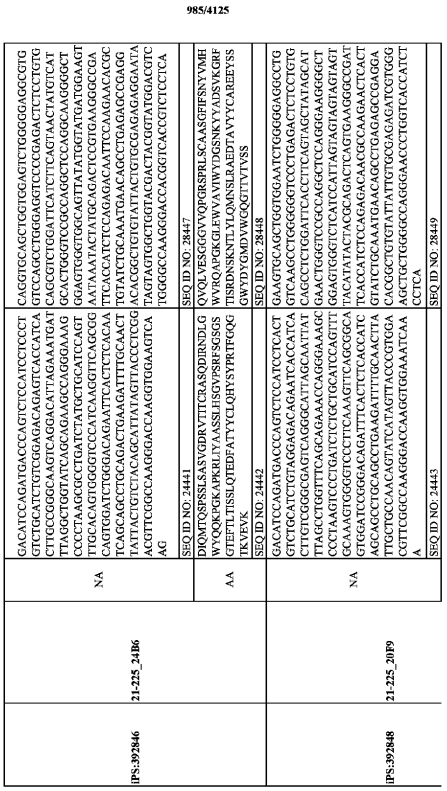
【図５０－１０８】



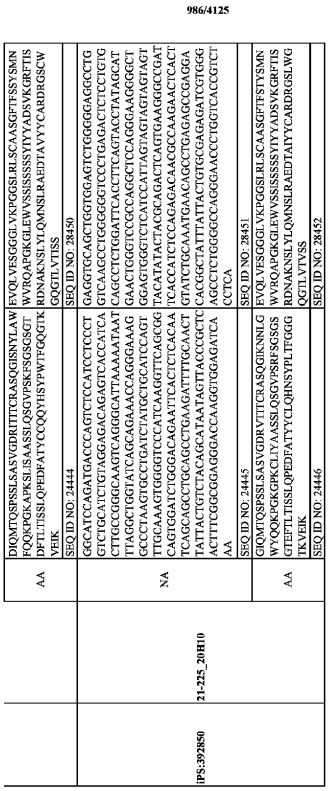
【図５０－１０９】



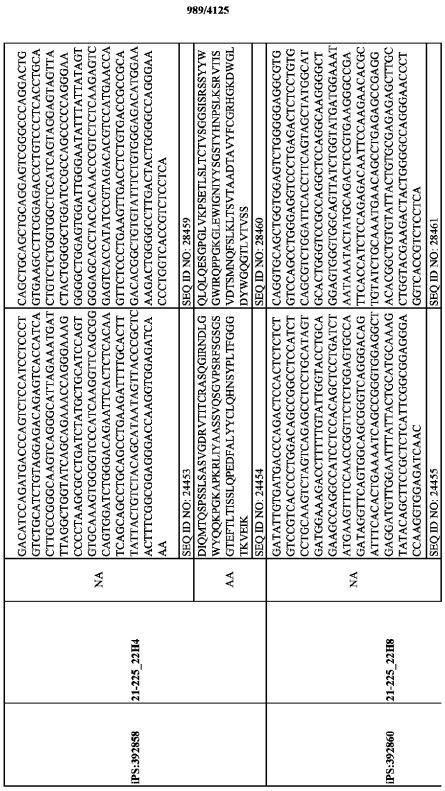
【図５０－１１０】



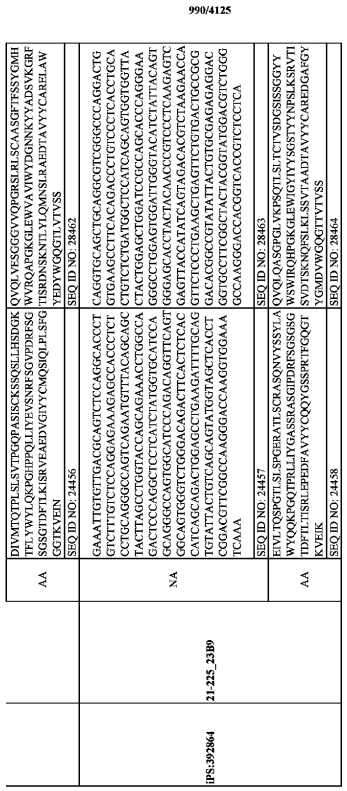
【図５０－１１１】


986/4125
FIGURE 50
IPS:392850
21-225_20H10
NA
GGCATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGTTCCTGATCTACGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTAC
TATTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACACT
TTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 24469
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQGISNYLAW
FQQKPGKAPKSLISAASSLQSGVPSKFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCQQYHSYPWTFGQGTK
VEIK
SEQ ID NO: 24474
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTG
TTCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCA
CTTGCCGGCGACAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCTATCGTGCATCCACTTTAG
GAACTCGGC

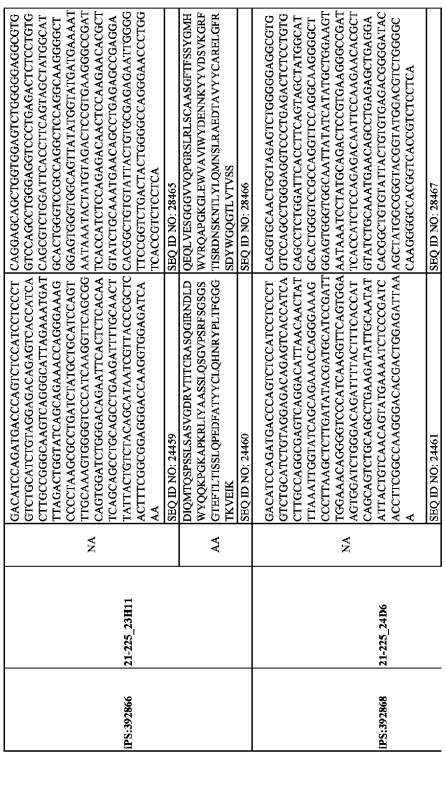
【図５０－１１４】



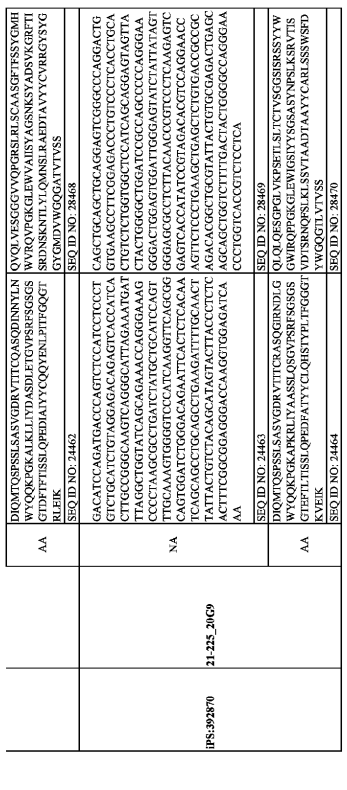
【図５０－１１５】



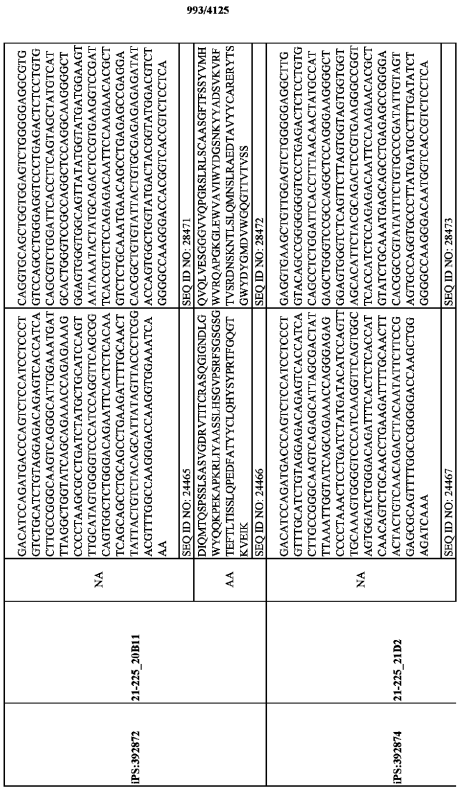
【図５０－１１６】



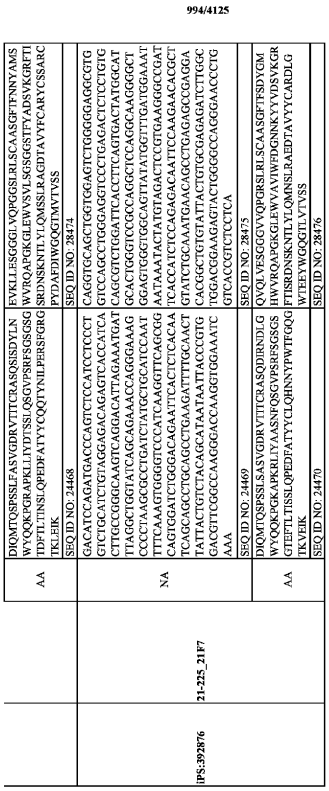
【図５０－１１７】



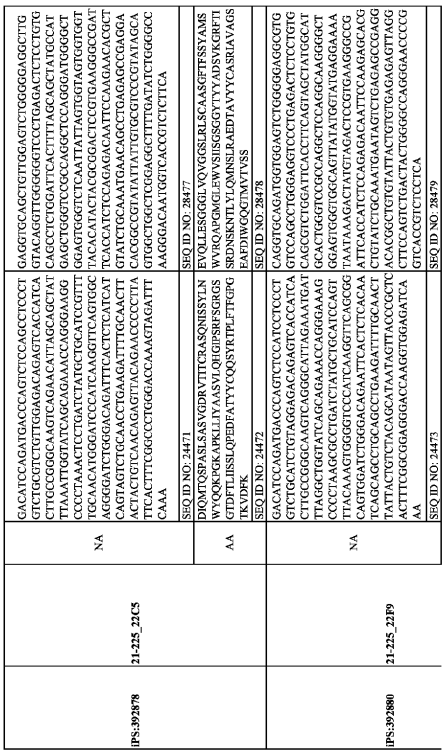
【図５０－１１８】



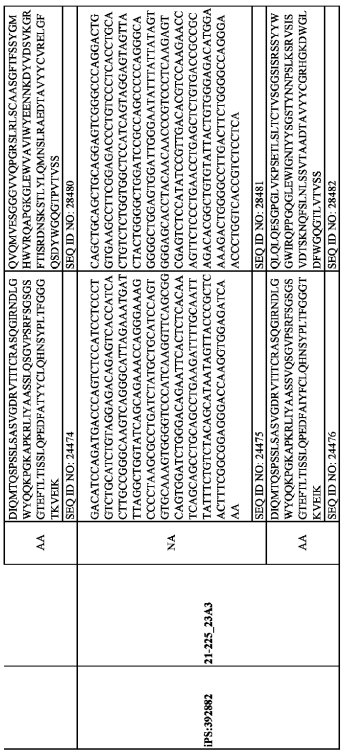
【図５０－１１９】



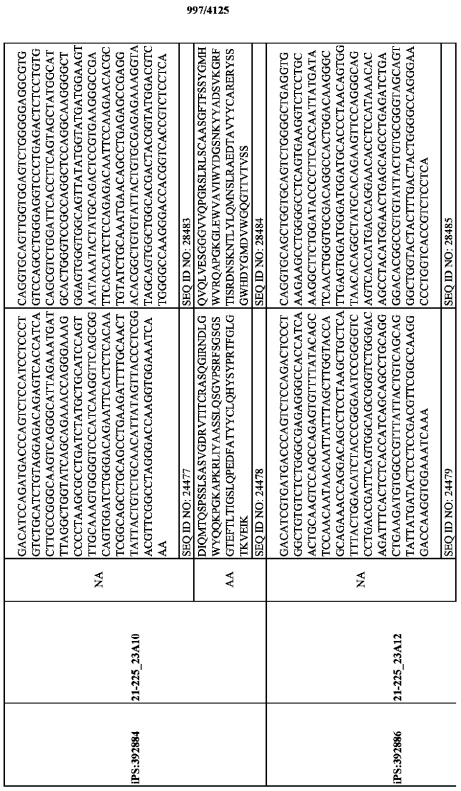
【図５０－１２０】



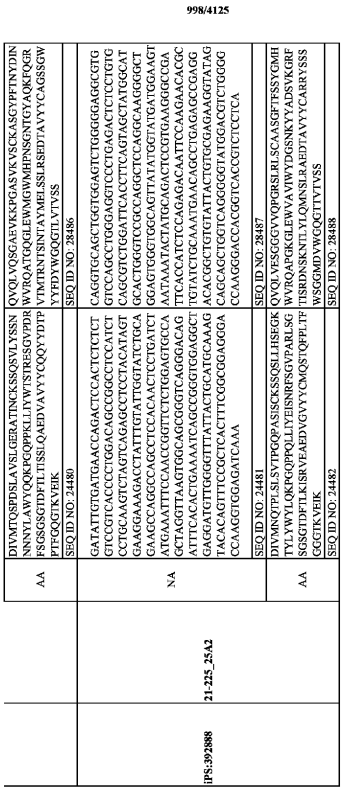
【図５０－１２１】



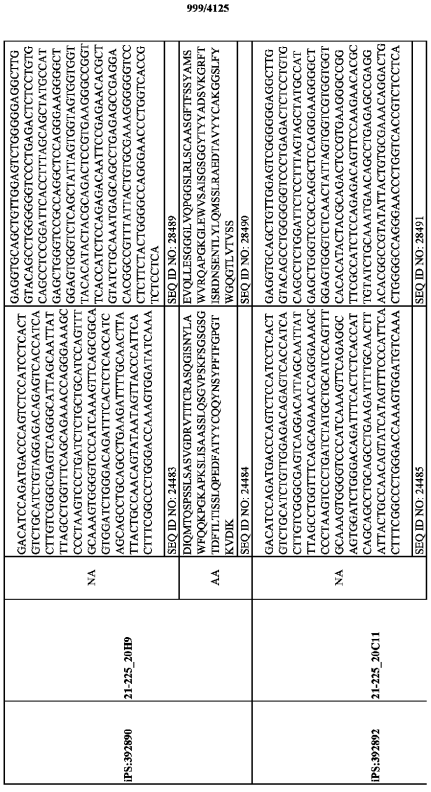
【図５０－１２２】



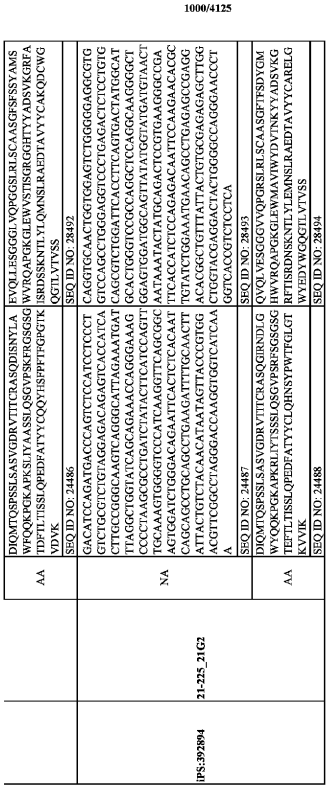
【図５０－１２３】



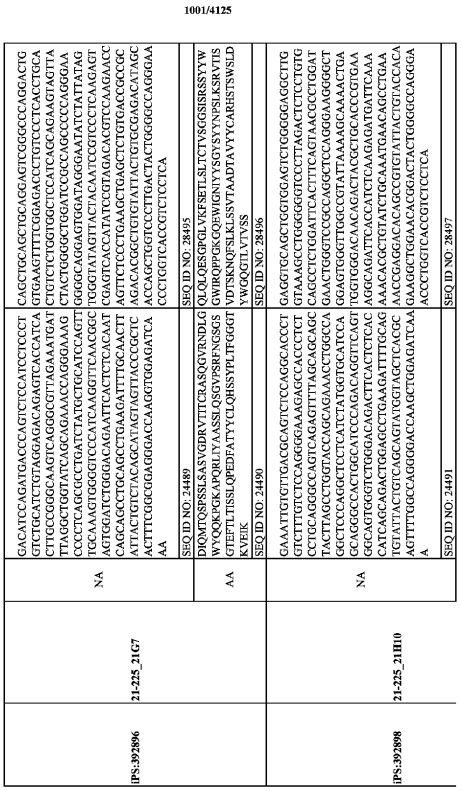
【図５０－１２４】



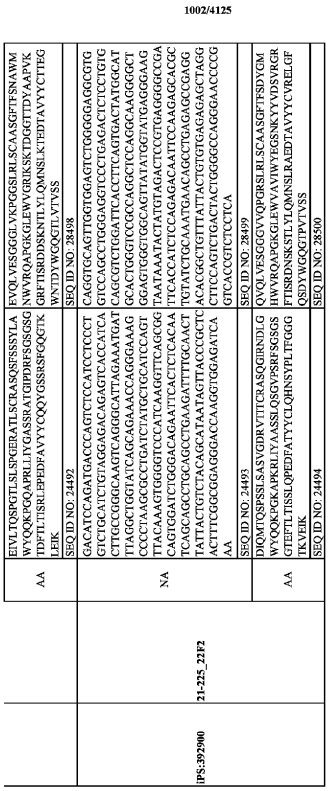
【図５０－１２５】



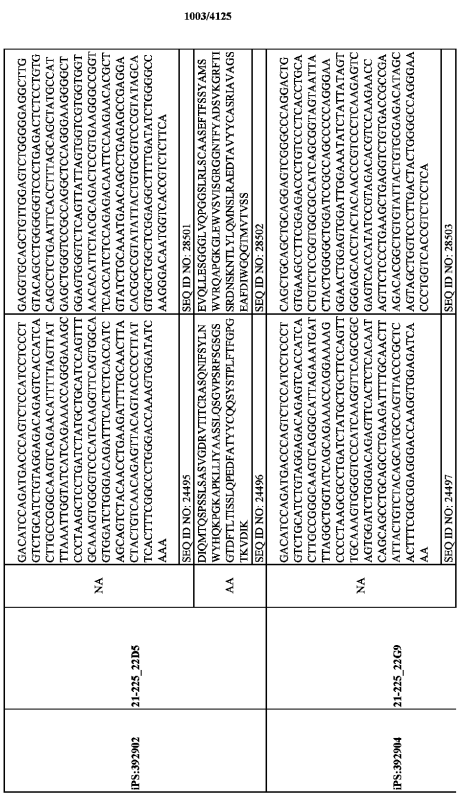
【図５０－１２６】



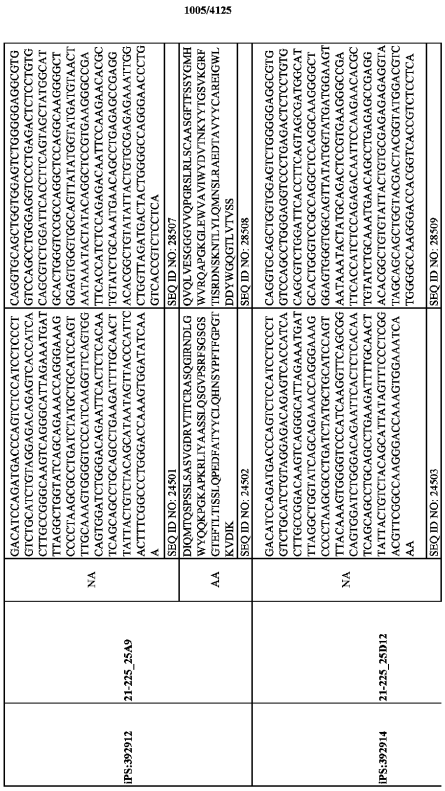
【図５０－１２７】



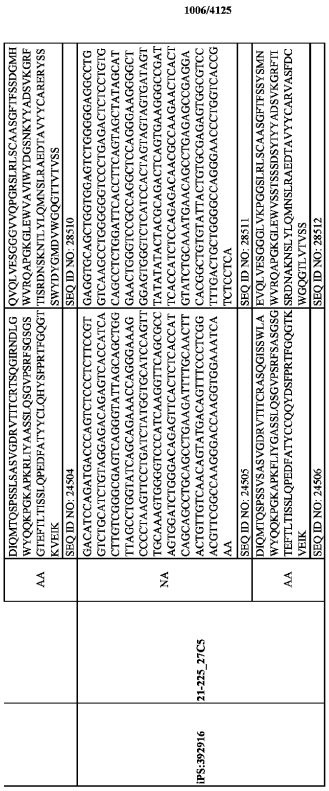
【図５０－１２８】


1003/4125
FIGURE 50
IPS:392902
21-225_22D5
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCTAAGCTCCTGATCTACGCTGCATCCACT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCG
GCAGATGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCA
ACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTT
GCAACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGT
ACCCTCCGTTCACTTTCGGCGGAGGGACCA
AGGTGGAGATCAAACGTGAGTATATCTGGG
GCCGCCAAA
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24494
SEQ ID NO: 28500
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSFSSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSRSFGQGTK
LEIK
SEQ ID NO: 24495
SEQ ID NO: 28501
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSVISGSGGNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKSRLAVAGS
FAFDIWGQGTMVTVSS
SEQ ID NO: 24496
SEQ ID NO: 28502
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCTCCACT
TTGCAAAGCGGCTGATCCAGTGGGGTCCCATC
TGCAAAGTGGAGTCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAGCATTATGATAATCTCCCGTT
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFASYYCLQHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24497
SEQ ID NO: 28503
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGG
GCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTAGTGG
TGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGG
CCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAA
CACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGC
CGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGC
GTGGCTACAGCTATGGTCACTTTGACTACTGG
GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
TCAACTTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGG
GGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGG
ACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTG
GAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCAC
ACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGA
CTCTACTCCCTCAGCAGCGTAGTGACCGTGC
CCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACAT
CTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACC
AAGGTCGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTT
GTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCT
TCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCT
CATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGC
GTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGG
TCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGA
GGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAG
GAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCA
GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCT
GAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCC
AACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAA
CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGA
ACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGG
GATGAGCTGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGA
CCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAG
CCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCG
TGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
CAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGG
CAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGA
TGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCA
GAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA
GTGCGACGGCCGCGACTCTAGAGGATCCCCG
GGTACCGAGCTCGAATTCACTGGCCGTCGTT
TTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCCTGGCG
TTACCCAACTTAATCGCCTTGCAGCACATCC
CCCTTTCGCCAGCTGGCGTAATAGCGAAGAG
GCCCGCACCGATCGCCCTTCCCAACAGTTGC
GCAGCCTGAATGGCGAATGGGACGCGCCCTG
TAGCGGCGCATTAAGCGCGGCGGGTGTGGTG
GTTACGCGCAGCGTGACCGCTACACTTGCCA
GCGCCCTAGCGCCCGCTCCTTTCGCTTTCTT
CCCTTCCTTTCTCGCCACGTTCGCCGGCTTT
CCCCGTCAAGCTCTAAATCGGGGGCTCCCTT
TAGGGTTCCGATTTAGTGCTTTACGGCACCT
CGACCCCAAAAAACTTGATTAGGGTGATGGT
TCACGTAGTGGGCCATCGCCCTGATAGACGG
TTTTTCGCCCTTTGACGTTGGAGTCCACGTT
CTTTAATAGTGGACTCTTGTTCCAAACTGGA
ACAACACTCAACCCTATCTCGGTCTATTCTT
TTGATTTATAAGGGATTTTGCCGATTTCGGC
CTATTGGTTAAAAAATGAGCTGATTTAACAA
AAATTTAACGCGAATTTTAACAAAATATTAA
CGCTTACAATTTCCATTCGCCATTCAGGCTG
CGCAACTGTTGGGAAGGGCGATCGGTGCGGG
CCTCTTCGCTATTACGCCAGCTGGCGAAAGG
GGGATGTGCTGCAAGGCGATTAAGTTGGGTA
ACGCCAGGGTTTTCCCAGTCACGACGTTGTA
AAACGACGGCCAGTGAATTCGAGCTCGGTAC
CCGGGGATCCTCTAGAGTCGACCTGCAGGCA
TGCAAGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTG
TTTCCTGTGTGAAATTGTTATCCGCTCACAA
TTCCACACAACATACGAGCCGGAAGCATAAA
GTGTAAAGCCTGGGGTGCCTAATGAGTGAGC
TAACTCACATTAATTGCGTTGCGCTCACTGC
CCGCTTTCCAGTCGGGAAACCTGTCGTGCCA
GCTGCATTAATGAATCGGCCAACGCGCGGGG
AGAGGCGGTTTGCGTATTGGGCGCTCTTCCG
CTTCCTCGCTCACTGACTCGCTGCGCTCGGT
CGTTCGGCTGCGGCGAGCGGTATCAGCTCAC
TCAAAGGCGGTAATACGGTTATCCACAGAAT
CAGGGGATAACGCAGGAAAGAACATGTGAGC
AAAAGGCCAGCAAAAGGCCAGGAACCGTAAA
AAGGCCGCGTTGCTGGCGTTTTTCCATAGGC
TCCGCCCCCCTGACGAGCATCACAAAAATCG
ACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCCGACA
GGACTATAAAGATACCAGGCGTTTCCCCCTG
GAAGCTCCCTCGTGCGCTCTCCTGTTCCGAC
CCTGCCGCTTACCGGATACCTGTCCGCCTTT
CTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGCTTTCTCATA
GCTCACGCTGTAGGTATCTCAGTTCGGTGTA
GGTCGTTCGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGCAC
GAACCCCCCGTTCAGCCCGACCGCTGCGCCT
TATCCGGTAACTATCGTCTTGAGTCCAACCC
GGTAAGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCA
GCCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGT
ATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAAGTG
GTGGCCTAACTACGGCTACACTAGAAGAACA
GTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAG
TTACCTTCGGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTTG
ATCCGGCAAACAAACCACCGCTGGTAGCGGT
GGTTTTTTGTTTGCAAGCAGCAGATTACGCG
CAGAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGA
TCTTTTCTACGGGGTCTGACGCTCAGTGGAA
CGAAAACTCACGTTAAGGGATTTTGGTCATG
AGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCC
TTTTAAATTAAAAATGAAGTTTTAAATCAAT
CTAAAGTATATATGAGTAAACTTGGTCTGACA
GTTACCAATGCTTAATCAGTGAGGCACCTAT
CTCAGCGATCTGTCTATTTCGTTCATCCATA
GTTGCCTGACTCCCCGTCGTGTAGATAACTA
CGATACGGGAGGGCTTACCATCTGGCCCCAG
TGCTGCAATGATACCGCGAGACCCACGCTCA
CCGGCTCCAGATTTATCAGCAATAAACCAGC
CAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGAAGTGGTC
CTGCAACTTTATCCGCCTCCATCCAGTCTAT
TAATTGTTGCCGGGAAGCTAGAGTAAGTAG
TTCGCCAGTTAATAGTTTGCGCAACGTTGTT
GCCATTGCTACAGGCATCGTGGTGTCACGCT
CGTCGTTTGGTATGGCTTCATTCAGCTCCGG
TTCCCAACGATCAAGGCGAGTTACATGATCC
CCCATGTTGTGCAAAAAAGCGGTTAGCTCCT
TCGGTCCTCCGATCGTTGTCAGAAGTAAGTT
GGCCGCAGTGTTATCACTCATGGTTATGGCA
GCACTGCATAATTCTCTTACTGTCATGCCATC
CGTAAGATGCTTTTCTGTGACTGGTGAGTAC
TCAACCAAGTCATTCTGAGAATAGTGTATGC
GGCGACCGAGTTGCTCTTGCCCGGCGTCAAT
ACGGGATAATACCGCGCCACATAGCAGAACT
TTAAAAGTGCTCATCATTGGAAAACGTTCTT
CGGGGCGAAAACTCTCAAGGATCTTACCGCT
GTTGAGATCCAGTTCGATGTAACCCACTCGT
GCACCCAACTGATCTTCAGCATCTTTTACTT
TCACCAGCGTTTCTGGGTGAGCAAAAACAGG
AAGGCAAAATGCCGCAAAAAAGGGAATAAGG
GCGACACGGAAATGTTGAATACTCATACTCT
TCCTTTTTCAATATTATTGAAGCATTTATCA
GGGTTATTGTCTCATGAGCGGATACATATTT
GAATGTATTTAGAAAAATAAACAAATAGGGG
TTCCGCGCACATTTCCCCGAAAAGTGCCACC
TGACGTCTAAGAAACCATTATTATCATGACA
TTAACCTATAAAAATAGGCGTATCACGAGGC
CCTTTCGTCTTCAAGAATTCGCCCTTAAGCT
TGGTACCGAGCTCGGATCCACTAGTAACGGC
CGCCAGTGTGCTGGAATTCGCCCTTCTCGAG
GCCGGCCGCTTGGGTGGAGAGGCTATTCGG
CTATGACTGGGCACAACAGACAATCGGCTGC
TCTGATGCCGCCGTGTTCCGGCTGTCAGCG
CAGGGGCGCCCGGTTCTTTTTGTCAAGACC
GACCTGTCCGGTGCCCTGAATGAACTGCAG
GACGAGGCAGCGCGGCTATCGTGGCTGGCC
ACGACGGGCGTTCCTTGCGCAGCTGTGCTC
GACGTTGTCACTGAAGCGGGAAGGGACTGG
CTGCTATTGGGCGAAGTGCCGGGGCAGGAT
CTCCTGTCATCTCACCTTGCTCCTGCCGAGA
AAGTATCCATCATGGCTGATGCAATGCGGCG
GCTGCATACGCTTGATCCGGCTACCTGCCCA
TTCGACCACCAAGCGAAACATCGCATCGAGC
GAGCACGTACTCGGATGGAAGCCGGTCTTGT
CGATCAGGATGATCTGGACGAAGAGCATCAG
GGGCTCGCGCCAGCCGAACTGTTCGCCAGGC
TCAAGGCGCGCATGCCCGACGGCGAGGATCT
CGTCGTGACCCATGGCGATGCCTGCTTGCCG
AATATCATGGTGGAAAATGGCCGCTTTTCTG
GATTCATCGACTGTGGCCGGCTGGGTGTGGC
GGACCGCTATCAGGACATAGCGTTGGCTACC
CGTGATATTGCTGAAGAGCTTGGCGGCGAAT
GGGCTGACCGCTTCCTCGTGCTTTACGGTAT
CGCCGCTCCCGATTCGCAGCGCATCGCCTTC
TATCGCCTTCTTGACGAGTTCTTCTGAGCGG
GACTCTGGGGTTCGAAATGACCGACCAAGCG
ACGCCCAACCTGCCATCACGAGATTTCGATT
CCACCGCCGCCTTCTATGAAAGGTTGGGCTT
CGGAATCGTTTTCCGGGACGCCGGCTGGATG
ATCCTCCAGCGCGGGGATCTCATGCTGGAGT
TCTTCGCCCACCCCAACTTGTTTATTGCAGC
TTATAATGGTTACAAATAAAGCAATAGCATC
ACAAATTTCACAAATAAAGCATTTTTTTCAC
TGCATTCTAGTTGTGGTTTGTCCAAACTCAT
CAATGTATCTTATCATGTCTGTATACCGTCG
ACCTCTAGCTAGAGCTTGGCGTAATCATGGT
CATAGCTGTTTCCTGTGTGAAATTGTTATCC
GCTCACAATTCCACACAACATACGAGCCGGA
AGCATAAAGTGTAAAGCCTGGGGTGCCTAA
TGAGTGAGCTAACTCACATTAATTGCGTTGC
GCTCACTGCCCGCTTTCCAGTCGGGAAACCT
GTCGTGCCAGCTGCATTAATGAATCGGCCAA
CGCGCGGGGAGAGGCGGTTTGCGTATTGGG
CGCTCTTCCGCTTCCTCGCTCACTGACTCG
CTGCGCTCGGTCGTTCGGCTGCGGCGAGCG
GTATCAGCTCACTCAAAGGCGGTAATACGG
TTATCCACAGAATCAGGGGATAACGCAGGA
AAGAACATGTGAGCAAAAGGCCAGCAAAAG
GCCAGGAACCGTAAAAAGGCCGCGTTGCTG
GCGTTTTTCCATAGGCTCCGCCCCCCTGAC
GAGCATCACAAAAATCGACGCTCAAGTCAG
AGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAAGA
TACCAGGCGTTTCCCCCTGGAAGCTCCCTC
GTGCGCTCTCCTGTTCCGACCCTGCCGCTT
ACCGGATACCTGTCCGCCTTTCTCCCTTCG
GGAAGCGTGGCGCTTTCTCATAGCTCACGC
TGTAGGTATCTCAGTTCGGTGTAGGTCGTT
CGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCC
CCCGTTCAGCCCGACCGCTGCGCCTTATCC
GGTAACTATCGTCTTGAGTCCAACCCGGTA
AGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCAGCC
ACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTAT
GTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAAGTGG
TGGCCTAACTACGGCTACACTAGAAGAACA
GTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCA
GTTACCTTCGGAAAAAGAGTTGGTAGCTCT
TGATCCGGCAAACAAACCACCGCTGGTAGC
GGTGGTTTTTTGTTTGCAAGCAGCAGATTA
CGCGCAGAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCC
TTTGATCTTTTCTACGGGGTCTGACGCTCA
GTGGAACGAAAACTCACGTTAAGGGATTTT
GGTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCAC
CTAGATCCTTTTAAATTAAAAATGAAGTTT
TAAATCAATCTAAAGTATATATGAGTAAACT
TGGTCTGACAGTTACCAATGCTTAATCAGT
GAGGCACCTATCTCAGCGATCTGTCTATTT
CGTTCATCCATAGTTGCCTGACTCCCCGTC
GTGTAGATAACTACGATACGGGAGGGCTTA
CCATCTGGCCCCAGTGCTGCAATGATACCG
CGAGACCCACGCTCACCGGCTCCAGATTTA
TCAGCAATAAACCAGCCAGCCGGAAGGGCC
GAGCGCAGAAGTGGTCCTGCAACTTTATCC
GCCTCCATCCAGTCTATTAATTGTTGCCGG
GAAGCTAGAGTAAGTAGTTCGCCAGTTAAT
AGTTTGCGCAACGTTGTTGCCATTGCTACA
GGCATCGTGGTGTCACGCTCGTCGTTTGGT
ATGGCTTCATTCAGCTCCGGTTCCCAACGA
TCAAGGCGAGTTACATGATCCCCCATGTTG
TGCAAAAAAGCGGTTAGCTCCTTCGGTCCT
CCGATCGTTGTCAGAAGTAAGTTGGCCGCA
GTGTTATCACTCATGGTTATGGCAGCACTG
CATAATTCTCTTACTGTCATGCCATCCGTA
AGATGCTTTTCTGTGACTGGTGAGTACTCA
ACCAAGTCATTCTGAGAATAGTGTATGCGG
CGACCGAGTTGCTCTTGCCCGGCGTCAATA
CGGGATAATACCGCGCCACATAGCAGAACT
TTAAAAGTGCTCATCATTGGAAAACGTTCT
TCGGGGCGAAAACTCTCAAGGATCTTACCG
CTGTTGAGATCCAGTTCGATGTAACCCACT
CGTGCACCCAACTGATCTTCAGCATCTTTT
ACTTTCACCAGCGTTTCTGGGTGAGCAAAA
ACAGGAAGGCAAAATGCCGCAAAAAAGGGA
ATAAGGGCGACACGGAAATGTTGAATACTC
ATACTCTTCCTTTTTCAATATTATTGAAGC
ATTTATCAGGGTTATTGTCTCATGAGCGGA
TACATATTTGAATGTATTTAGAAAAATAAA
CAAATAGGGGTTCCGCGCACATTTCCCCGA
AAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAACCATT
ATTATCATGACATTAACCTATAAAAATAGG
CGTATCACGAGGCCCTTTCGTCTTCAAGAA
TTCGCCCTTAAGCTTGGTACCGAGCTCGGA
TCCACTAGTAACGGCCGCCAGTGTGCTGGA
ATTCGCCCTTCTCGAGGCCGGCCGCTTGGG
TGGAGAGGCTATTCGGCTATGACTGGGCAC
AACAGACAATCGGCTGCTCTGATGCCGCCG
TGTTCCGGCTGTCAGCGCAGGGGCGCCCGG
TTCTTTTTGTCAAGACCGACCTGTCCGGTG
CCCTGAATGAACTGCAGGACGAGGCAGCGC
GGCTATCGTGGCTGGCCACGACGGGCGTTC
CTTGCGCAGCTGTGCTCGACGTTGTCACTG
AAGCGGGAAGGGACTGGCTGCTATTGGGCG
AAGTGCCGGGGCAGGATCTCCTGTCATCTC
ACCTTGCTCCTGCCGAGAAAGTATCCATCA
TGGCTGATGCAATGCGGCGGCTGCATACGC
TTGATCCGGCTACCTGCCCATTCGACCACC
AAGCGAAACATCGCATCGAGCGAGCACGTA
CTCGGATGGAAGCCGGTCTTGTCGATCAGG
ATGATCTGGACGAAGAGCATCAGGGGCTCG
CGCCAGCCGAACTGTTCGCCAGGCTCAAGG
CGCGCATGCCCGACGGCGAGGATCTCGTCG
TGACCCATGGCGATGCCTGCTTGCCGAATA
TCATGGTGGAAAATGGCCGCTTTTCTGGAT
TCATCGACTGTGGCCGGCTGGGTGTGGCGG
ACCGCTATCAGGACATAGCGTTGGCTACCC
GTGATATTGCTGAAGAGCTTGGCGGCGAAT
GGGCTGACCGCTTCCTCGTGCTTTACGGTA
TCGCCGCTCCCGATTCGCAGCGCATCGCCT
TCTATCGCCTTCTTGACGAGTTCTTCTGAG
CGGGACTCTGGGGTTCGAAATGACCGACCA
AGCGACGCCCAACCTGCCATCACGAGATTT
CGATTCCACCGCCGCCTTCTATGAAAGGTT
GGGCTTCGGAATCGTTTTCCGGGACGCCGG
CTGGATGATCCTCCAGCGCGGGGATCTCAT
GCTGGAGTTCTTCGCCCACCCCAACTTGTT
TATTGCAGCTTATAATGGTTACAAATAAAG
CAATAGCATCACAAATTTCACAAATAAAGC
ATTTTTTTCACTGCATTCTAGTTGTGGTTT
GTCCAAACTCATCAATGTATCTTATCATGT
CTGTATACCGTCGACCTCTAGCTAGAGCTT
GGCGTAATCATGGTCATAGCTGTTTCCTGT
GTGAAATTGTTATCCGCTCACAATTCCACA
CAACATACGAGCCGGAAGCATAAAGTGTAA
AGCCTGGGGTGCCTAATGAGTGAGCTAACT
CACATTAATTGCGTTGCGCTCACTGCCCGC
TTTCCAGTCGGGAAACCTGTCGTGCCAGCT
GCATTAATGAATCGGCCAACGCGCGGGGAG
AGGCGGTTTGCGTATTGGGCGCTCTTCCGC
TTCCTCGCTCACTGACTCGCTGCGCTCGGT
CGTTCGGCTGCGGCGAGCGGTATCAGCTCA
CTCAAAGGCGGTAATACGGTTATCCACAGA
ATCAGGGGATAACGCAGGAAAGAACATGTG
AGCAAAAGGCCAGCAAAAGGCCAGGAACCG
TAAAAAGGCCGCGTTGCTGGCGTTTTTCCA
TAGGCTCCGCCCCCCTGACGAGCATCACAA
AAATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAA
CCCGACAGGACTATAAAGATACCAGGCGTT
TCCCCCTGGAAGCTCCCTCGTGCGCTCTCC
TGTTCCGACCCTGCCGCTTACCGGATACCT
GTCCGCCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGC
GCTTTCTCATAGCTCACGCTGTAGGTATCT
CAGTTCGGTGTAGGTCGTTCGCTCCAAGCT
GGGCTGTGTGCACGAACCCCCCGTTCAGCC
CGACCGCTGCGCCTTATCCGGTAACTATCG
TCTTGAGTCCAACCCGGTAAGACACGACTT
ATCGCCACTGGCAGCAGCCACTGGTAACAG
GATTAGCAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGC
TACAGAGTTCTTGAAGTGGTGGCCTAACTA
CGGCTACACTAGAAGAACAGTATTTGGTAT
CTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGG
AAAAAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGGCAA
ACAAACCACCGCTGGTAGCGGTGGTTTTTT
GTTTGCAAGCAGCAGATTACGCGCAGAAAA
AAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTTTT
CTACGGGGTCTGACGCTCAGTGGAACGAAA
ACTCACGTTAAGGGATTTTGGTCATGAGAT
TATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTT
TAAATTAAAAATGAAGTTTTAAATCAATCT
AAAGTATATATGAGTAAACTTGGTCTGACA
GTTACCAATGCTTAATCAGTGAGGCACCTA
TCTCAGCGATCTGTCTATTTCGTTCATCCA
TAGTTGCCTGACTCCCCGTCGTGTAGATAA
CTACGATACGGGAGGGCTTACCATCTGGCC
CCAGTGCTGCAATGATACCGCGAGACCCAC
GCTCACCGGCTCCAGATTTATCAGCAATAA
ACCAGCCAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGA
AGTGGTCCTGCAACTTTATCCGCCTCCATC
CAGTCTATTAATTGTTGCCGGGAAGCTAGA
GTAAGTAGTTCGCCAGTTAATAGTTTGCGC
AACGTTGTTGCCATTGCTACAGGCATCGTG
GTGTCACGCTCGTCGTTTGGTATGGCTTCA
TTCAGCTCCGGTTCCCAACGATCAAGGCGA
GTTACATGATCCCCCATGTTGTGCAAAAAA
GCGGTTAGCTCCTTCGGTCCTCCGATCGTT
GTCAGAAGTAAGTTGGCCGCAGTGTTATCA
CTCATGGTTATGGCAGCACTGCATAATTCT
CTTACTGTCATGCCATCCGTAAGATGCTTT
TCTGTGACTGGTGAGTACTCAACCAAGTCA
TTCTGAGAATAGTGTATGCGGCGACCGAGT
TGCTCTTGCCCGGCGTCAATACGGGATAAT
ACCGCGCCACATAGCAGAACTTTAAAAGTG
CTCATCATTGGAAAACGTTCTTCGGGGCGA
AAACTCTCAAGGATCTTACCGCTGTTGAGA
TCCAGTTCGATGTAACCCACTCGTGCACCC
AACTGATCTTCAGCATCTTTTACTTTCACC
AGCGTTTCTGGGTGAGCAAAAACAGGAAGG
CAAAATGCCGCAAAAAAGGGAATAAGGGCG
ACACGGAAATGTTGAATACTCATACTCTTC
CTTTTTCAATATTATTGAAGCATTTATCAG
GGTTATTGTCTCATGAGCGGATACATATTT
GAATGTATTTAGAAAAATAAACAAATAGGG
GTTCCGCGCACATTTCCCCGAAAAGTGCCA
CCTGACGTCTAAGAAACCATTATTATCATG
ACATTAACCTATAAAAATAGGCGTATCACG
AGGCCCTTTCGTCTTCAAGAATTCGCCCTT
AAGCTTGGTACCGAGCTCGGATCCACTAGT
AACGGCCGCCAGTGTGCTGGAATTCGCCCT
TCTCGAGGCCGGCCGCTTGGGTGGAGAGG
CTATTCGGCTATGACTGGGCACAACAGACA
ATCGGCTGCTCTGATGCCGCCGTGTTCCGG
CTGTCAGCGCAGGGGCGCCCGGTTCTTTT
TGTCAAGACCGACCTGTCCGGTGCCCTGA
ATGAACTGCAGGACGAGGCAGCGCGGCTA
TCGTGGCTGGCCACGACGGGCGTTCCTTG
CGCAGCTGTGCTCGACGTTGTCACTGAAG
CGGGAAGGGACTGGCTGCTATTGGGCGAA
GTGCCGGGGCAGGATCTCCTGTCATCTCA
CCTTGCTCCTGCCGAGAAAGTATCCATCA
TGGCTGATGCAATGCGGCGGCTGCATACG
CTTGATCCGGCTACCTGCCCATTCGACCA
CCAAGCGAAACATCGCATCGAGCGAGCAC
GTACTCGGATGGAAGCCGGTCTTGTCGAT
CAGGATGATCTGGACGAAGAGCATCAGGG
GCTCGCGCCAGCCGAACTGTTCGCCAGGC
TCAAGGCGCGCATGCCCGACGGCGAGGAT
CTCGTCGTGACCCATGGCGATGCCTGCTTG
CCGAATATCATGGTGGAAAATGGCCGCTT
TTCTGGATTCATCGACTGTGGCCGGCTGG
GTGTGGCGGACCGCTATCAGGACATAGCG
TTGGCTACCCGTGATATTGCTGAAGAGCT
TGGCGGCGAATGGGCTGACCGCTTCC

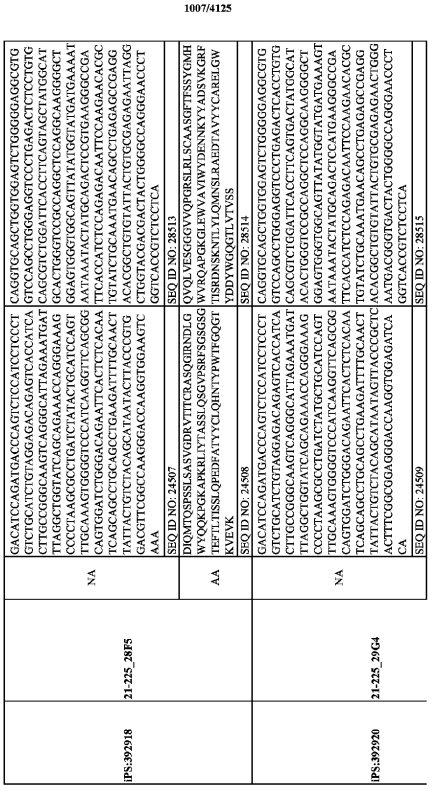
【図５０－１３０】



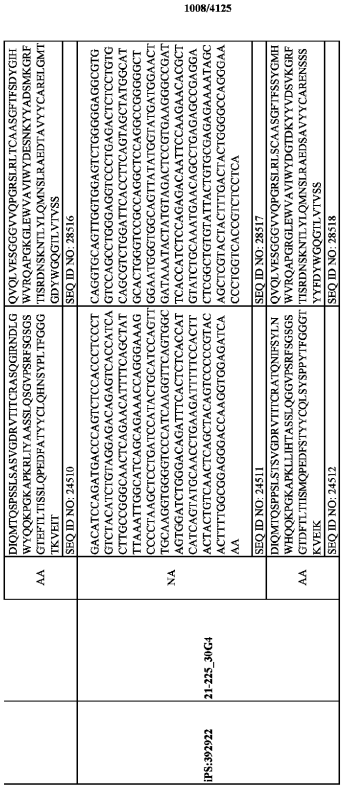
【図５０－１３１】



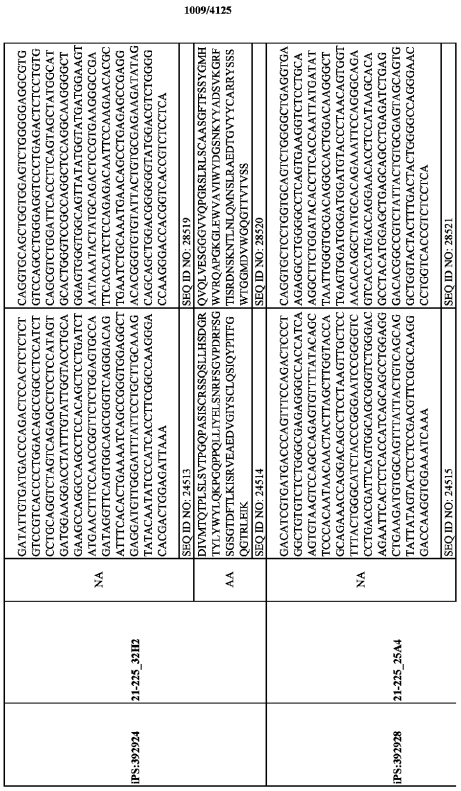
【図５０－１３２】



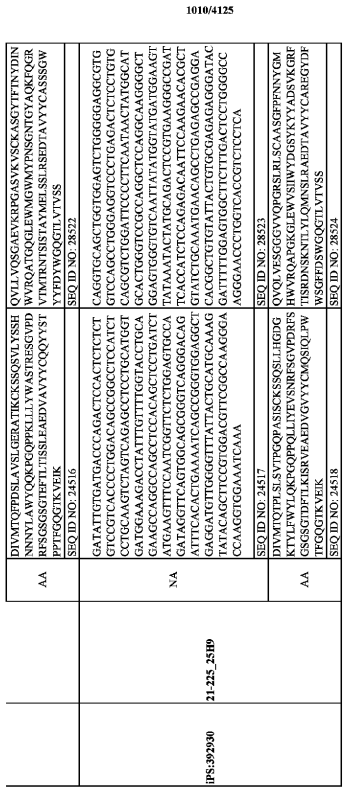
【図５０－１３３】



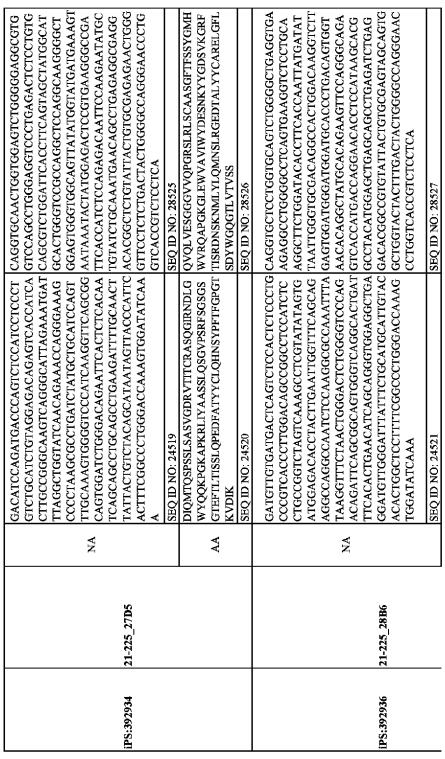
【図５０－１３４】



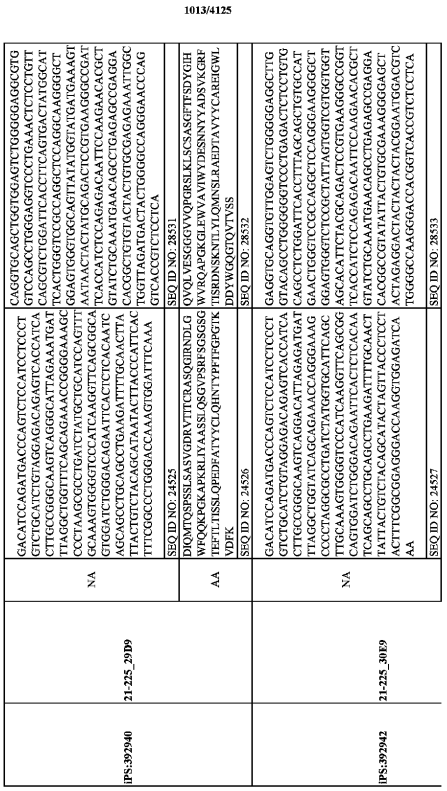
【図５０－１３５】



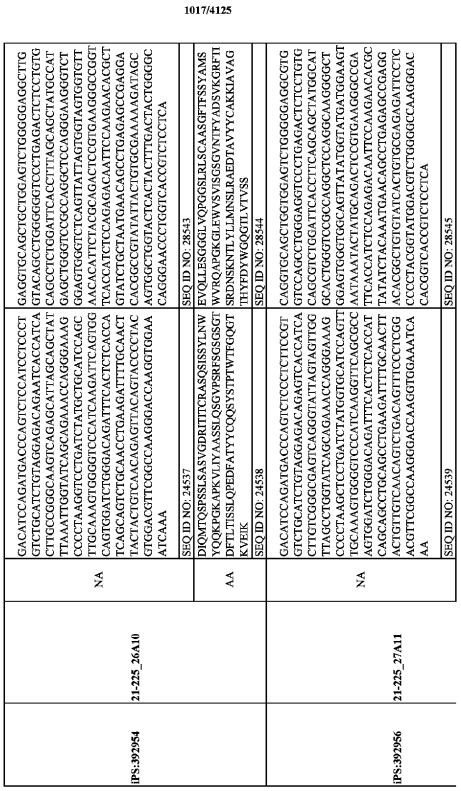
【図５０－１３６】


1011/4125
FIGURE 50
IPS:392936
21-225_28B6
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCCACTCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAACAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24519
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 24520
NA
GAGTGTTGTTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG
CCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTC
CTGCCGGTCTAGTCAAAGCCTCGTATATAGTG
ATGCGAGACAACTACTTGTTTTCAGCAG
AGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCCAAATTTA
ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT
TTCACACTGAGAATCAGCAGGTGGAGGCTGA
GGATGTTGGGGATTTATTCTGCAATGCAATTGT
ACACTGGCTCCTTTTCGGCCCTGGGACCAAAG
TGGATATCAAA
SEQ ID NO: 24521
AA
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG
DTYLNWFQQRPGQSPRRQIYKVSNWDSGVPDRF
SGSGSGTDFTLNISRVEAEDVGIYFCMHCTHWLL
FGPGTKVDIK
SEQ ID NO: 24522
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGT
GATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATTTGGATCTAACCGGGCCTCCGGGGTCCCTG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TATACAGACTCCGTTCACTTTCGGCGGAGGGA
CCAAGGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 24523
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDG
KTYLYWFLQKPGQPPQLLIFEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQIPPT
FGQGTRVEIK
SEQ ID NO: 24524
21-225_27D5
NA
CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTCAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGTTATGCA
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAAG
CACGACTGGAGTACGGTATGGACGTCTGGGGC
CAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24525
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDG
KTYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQLPWT
FGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 24526
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGT
GATGGAAAGACCTATTTGTTTTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCT
ATGAAGTTTCCAATCCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCGGCAGCGGGTCAGGCACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TATACAGCTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGA
CCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 24527
AA
DIVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG
DTYLNWFQQRPGQSPRRQIYKVSNWDSGVPDRF
SGSGSGTDFTLNISRVEAEDVGVYYCMHCTHWLL
FGPGTKVDIK
SEQ ID NO: 24528
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGT
GATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATTTGGATCTAACCGGGCCTCCGGGGTCCCTG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TATACAGCTCCGTTCACTTTCGGCGGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 24529
AA
DIVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG
DTYLNWFQQRPGQSPRRQIYKVSNWDSGVPDRF
SGSGSGTDFTLNISRVEAEDVGVYYCMHCTHWLL
FGPGTKVDIK
SEQ ID NO: 24530
21-225_25H9
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGT
GATGGAAAGACCTATTTGTTTTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCT
ATGAAGTTTCCAATCCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCGGCAGCGGGTCAGGCACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TATACAGCTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGA
CCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 24531
AA
DIVMTQFPDSLAVSLGERATIKCKSSQSVLYSSH
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLEAEDVAVYYCQQQYYST
PPTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 24532
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDG
KTYLFWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQLPWT
FGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 24533
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRSSQSLLHSDGR
TYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFSG
SGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYSCLQSIQYPITFG
QGTRLEIK
SEQ ID NO: 24534
21-225_32A4
NA
GACATCGTGATGACCCAGTTTCCAGACACTCCCT
CGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
AGTGTAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGC
TCCCACAATAACAACTTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTCC
TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCCGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGAATTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGGAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAG
TATTATAGTACTCCTCCGACGTTCGGCCAAGG
GACCAA

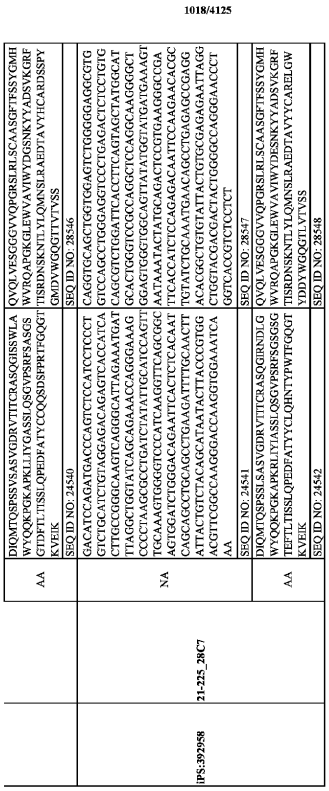
【図５０－１３８】


1013/4125
FIGURE 50
IPS:392940
21-225_29D9
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24531
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24532
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATCATAGTTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 24533
IPS:392950
21-225_25C10
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCAATTCAGT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATCATAGTTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 24534
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGFPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYHSYPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 24535
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATCATAGTTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 24536
IPS:392952
21-225_26G1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLRSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYHSYPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 24536
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYRMN
WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSTIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARTPAGPDY
WGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24537
AA
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYYADSVKGRFTI
SRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARTPFGPGT
QGQTLVTVSS
SEQ ID NO: 24538
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCACCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTAGTAGTAGT
ACAATATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGCCCTGGG
GCCTATTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTC
TCCTCA
SEQ ID NO: 24539
AA
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGSTYYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDPLWFG
EFFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24540
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
ACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTC
ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTG
TATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATCGTCCT
ACTAGAGGACTACTACTACGGTATGGACGTCTGG
GGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24541
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRFTISCRASQDIRSDLGW
YQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGT
EFTFTISSLQPEDIATYYCLQHNSYPPTFGGGTK
EIK
SEQ ID NO: 24542
NA
GACATCCAGATTGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATCATAGTTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 24543
IPS:392954
21-225_27B1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQYHSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24544
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCAACTCCAGT
TTAGCTCTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACAC
TTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 24545
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRFTISRLASQDIRSDLGW
YQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGT
EFTFTISSLQPEDIATYYCLQHNSYPPTFGGGTK
EIK
SEQ ID NO: 24546
NA
GACATCCAGATTGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTTCGGGCGAGTCAGGACATTAGAAGTGAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCAACTCCAGT
TTAGCTCTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACAC
TTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 24547
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRSDLGW
YQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGT
EFTFTISSLQPEDIATYYCLQHNSYPPTFGGGTK
VDFK
SEQ ID NO: 24548
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGACATTAGAAGTGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24549
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24550
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24551
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24552
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATCATAGTTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 24553
IPS:392960
21-225_25C10
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATCATAGTTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 24554
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGFPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYHSYPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 24555
NA
GACATCCAGATTGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCAACTCCAGT
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATCA
GCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTACT
ACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACACTT
TTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 24556
IPS:392962
21-225_30E9
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAGATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24557
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24558
NA
GACATCCAGATTGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCT
CTTTCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAGTGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCATAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGT
GGCAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACAC
TTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 24559
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRFTISRLASQDIRSDLGW
YQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGT
EFTFTISSMQPEDDPSNYYCQHHTVPPTFGGGTK
VDIK
SEQ ID NO: 24560
NA
GACATCCAGATTGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTTCGGGCGAGTCAGGACATTAGAAGTGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24561
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24562
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24563
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24564
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24565
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24566
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24567
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24568
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24569
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24570
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24571
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24572
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24573
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24574
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24575
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24576
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24577
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24578
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24579
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24580
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24581
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24582
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24583
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24584
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24585
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24586
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24587
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24588
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24589
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24590
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24591
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24592
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24593
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24594
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24595
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24596
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24597
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24598
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCCTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 24599
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 24600
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATTTA
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAG
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTT

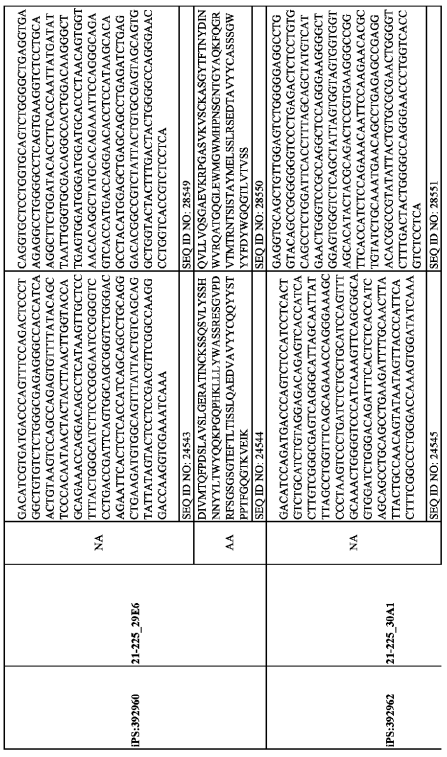
【図５０－１４２】



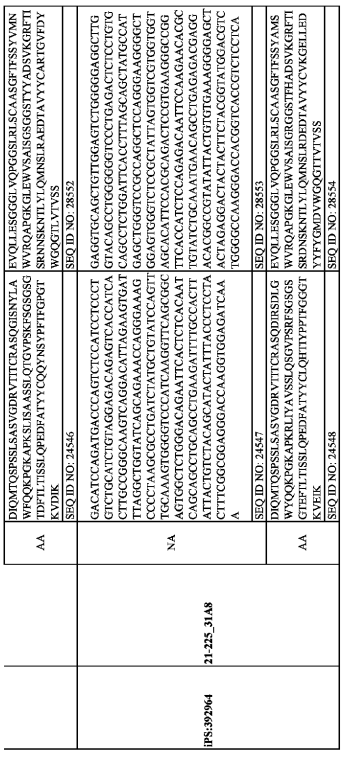
【図５０－１４３】



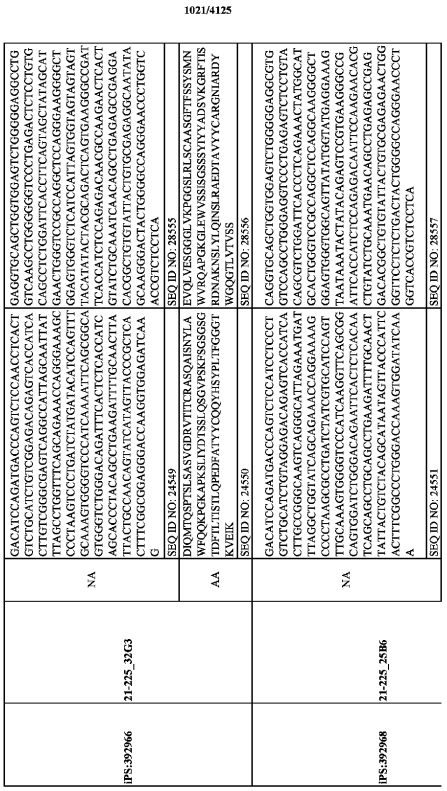
【図５０－１４４】



【図５０－１４５】

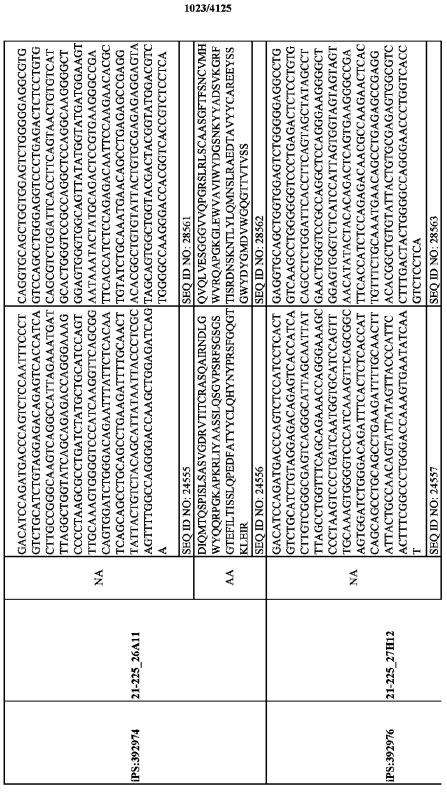


【図５０－１４６】



【図５０－１４７】

【図５０－１４８】



【図５０－１４９】

10

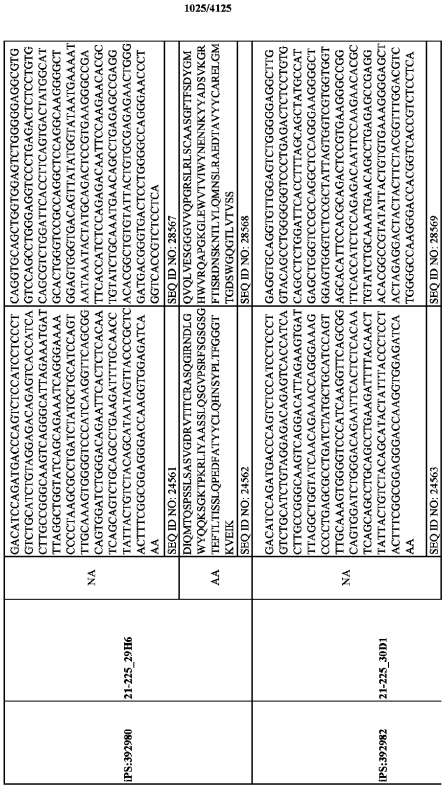
20

30

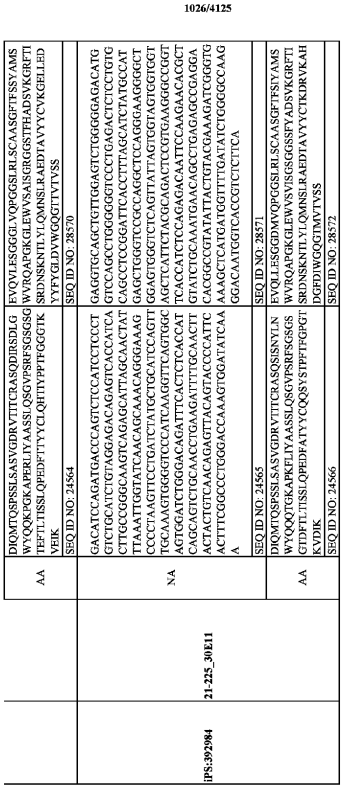
40

50

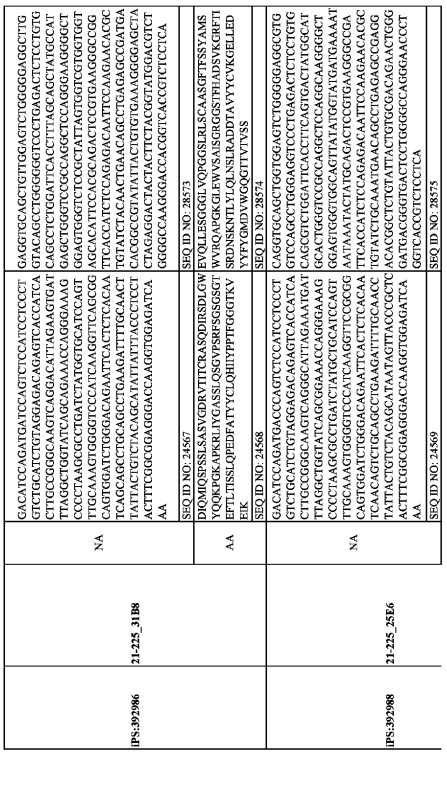
【図５０－１５０】



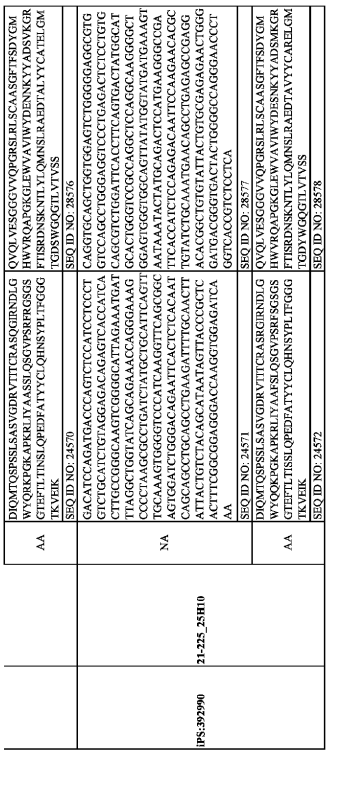
【図５０－１５１】



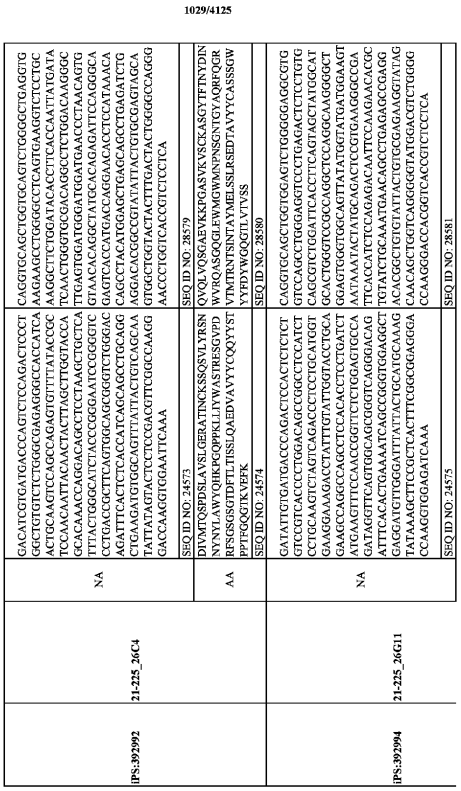
【図５０－１５２】



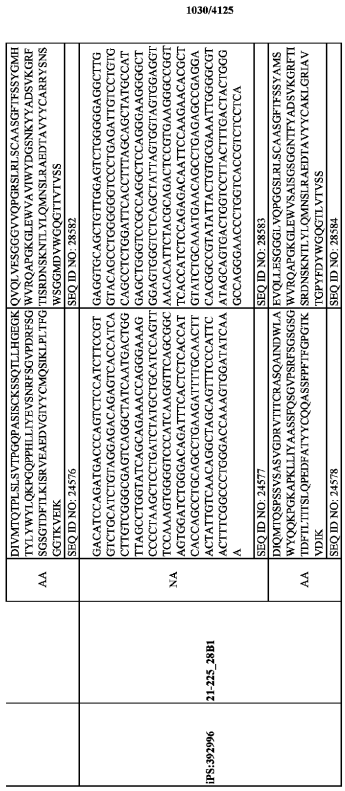
【図５０－１５３】



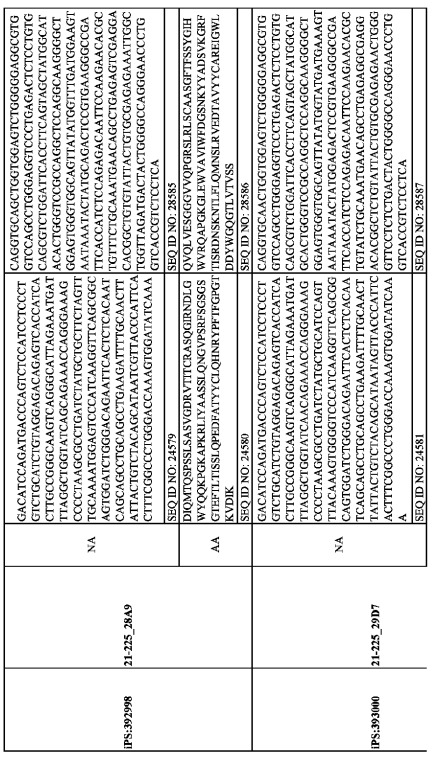
【図５０－１５４】



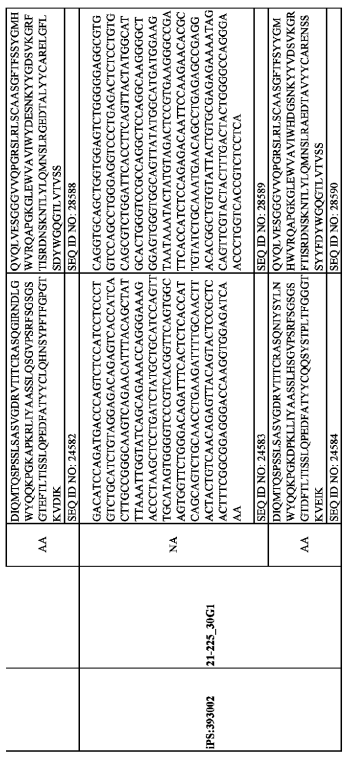
【図５０－１５５】



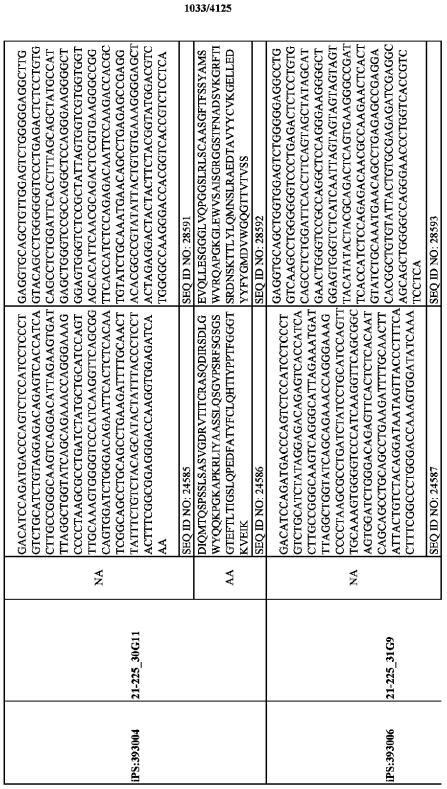
【図５０－１５６】



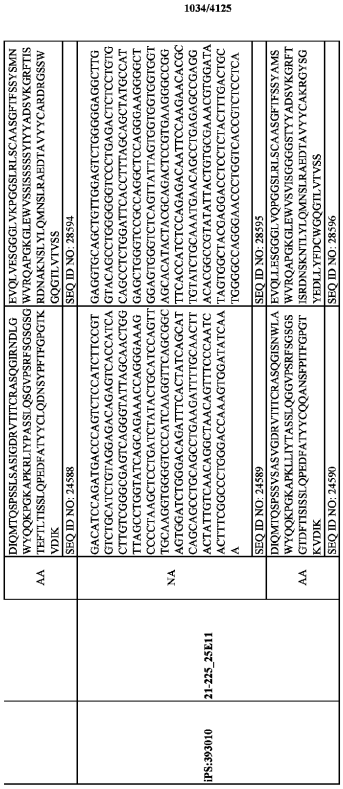
【図５０－１５７】



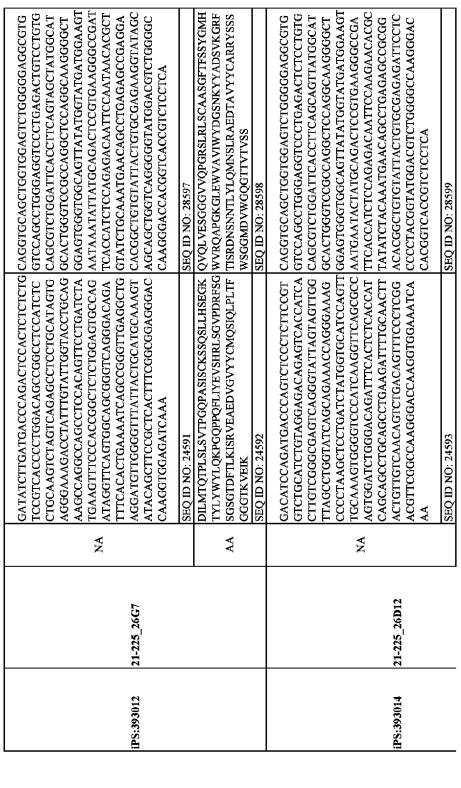
【図５０－１５８】



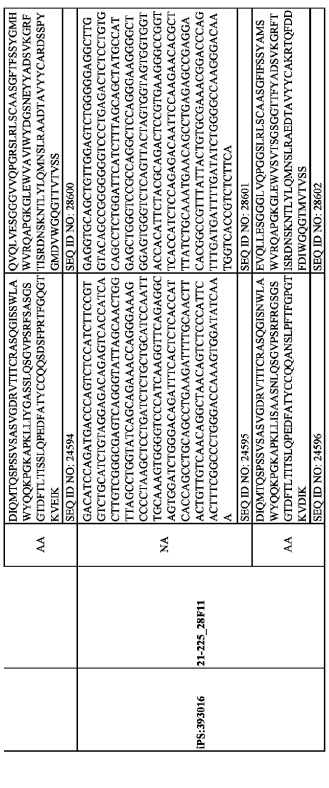
【図５０－１５９】



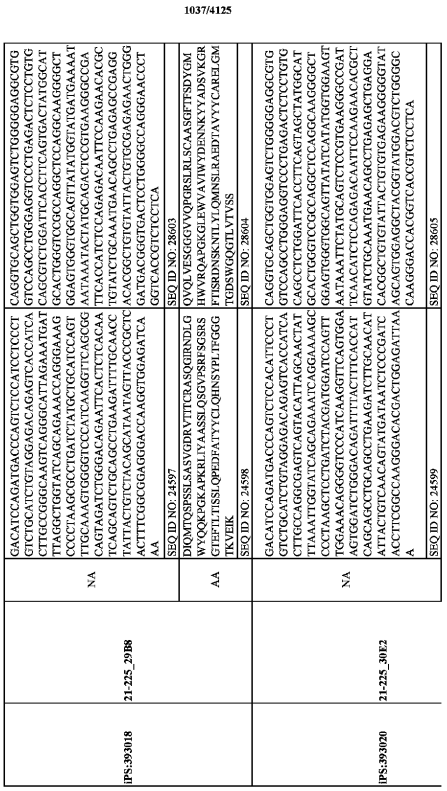
【図５０－１６０】



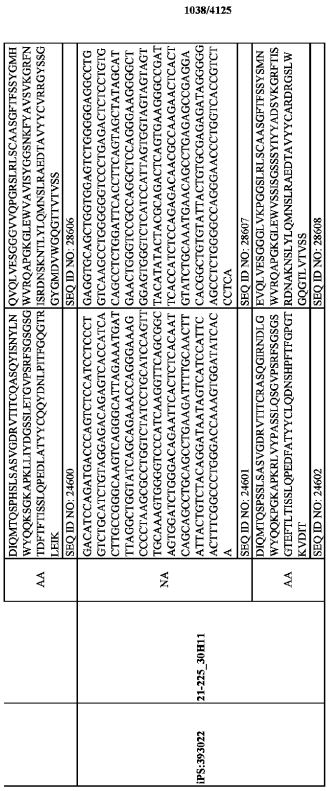
【図５０－１６１】



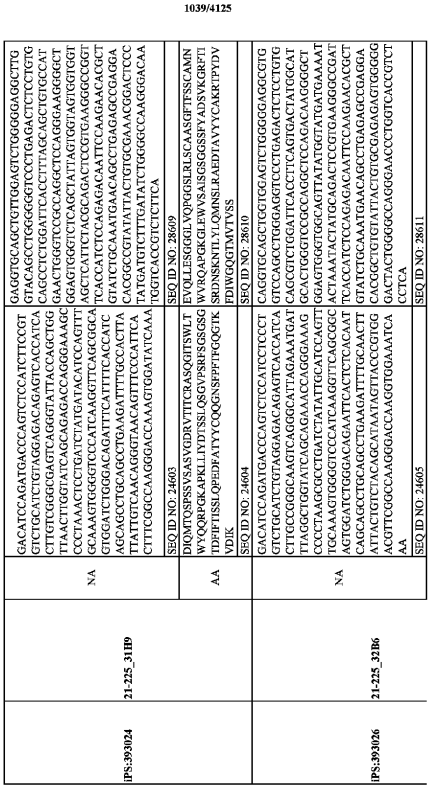
【図５０－１６２】



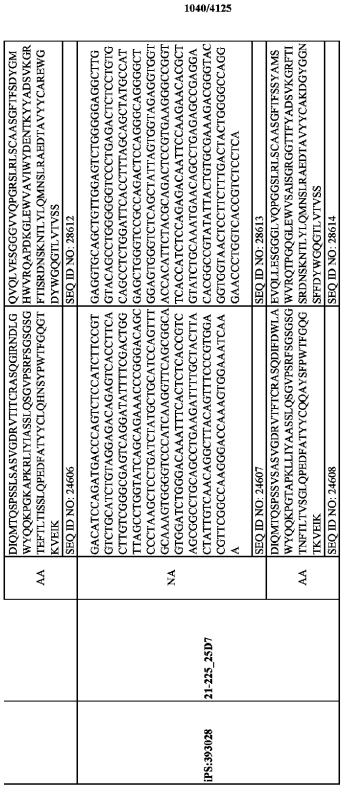
【図５０－１６３】



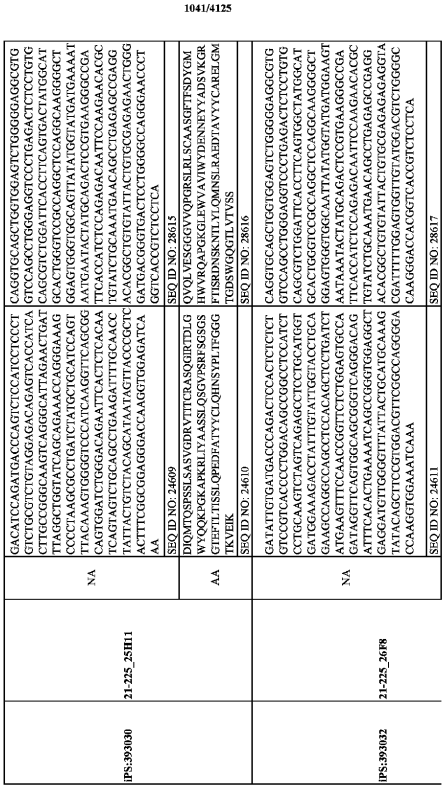
【図５０－１６４】



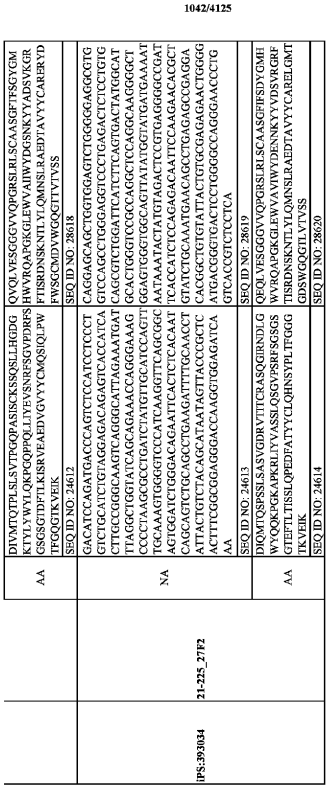
【図５０－１６５】



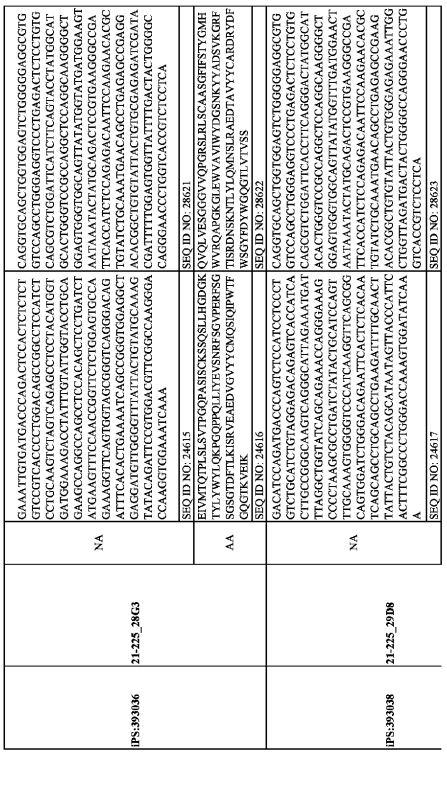
【図５０－１６６】



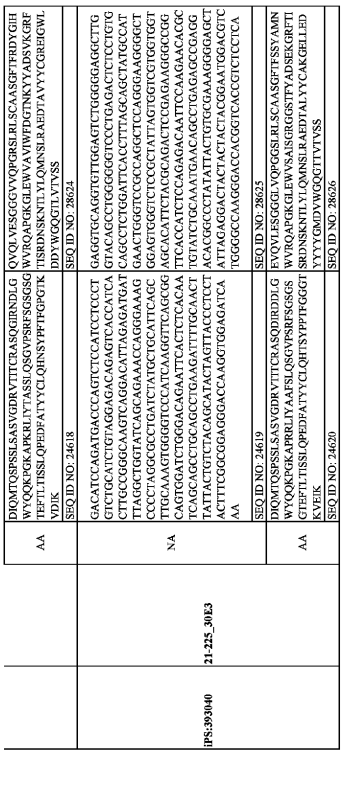
【図５０－１６７】



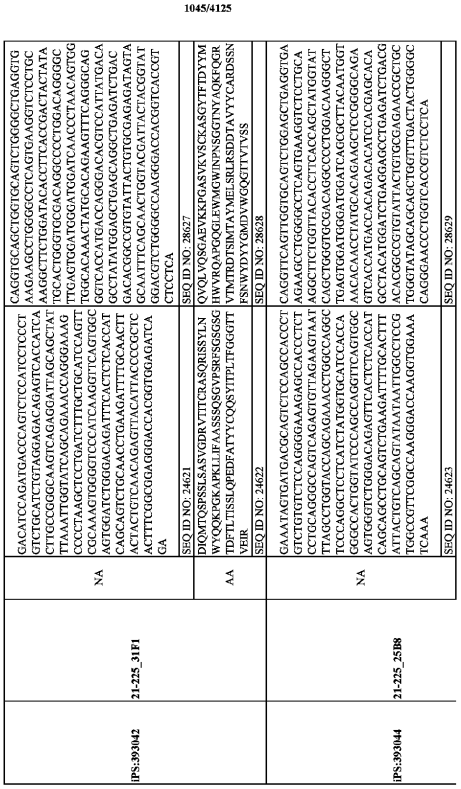
【図５０－１６８】



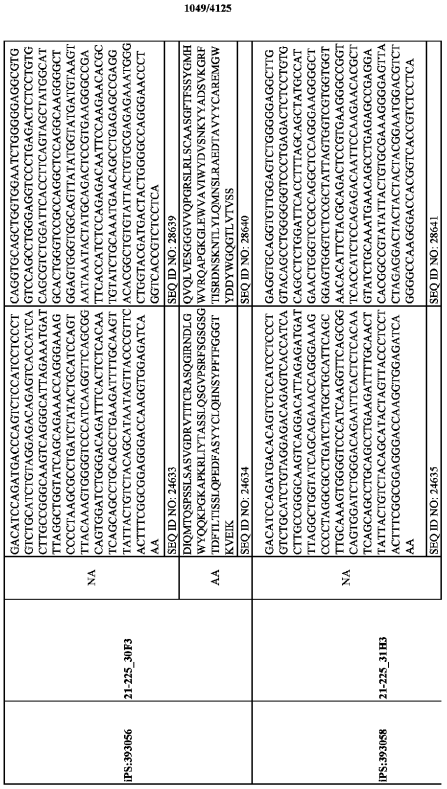
【図５０－１６９】



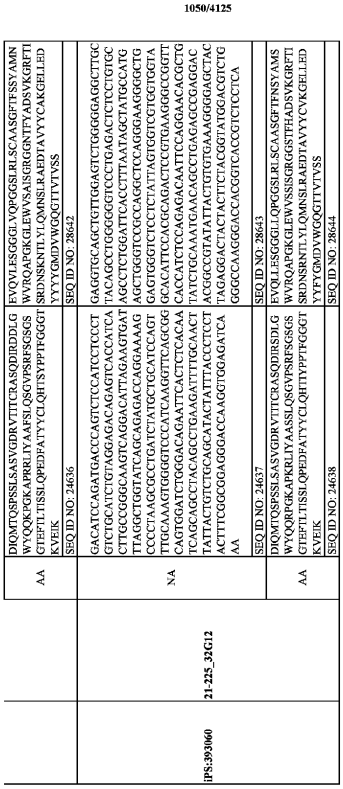
【図５０－１７０】


1045/4125
FIGURE 50
IPS:393042
21-225_31F1
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGTCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACC
TATTACTGTCTACAGCATAATCGTTATCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 24627
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNRYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24628
NA
CAGGTTCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AATACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATTACTGTGCGAAAGATCCGAT
ATTACTATGGTTCGGGGAGTTATCCGCCTCC
ATCTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGA
GCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTAC
GCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTC
GCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGT
GTTAG
SEQ ID NO: 24629
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYG
ISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTNYAQKLQ
GRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR
DLGPYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 24630
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGTCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATCGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 24631
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24632
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTTTCAGTTATTAGTTATGATGGA
AGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
GAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
CGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGA
GTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACC
TACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAA
AGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCT
GCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCC
GTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTA
G
SEQ ID NO: 24633
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24634
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24635
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24636
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24637
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24638
NA
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGC
TCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCA
AGCATGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGT
GGGCCACTACTGGTATCCCAGTGGCAACAGGC
AGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGTT
ATTACTGTCAGCAGTATAATAATTGGCCTCCG
TGGCCGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 24639
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGG
TGAAGAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC
TGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTA
TGGTATCAGCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGA
CAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCC
TAACAGTGGTAACACAAACTATGCACAGAAGT
TTCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACG
TCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAG
GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT
GTGCGAGAGATAGTGGGAGCTACTATTACGA
CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAG
GGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24640
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYG
ISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTNYAQKLQ
GRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR
DSGPYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 24641
NA
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGC
TCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCA
AGCATGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGT
GGGCCACTACTGGTATCCCAGTGGCAACAGGC
AGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGTT
ATTACTGTCAGCAGTATAATAATTGGCCTCCG
TGGCCGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 24642
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24643
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGG
TGAAGAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC
TGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTA
TGGTATCAGCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGA
CAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCC
TAACAGTGGTAACACAAACTATGCACAGAAGT
TTCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACG
TCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAG
GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT
GTGCGAGAGATAGTGGGAGCTACTATTACGA
CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAG
GGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24644
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYG
ISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTNYAQKLQ
GRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR
DSGPYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 24645
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24646
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGG
TGAAGAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC
TGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTA
TGGTATCAGCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGA
CAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCC
TAACAGTGGTAACACAAACTATGCACAGAAGT
TTCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACG
TCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAG
GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT
GTGCGAGAGATAGTGGGAGCTACTATTACGA
CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAG
GGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24647
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYG
ISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTNYAQKLQ
GRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARTAAG
DSGPYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 24648
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24649
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24650
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24651
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24652
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGG
TGAAGAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC
TGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTA
TGGTATCAGCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGA
CAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCC
TAACAGTGGTAACACAAACTATGCACAGAAGT
TTCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACG
TCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAG
GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT
GTGCGAGAGATAGTGGGAGCTACTATTACGA
CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAG
GGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24653
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYG
ISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTNYAQKLQ
GRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARTAAG
DSGPYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 24654
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24655
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24656
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24657
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24658
NA
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGC
TCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCA
AGCATGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGT
GGGCCACTACTGGTATCCCAGTGGCAACAGGC
AGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGTT
ATTACTGTCAGCAGTATAATAATTGGCCTCCG
TGGCCGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 24659
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24660
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24661
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24662
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24663
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24664
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24665
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24666
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24667
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24668
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24669
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24670
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24671
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24672
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTC
TATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGG
AGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC
ACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAG
CAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACG
CCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCG
CCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTG
TTAG
SEQ ID NO: 24673
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQLKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYNCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24674
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
ACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTT
CCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAA
CTGCCTCTGT

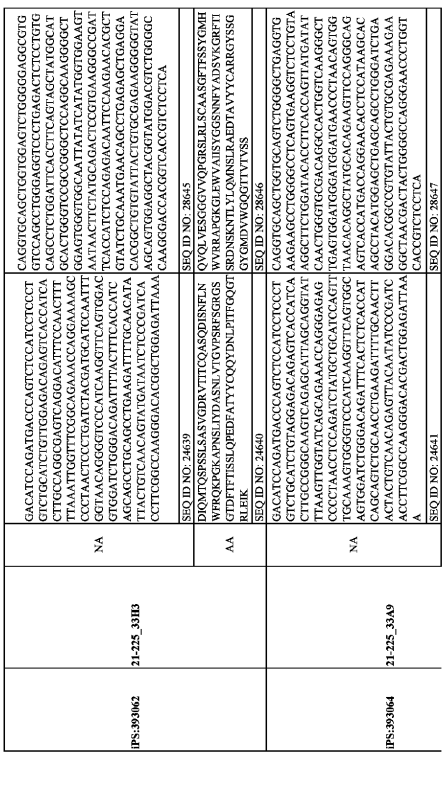
【図５０－１７４】



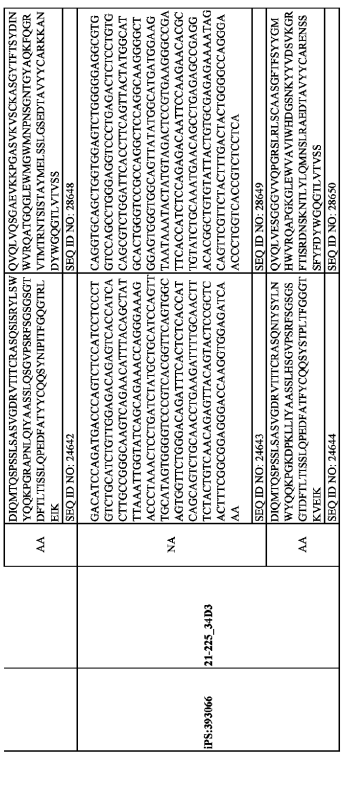
【図５０－１７５】



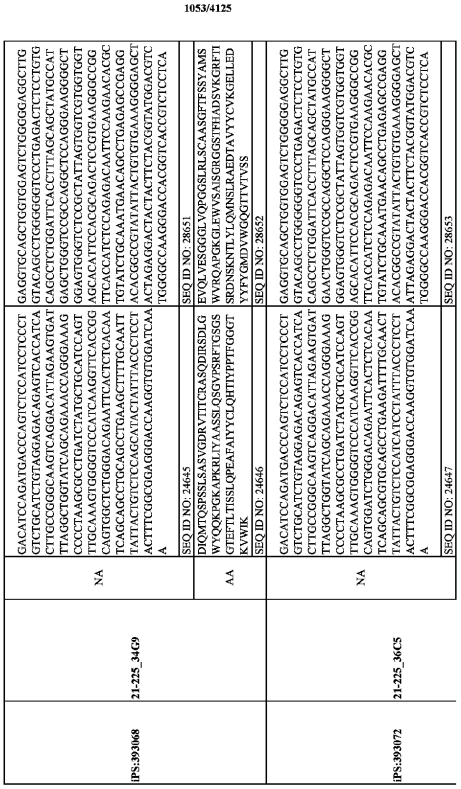
【図５０－１７６】



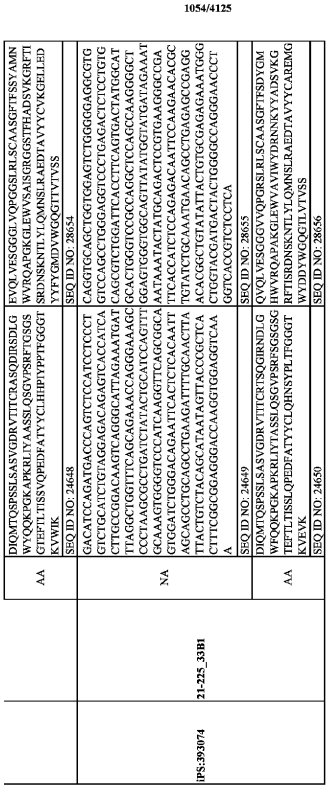
【図５０－１７７】



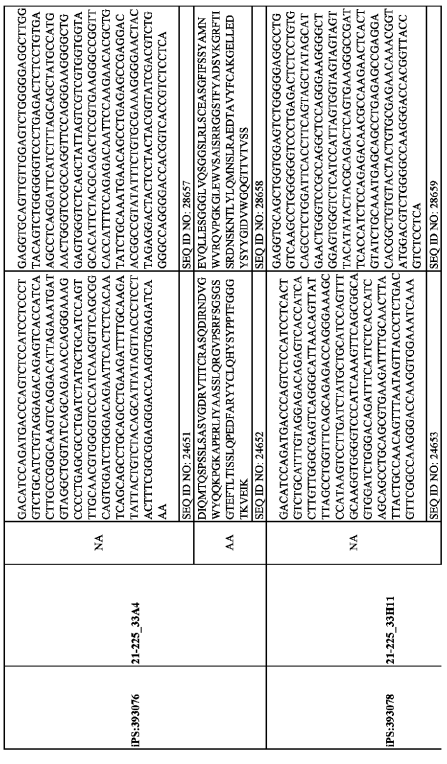
【図５０－１７８】



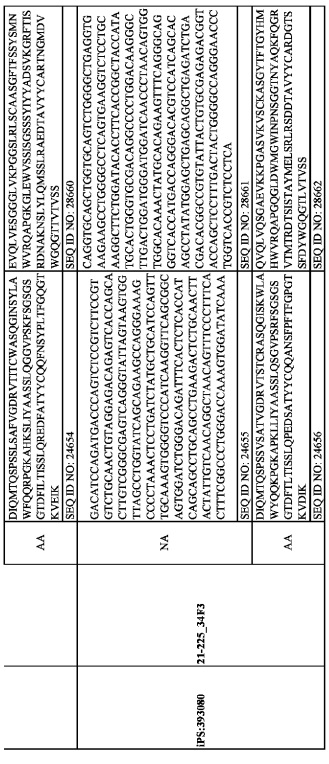
【図５０－１７９】



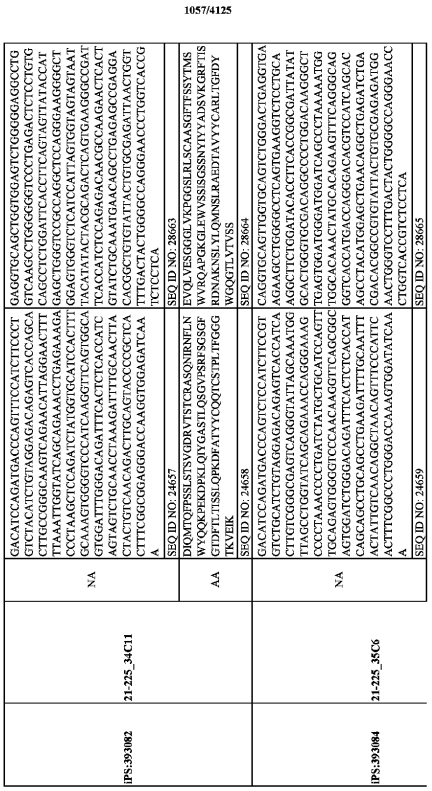
【図５０－１８０】



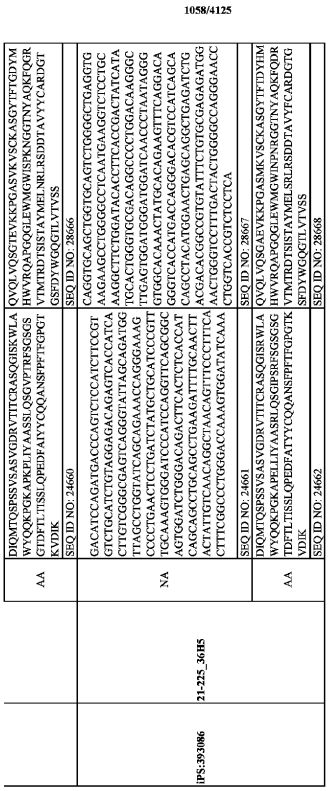
【図５０－１８１】



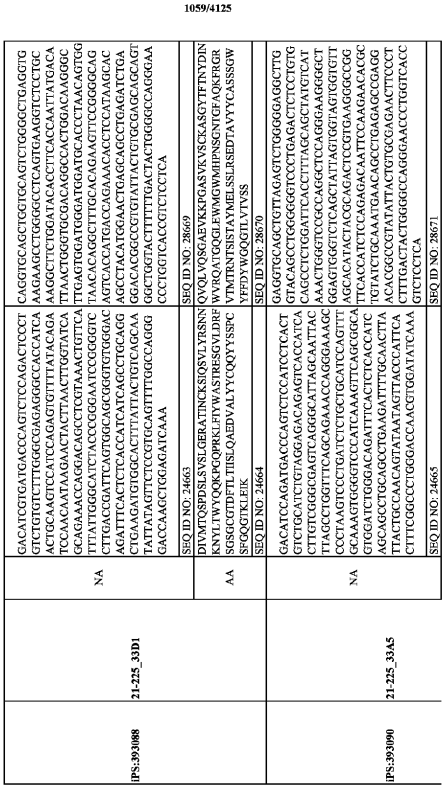
【図５０－１８２】



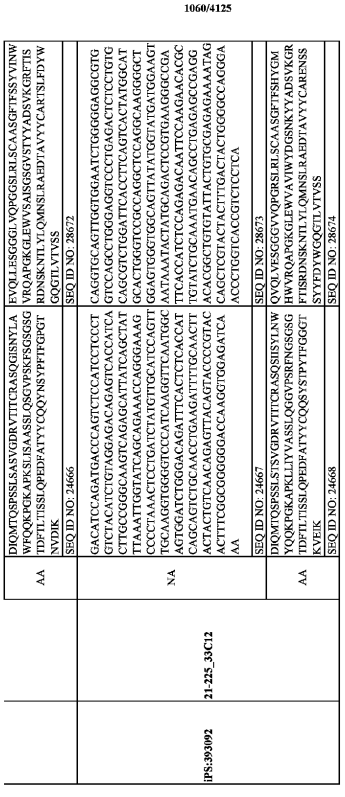
【図５０－１８３】



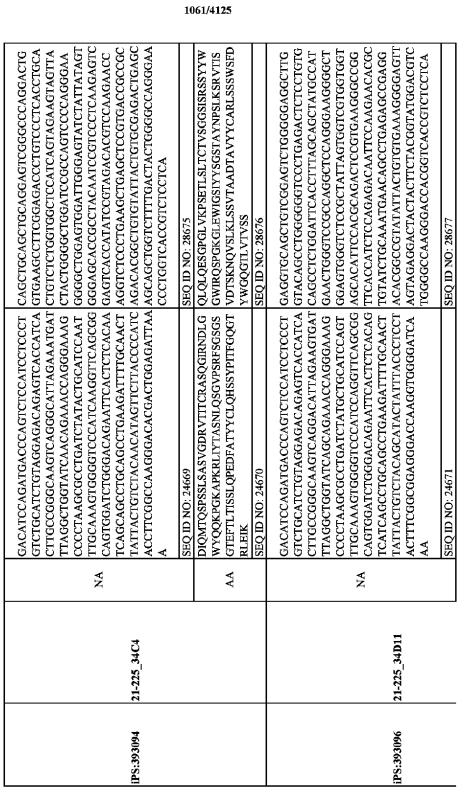
【図５０－１８４】



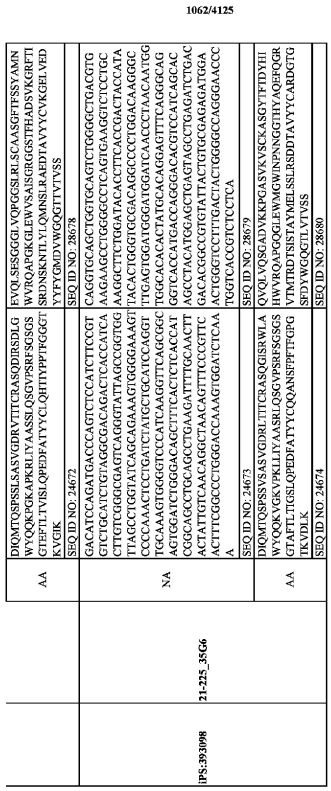
【図５０－１８５】



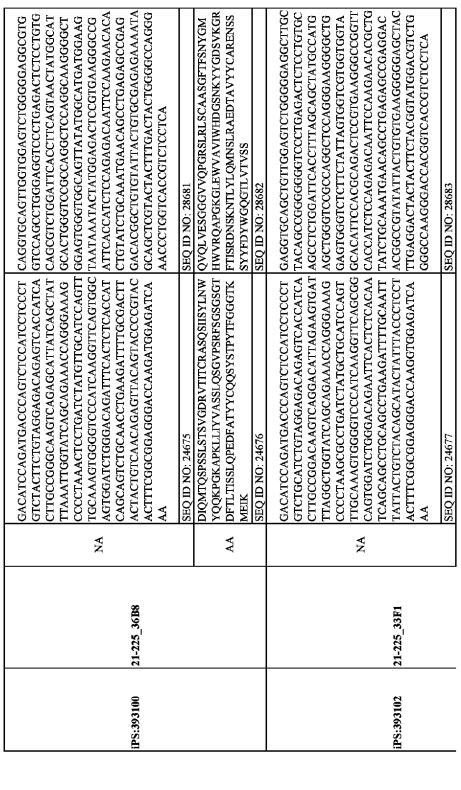
【図５０－１８６】



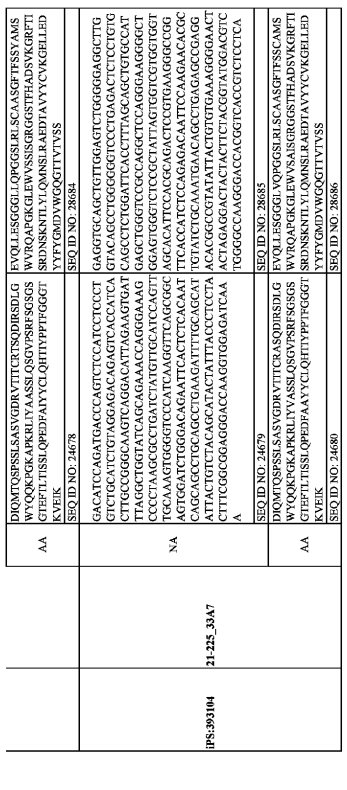
【図５０－１８７】



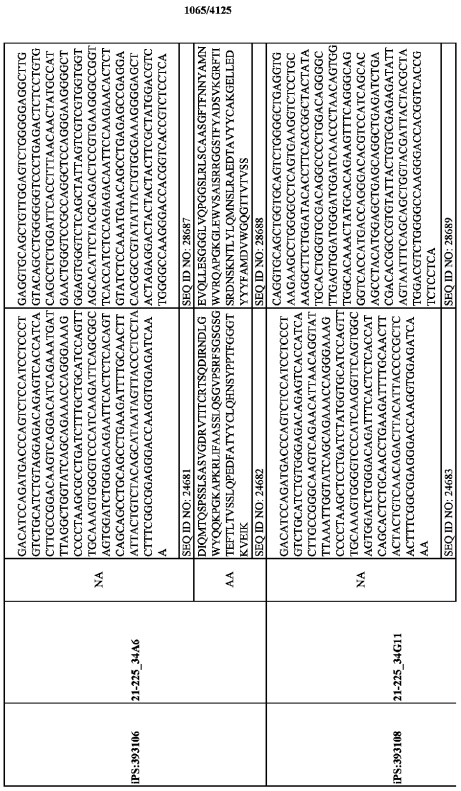
【図５０－１８８】



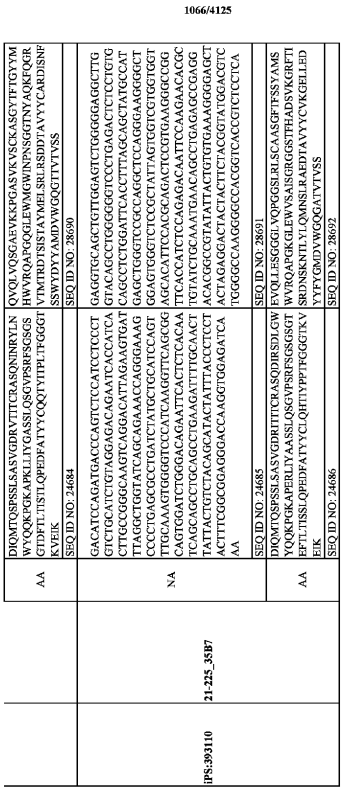
【図５０－１８９】



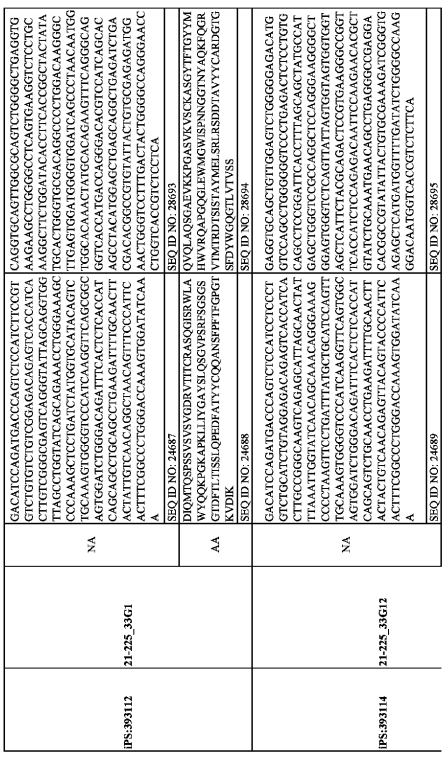
【図５０－１９０】



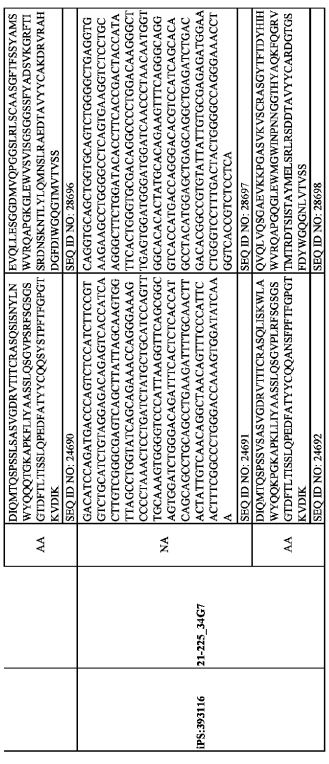
【図５０－１９１】



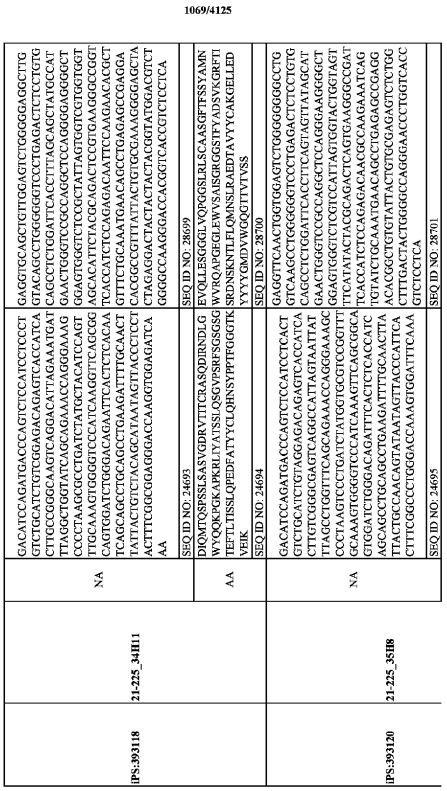
【図５０－１９２】



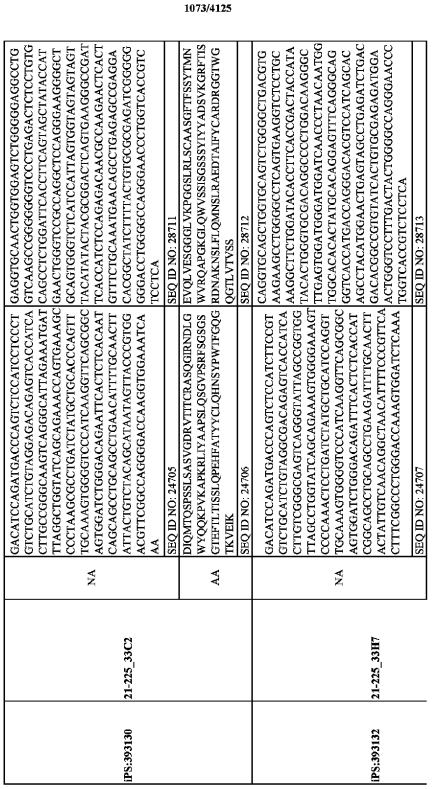
【図５０－１９３】



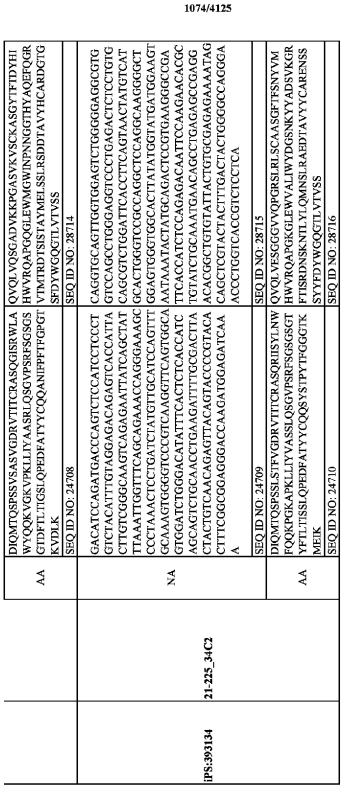
【図５０－１９４】


1069/4125
FIGURE 50
iPS:393118
21-225_34H11
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGACAAGTCAGGACATTAGCAAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCG
GCAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACA
ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAA
CTTACTGTCTCACAGCATTATAGTTTACCTCT
ACGGCGGCACCAAGGTGGAGATCAAACGTAC
GGGGCCAGGGGACCAAGGTGGAAGTCAAAC
SEQ ID NO: 24693
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDINDLG
WYQQKPGKAPKRLIYATSSLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPPTFGQGTK
VEIK
SEQ ID NO: 24694
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGACAAGTCAGGACATTAGTAAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTGTCTCACAGCATTATAGTTTACCTCTACGG
CGGCACCAAGGTGGAGATCAAACGTACGGGGC
CAGGGACCAAGGTGGAAGTCAAAC
SEQ ID NO: 28699
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDINDLG
WYQQKPGKAPKRLIYATSSLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPPTFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 28700
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGACAAGTCAGGACATTAGTAAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTGTCTCACAGCATTATAGTTTACCTCTACGG
CGGCACCAAGGTGGAGATCAAACGTACGGGGC
CAGGGACCAAGGTGGAAGTCAAAC
SEQ ID NO: 28695
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGACAAGTCAGGACATTAGTAAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTGTCTCACAGCATTATAGTTTACCTCTACGG
CGGCACCAAGGTGGAGATCAAACGTACGGGGC
CAGGGACCAAGGTGGAAGTCAAAC
SEQ ID NO: 28701
iPS:393120
21-225_35H8
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTG
CTACCTGCCTCGGATTCACCTTTAGCAGCTATG
CTTTGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAG
GGACTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAG
TGGTAGTACATACTACGCAGACTCCGTGAAGG
GCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG
AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAG
AGCCGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGA
AAGCGTCCTGGGGGCGTCCTGAGACTCTCCT
GTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTAT
GCTATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGA
AGGGACTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGT
AGTGGTAGTACATACTACGCAGACTCCGTGAA
GGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCA
AGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTG
AGAGCCGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGC
GAAAGCGTCCTGGGGGCGTCCTGAGACTCTC
CTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCT
ATGCTATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGG
AAGGGACTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGG
TAGTGGTAGTACATACTACGCAGACTCCGTGA
AGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
GAGAGCCGAGGACACGGCCGTATATTACTGTG
CGAAAGCGTCCTGGGGGCGTCCTGAGACTCT
CCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGC
TATGCTATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGG
GAAGGGACTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTG
GTAGTGGTAGTACATACTACGCAGACTCCGTG
AAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTC
CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCC
TGAGAGCCGAGGACACGGCCGTATATTACTGT
GCGAAAGCGTCCTGGGGGCGTCCTGAGACTC
TCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAG
CTATGCTATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAG
GGAAGGGACTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAG
TGGTAGTGGTAGTACATACTACGCAGACTCCG
TGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAA
TTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACA
GCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTATATTA
CTGCGAAAGCGTCCTGGGGGCGTCCTGAGAC
TCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGC
AGCTATGCTATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTC
CAGGGAAGGGACTGGAGTGGGTCTCAGCTAT
TAGTGGTAGTGGTAGTACATACTACGCAGACT
CCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGA
CAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGA
ACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTATA
TTACTGCGAAAGCGTCCTGGGGGCGTCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTT
AGCAGCTATGCTATGAGCTGGGTCCGCCAGG
CTCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGGTCTCAGC
TATTAGTGGTAGTGGTAGTACATACTACGCA
GACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCA
GAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCA
AATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCC
GTATATTACTGTGCGAAAGCGTCCTGGGGGC
GTCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGAT
TCACCTTTAGCAGCTATGCTATGAGCTGGGT
CCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTG
GGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTAGTACA
TACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCA
CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGCGT
CCTGGGGGCGTCCTGAGACTCTCCTGTGCAG
CCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCTAT
GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGG
ACTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGT
GGTAGTACATACTACGCAGACTCCGTGAAGG
GCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAA
GAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTG
AGAGCCGAGGACACGGCCGTATATTACTGTG
CGAAAGCGTCCTGGGGGCGTCCTGAGACTC
TCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCA
GCTATGCTATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCC
AGGGAAGGGACTGGAGTGGGTCTCAGCTATT
AGTGGTAGTGGTAGTACATACTACGCAGACT
CCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGA
CAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATG
AACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTAT
ATTACTGCGAAAGCGTCCTGGGGGCGTCCTG
AGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCT
TTAGCAGCTATGCTATGAGCTGGGTCCGCCA
GGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGGTCTCA
GCTATTAGTGGTAGTGGTAGTACATACTACG
CAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTC
CAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTG
CAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGG
CCGTATATTACTGTGCGAAAGCGTCCTGGGG
GCGTCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG
ATTCACCTTTAGCAGCTATGCTATGAGCTGG
GTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGT
GGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTAGTAC
ATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTC
ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
GGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGCG
TCCTGGGGGCGTCCTGAGACTCTCCTGTGCA
GCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCTA
TG

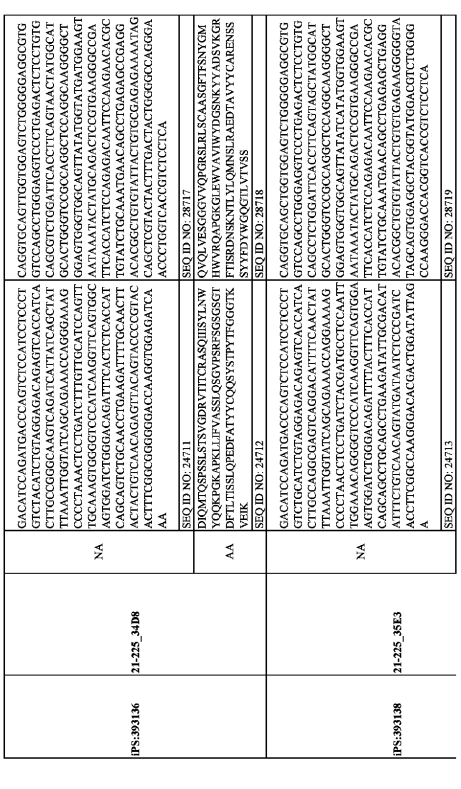
【図５０－１９８】



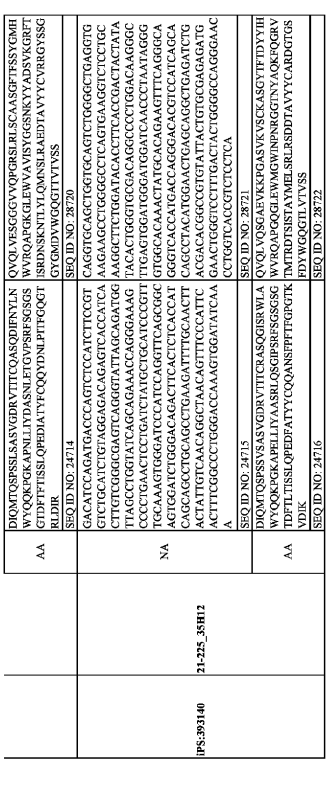
【図５０－１９９】



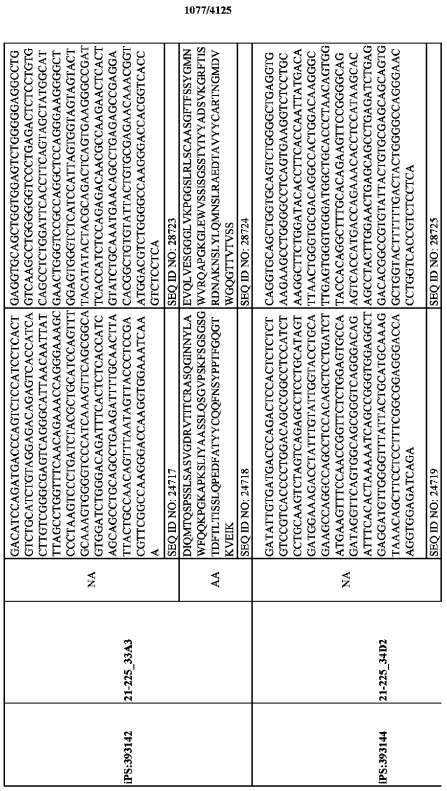
【図５０－２００】



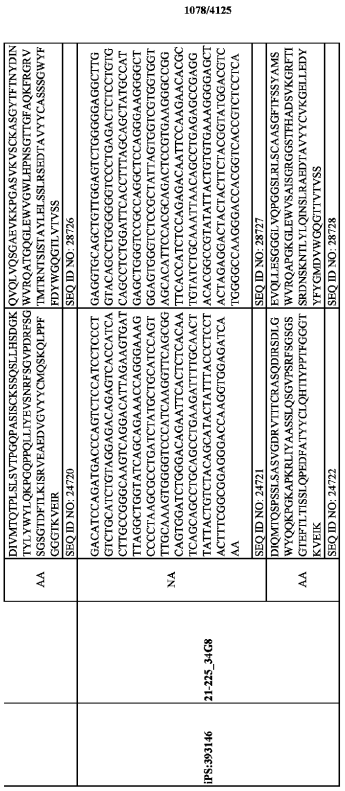
【図５０－２０１】



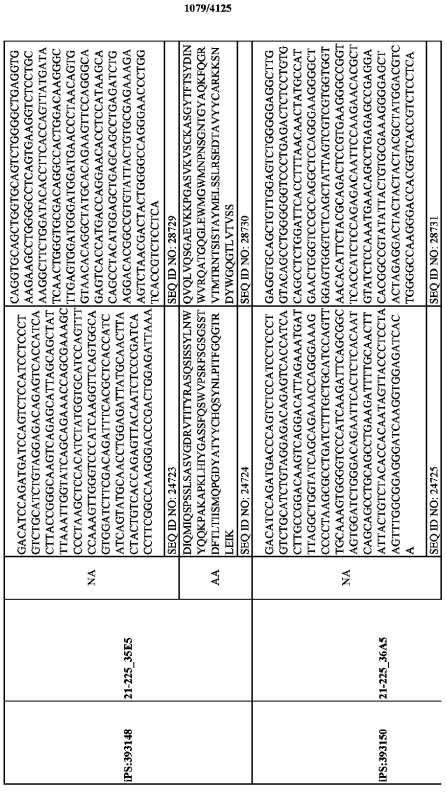
【図５０－２０２】



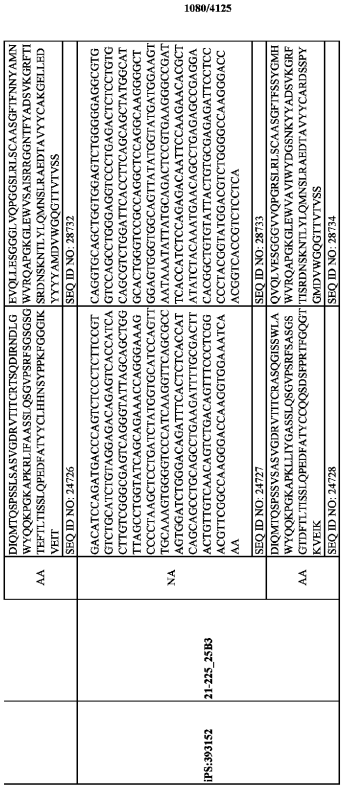
【図５０－２０３】



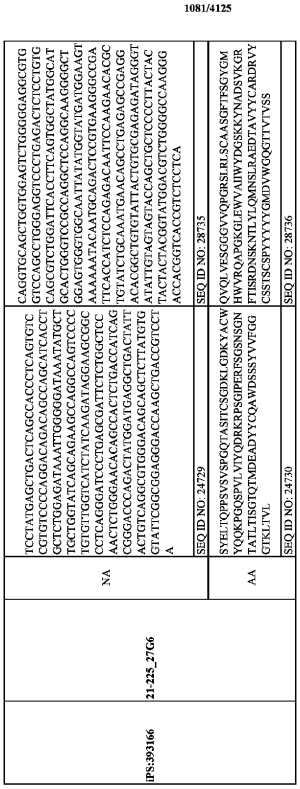
【図５０－２０４】



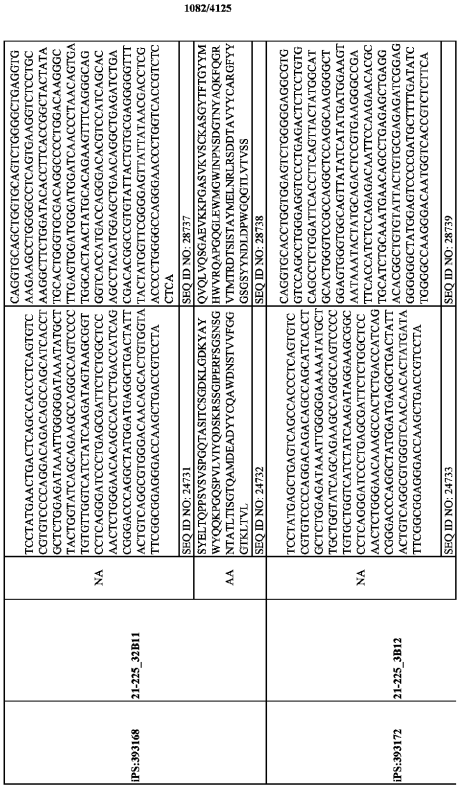
【図５０－２０５】



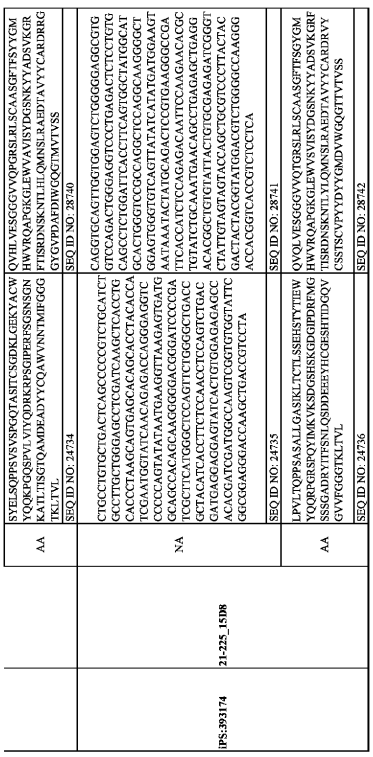
【図５０－２０６】



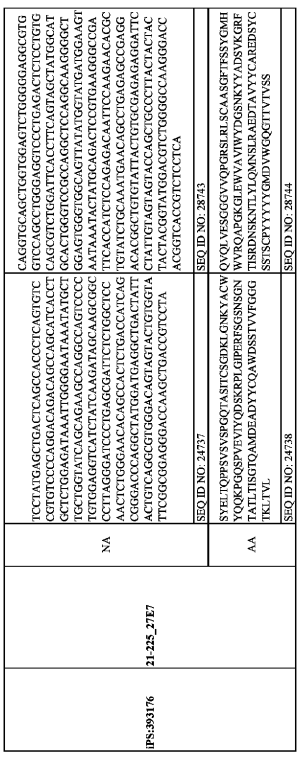
【図５０－２０７】



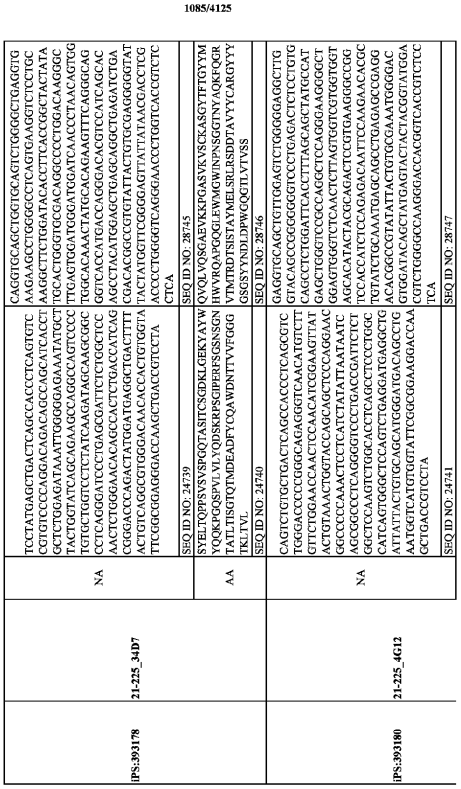
【図５０－２０８】



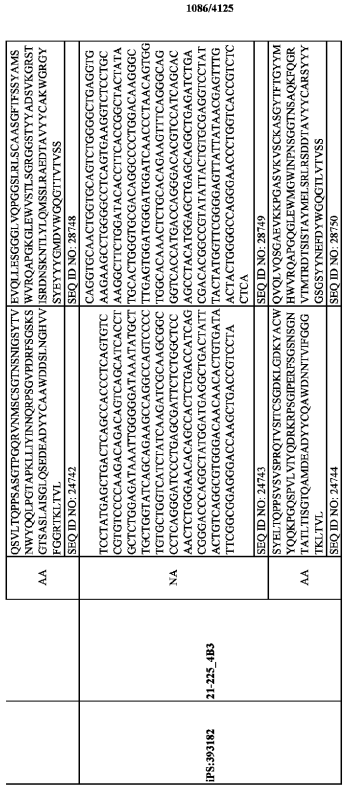
【図５０－２０９】



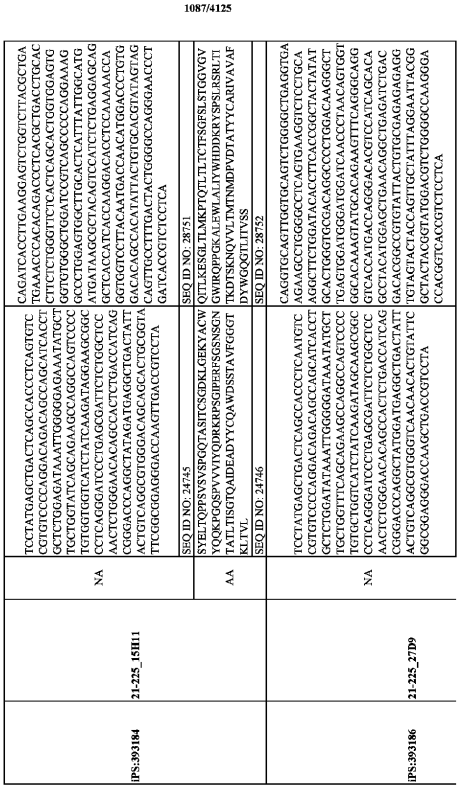
【図５０－２１０】



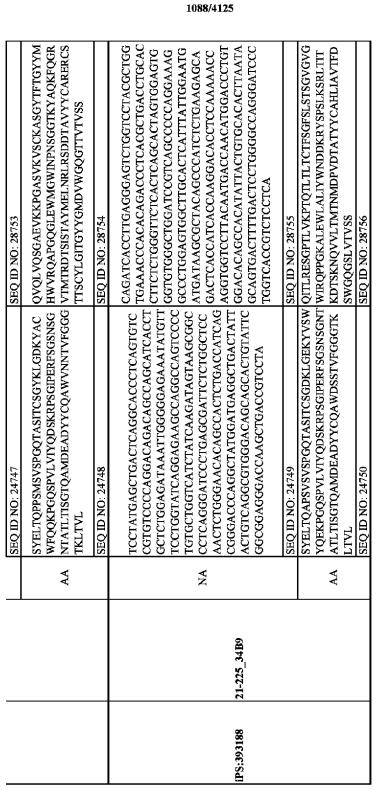
【図５０－２１１】



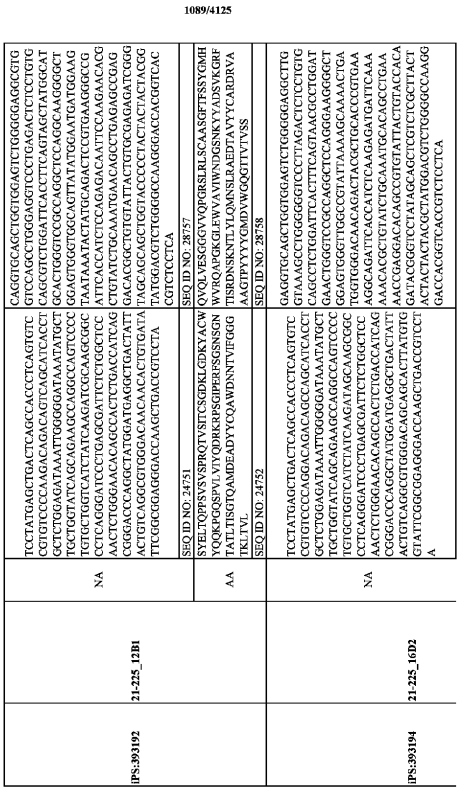
【図５０－２１２】



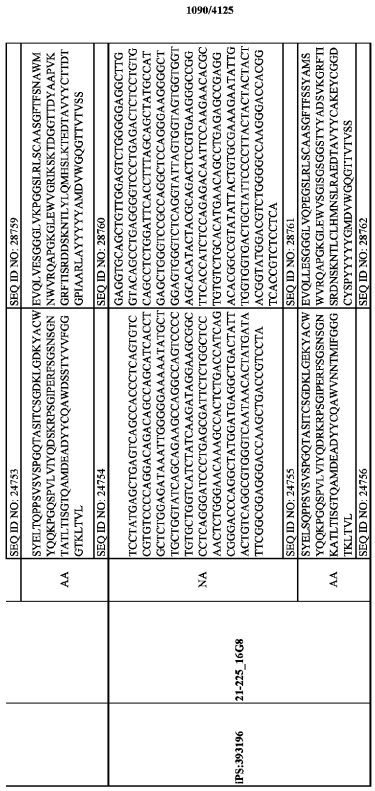
【図５０－２１３】



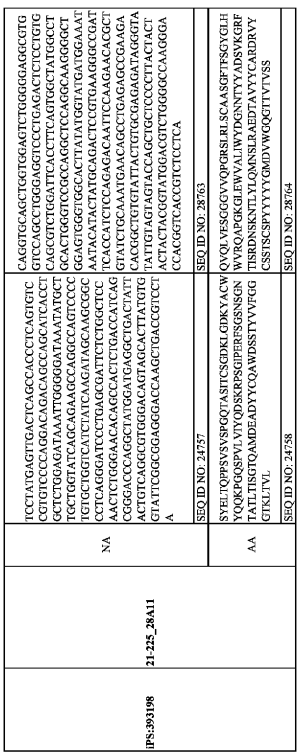
【図５０－２１４】



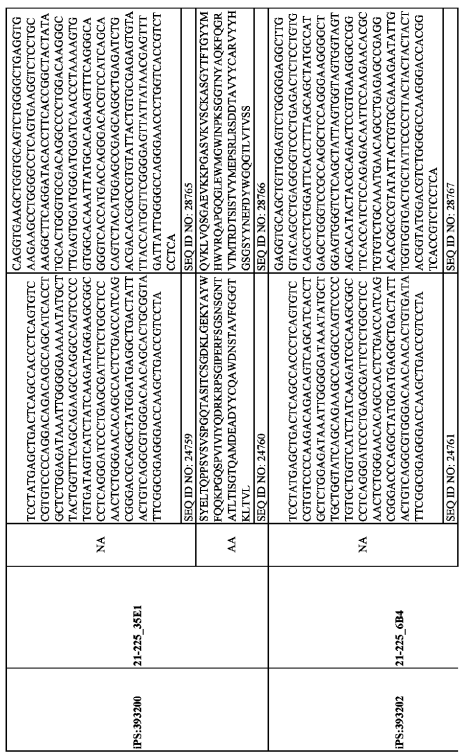
【図５０－２１５】



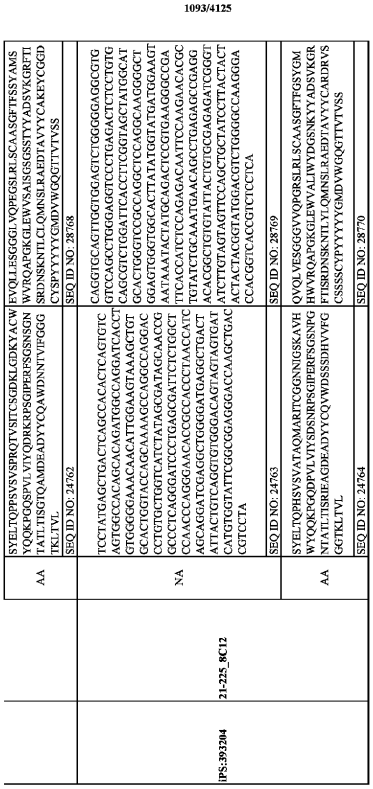
【図５０－２１６】



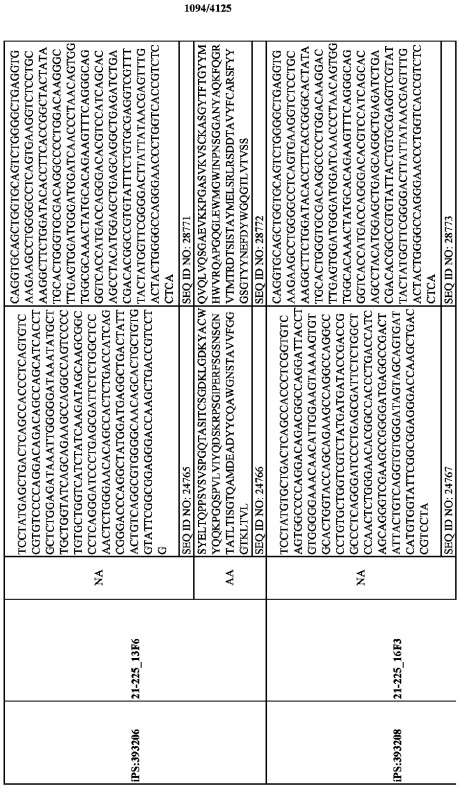
【図５０－２１７】



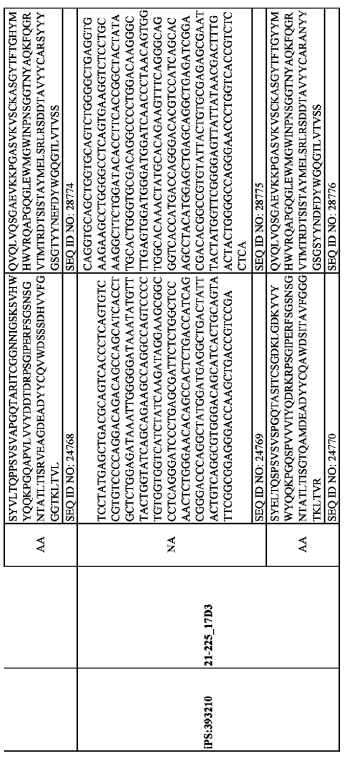
【図５０－２１８】



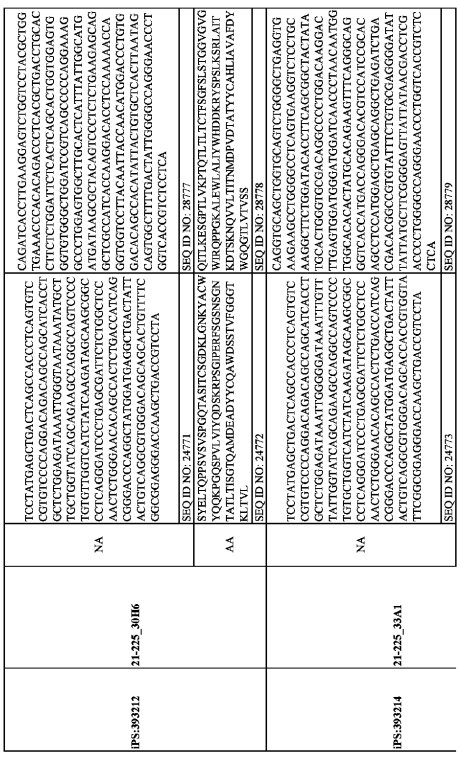
【図５０－２１９】



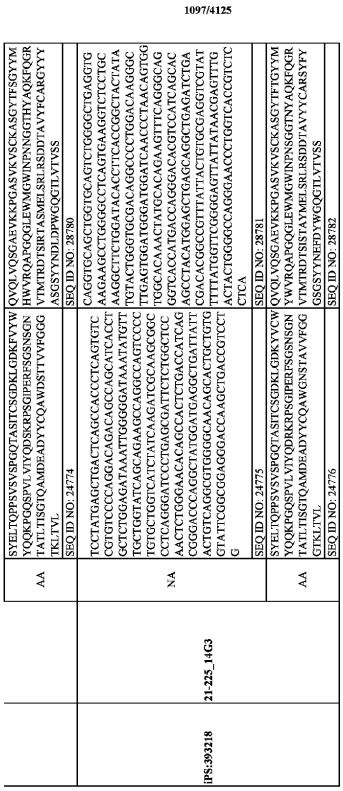
【図５０－２２０】



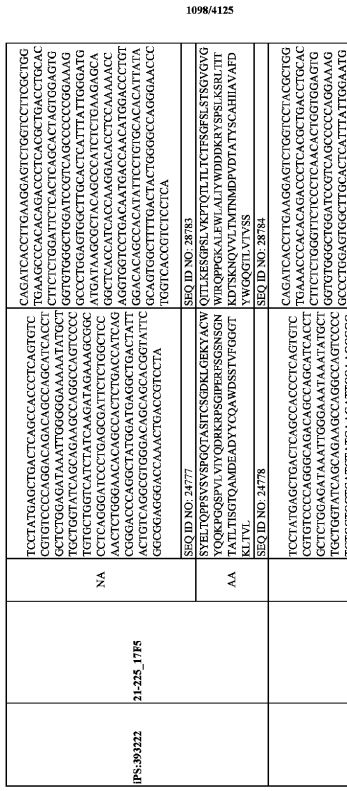
【図５０－２２１】


1096/4125
FIGURE 50
iPS:393212
21-225_30H6
AA
NA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYAC
WYQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWGNSTAVVFGG
GTKLTVL
SEQ ID NO: 24766
TCCTATGTGCTGACTCAGCCACACCTCGGTGTC
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGT
GGCACTGGCTACGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGACATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGTCGT
ATCTTGTAGTAGTTCCAGCTGCTATCCTTACTACT
ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGA
CCACCGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24778
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYAC
WYQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSG
NTATLTISGTQAMDEADYYCQAWGNSTAVVFGG
GTKLTVL
SEQ ID NO: 24765
QSVLTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYVC
WYQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNP
NTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSSDHVVFG
GGTKLTVL
SEQ ID NO: 24767
QSVLTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYAC
WYQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSG
NTATLTISGTQAMDEADYYCQAWGNSTAVVFGG
GTKLTVL
SEQ ID NO: 24766
TCCTATGTGCTGACTCAGCCACACCTCGGTGTC
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGT
GGCACTGGCTACGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGACATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGTCGT
ATCTTGTAGTAGTTCCAGCTGCTATCCTTACTACT
ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGA
CCACCGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24773
SYELTQPPSVSVAPGKTARITCGGNNIGSKAVH
WYQQKPGQAPVLVVYDSDRPSGIPERFSGSNPG
NTATLTISRVEAGDEADYYCQVWDSSSDHVVFG
GGTKLTVL
SEQ ID NO: 24775
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
CACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGTCGT
ATCTTGTAGTAGTTCCAGCTGCTATCCTTACTACT
ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGA
CCACCGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24777
QTTLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLSTGGVGVG
WIRQPPGKALEWLALIYWDDDKRYSPSLKSRLTIT
KDTSKNQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHLIAVAFDY
WGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24771
QSVLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQG
RVTLTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCARSFTY
GSGTYYNEFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24772
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGT
GGCACTGGCTACGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGACATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGTCGT
ATCTTGTAGTAGTTCCAGCTGCTATCCTTACTACT
ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGA
CCACCGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24778
TCCTATGTGCTGACTCAGCCACACCTCGGTGTC
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGT
GGCACTGGCTACGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGACATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGTCGT
ATCTTGTAGTAGTTCCAGCTGCTATCCTTACTACT
ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGA
CCACCGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ

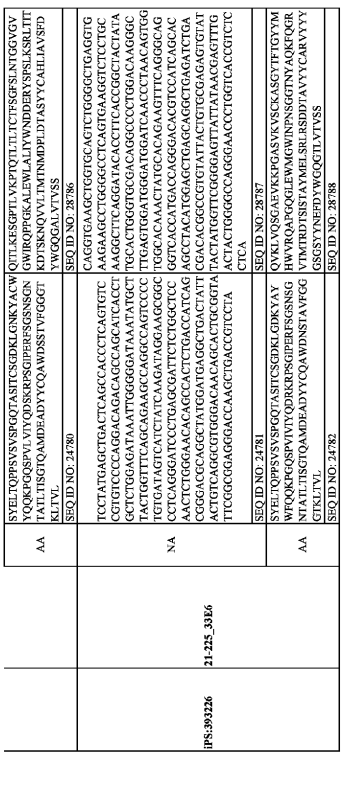
【図５０－２２２】


1097/4125
FIGURE 50
iPS:393218
21-225_14G3
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKFVYW
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSTTVVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 24774
NA
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAGATAAATTGGGGGATATAATGCT
TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
TGTGATCATCTATCAAGATACGCAAGCGGC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
CGGCACGCCGTGTATTACTGTGCGGAGTGTAT
ACTGTCAGGCGTGGGACAACAGCACTGCGGTA
TTCGGCCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
CTCA
SEQ ID NO: 24781
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYAY
WFQQKPGQSPVLVIYQDKRPSGIPERFSGSNSG
NTALTISGTQAMDEADYYCQAWDSNTAVFGG
GTKLTVL
SEQ ID NO: 24782
iPS:393226
21-225_33E6
AA
QTTLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLNTGGVGV
GWIRQPPGKALEWLALIYWNDDERYSPSLKSRLTIT
KDTSKNQVVLTMTNMDPLDTASYYCAHLIAVSFD
YWGQGALVTVSS
SEQ ID NO: 24780
NA
CAGGTTCAAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGTTAT
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 24786
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGYYY
ASGSYYNDLDPWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24780
NA
CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGTTAT
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 24782
iPS:393232
21-225_17F12
AA
QSVLTQPPSASGTPGQRVNMSCSGTNSNIGSYTV
NWYQQLPGTAPKLLIYDNQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGHVV
FGGRTKLTVL
SEQ ID NO: 24784
NA
CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTC
TGGGACCCCGGGCAGAGGTCAACATCTCTT
GTTCTGGAACCAACTCCAACATCGGAAGTTAT
ACTGTAAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAAC
GGCCCCCAAACTCCTCATCTATATTAATAATC
AGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCT
GGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGC
CATCAGTGGGCTCCGAGTCTGAGGATGAGGCTG
ATTATTACTGTGCAGCATGGGATGAGAGCCTG
AATGGTCATGTGTTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 24783
NA
CAGGTTGCAGCTGGTTGCAGTCTGGGGCCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TTACACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC
TTGCAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAGGCACTATGCAGCAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGTGAT
TACTATGGTTCGGGGAGTTATTATAACGAGTTTTG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 24788
AA
QVKLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARVYYY
GSGSYYNEFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24786
NA
CAGGTTCAAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TTACACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC
TTGCAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAGGCACTATGCAGCAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGTGAT
TACTATGGTTCGGGGAGTTATTATAACGAGTTTTG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 24788

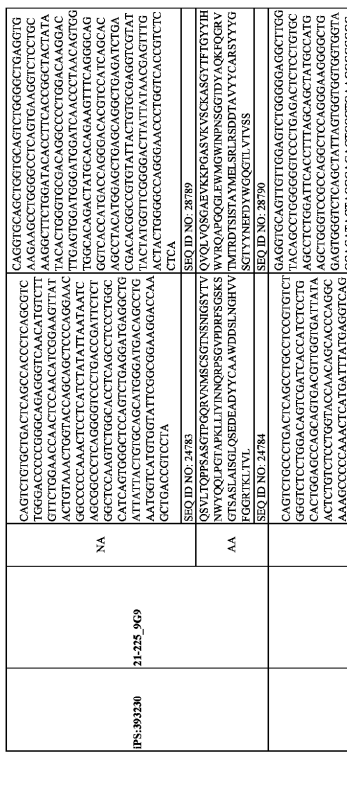
【図５０－２２３】


1098/4125
FIGURE 50
iPS:393222
21-225_17F5
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARSYFY
GSGSYYNEFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24780
NA
CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGTTAT
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 24781
AA
QVKLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARVYYY
GSGSYYNEFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24782
iPS:393224
21-225_31C2
AA
QSVLTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGEKYACW
YQQKPGQSPVLVIYQDRKPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 24778
NA
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAGATAAATTGGGGGACAAATATGCT
TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
TGTGCTGATCATCTATCAAGATAGCAAGCGGCC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
CGGCACGCCGTGTATTACTGTGCGGCATGGGAT
GACAGCCTGAATGGTCATTC
SEQ ID NO: 24777
NA
CAGATCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTCGCTGG
TGAAGCCCACACAGACCCTCACGCTGACCCTGCAC
CTTCTCTGGATTCTCACTCAGCACTAGTGGAGTG
GGTGTGGGCTGGATCCGTCAGCCCCCGGAAAG
GCCCTGGAGTGGCTTGCACTCATTTATTGGGATG
ATGATAAGCGCTACAGCCCATCTCTGAAGAGCA
AGGTGGTCCTCGACAATGACCAACATGGACCCTGT
GCACAGCCACATATTCTGTGCACACTATTATA
GGCGCGGAGGGACCCAACTGACCGTCCTA
TCGTCCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24779
NA
CAGATCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTCGCTGG
TGAAGCCCACACAGACCCTCACGCTGACCCTGCAC
CTTCTCTGGATTCTCACTCAGCACTAGTGGAGTG
GGTGTGGGCTGGATCCGTCAGCCCCCGGAAAG
GCCCTGGAGTGGCTTGCACTCATTTATTGGGATG
ATGATAAGCGCTACAGCCCATCTCTGAAGAGCA
AGGTGGTCCTCGACAATGACCAACATGGACCCTGT
GCACAGCCACATATTCTGTGCACACTATTATA
GGCGCGGAGGGACCAACTGACCGTCCTA
TCGTCCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24785

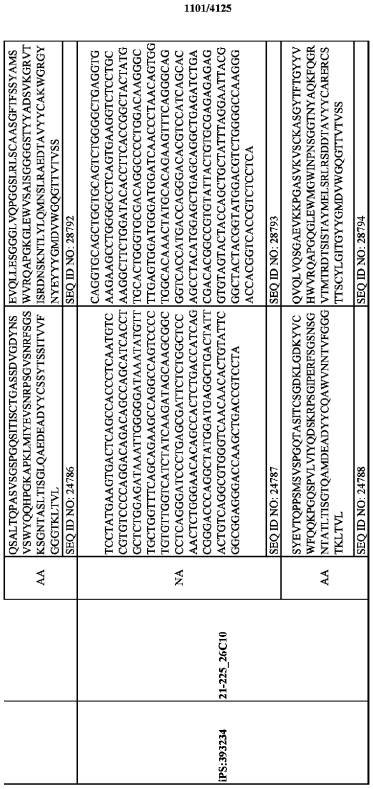
【図５０－２２４】


1099/4125
FIGURE 50
iPS:393230
21-225_9G9
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYAY
WFQQKPGQSPVLVIYQDKRPSGIPERFSGSNSG
NTALTISGTQAMDEADYYCQAWDSNTAVFGG
GTKLTVL
SEQ ID NO: 24781
NA
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAGATAAATTGGGGGACAAATATGCT
TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
TGTGCTGATCATCTATCAAGATAGCAAGCGGCC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
CGGCACGCCGTGTATTACTGTGCGGCATGGGAT
GACAGCCTGAATGGTCATTC
SEQ ID NO: 24777
NA
CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTC
TGGGACCCCGGGCAGAGGTCAACATCTCTT
GTTCTGGAACCAACTCCAACATCGGAAGTTAT
ACTGTAAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAAC
GGCCCCCAAACTCCTCATCTATATTAATAATC
AGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCT
GGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGC
CATCAGTGGGCTCCGAGTCTGAGGATGAGGCTG
ATTATTACTGTGCAGCATGGGATGAGAGCCTG
AATGGTCATGTGTTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 24783
NA
CAGGTTGCAGCTGGTTGCAGTCTGGGGCCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TTACACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC
TTGCAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAGGCACTATGCAGCAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGTTAT
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 24788

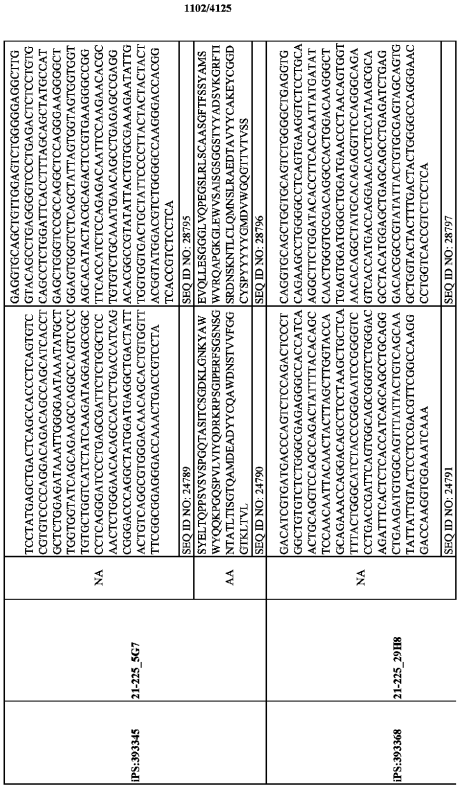
【図５０－２２５】



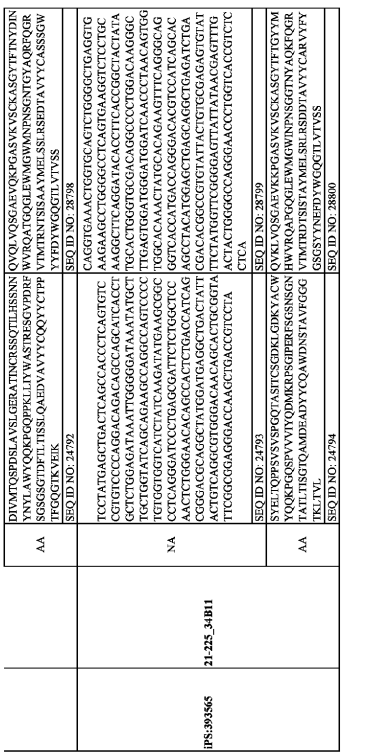
【図５０－２２６】



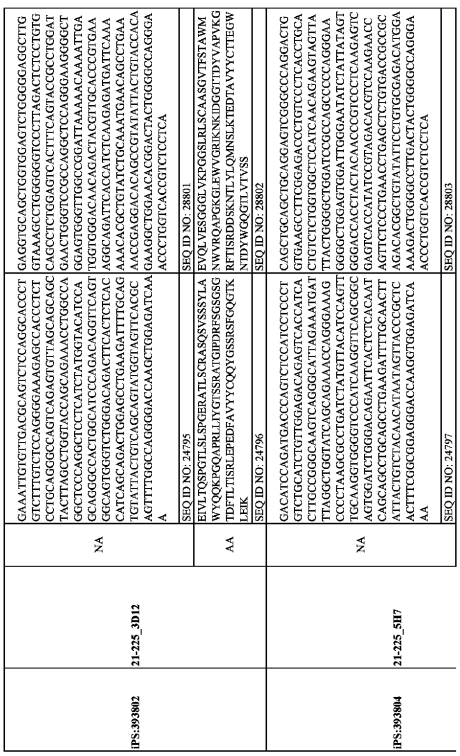
【図５０－２２７】



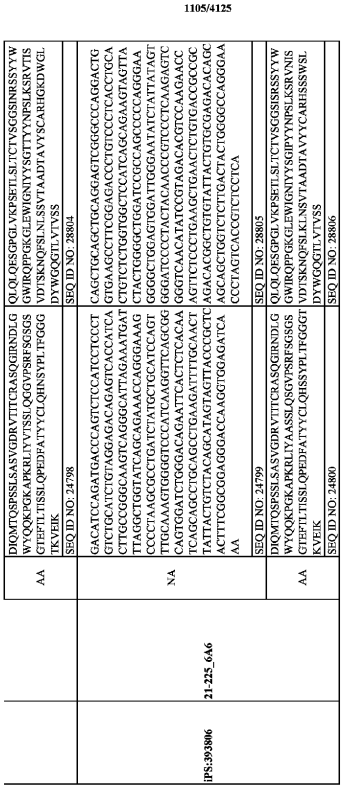
【図５０－２２８】



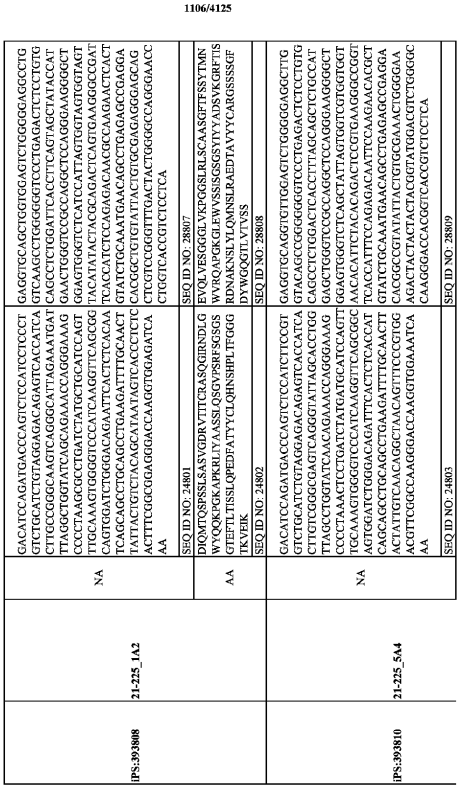
【図５０－２２９】



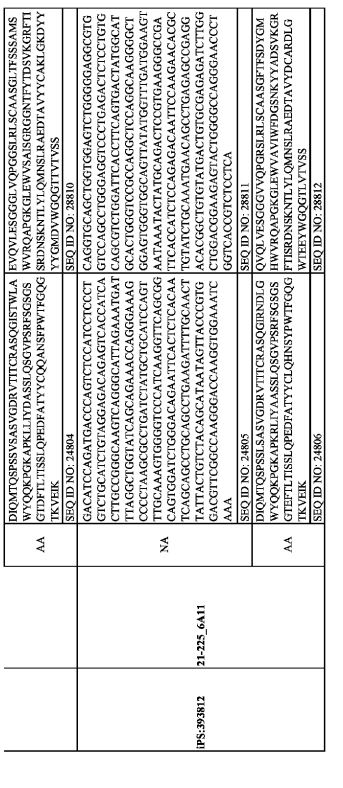
【図５０－２３０】



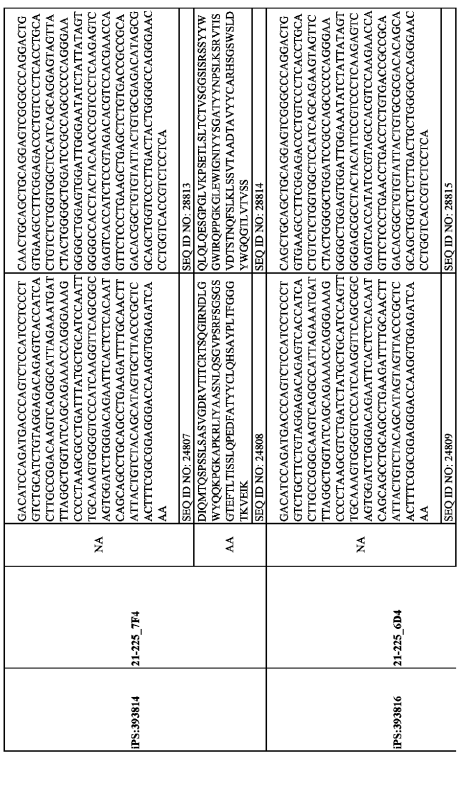
【図５０－２３１】



【図５０－２３２】



【図５０－２３３】



10

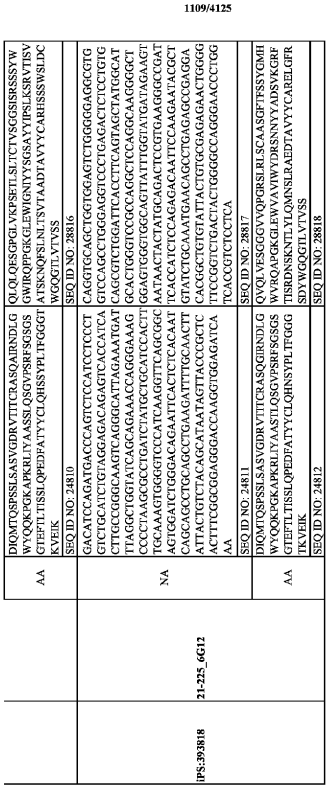
20

30

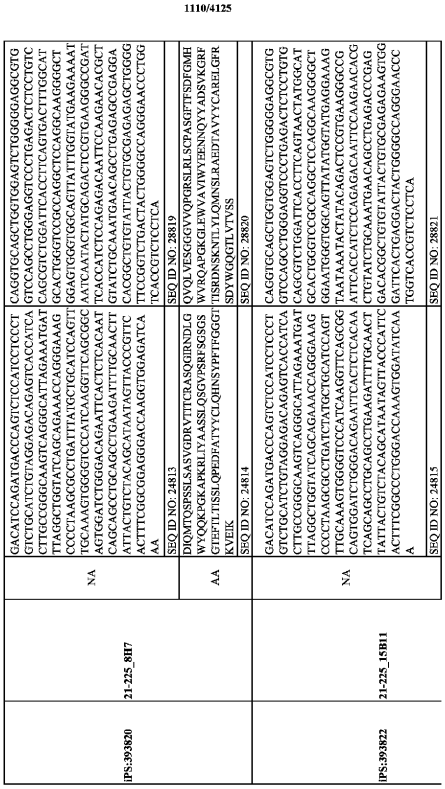
40

50

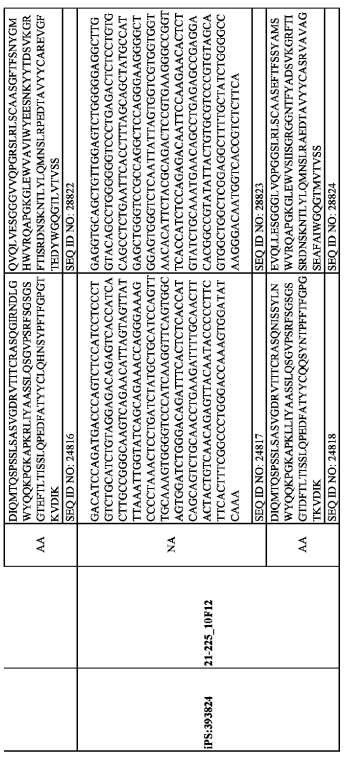
【図５０－２３４】



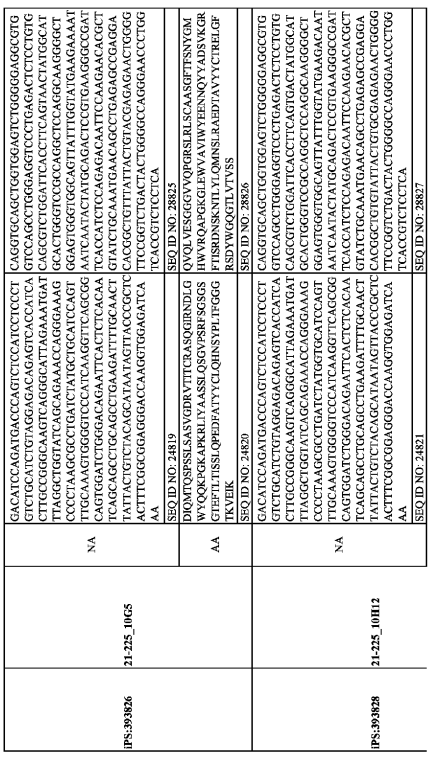
【図５０－２３５】



【図５０－２３６】



【図５０－２３７】



10

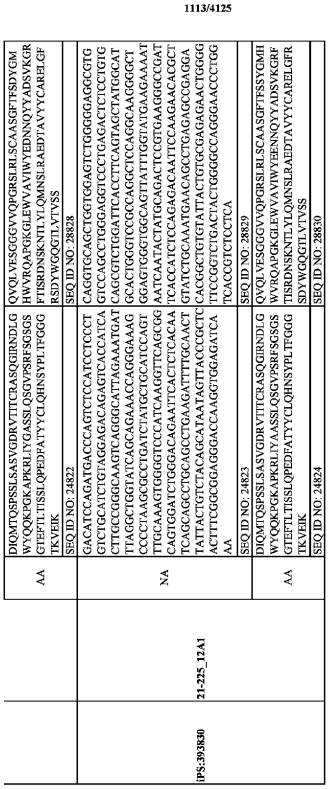
20

30

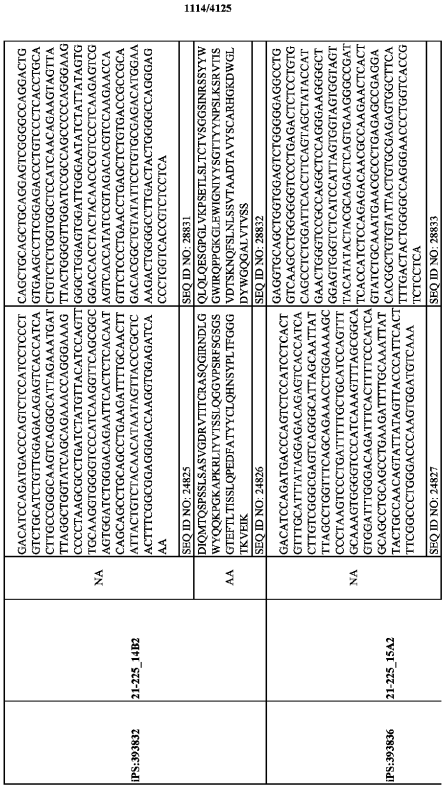
40

50

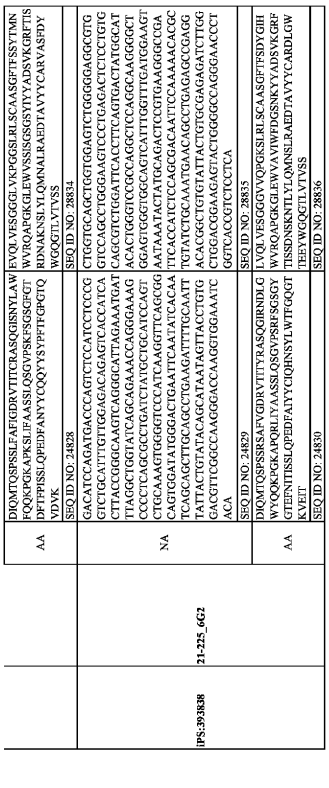
【図５０－２３８】



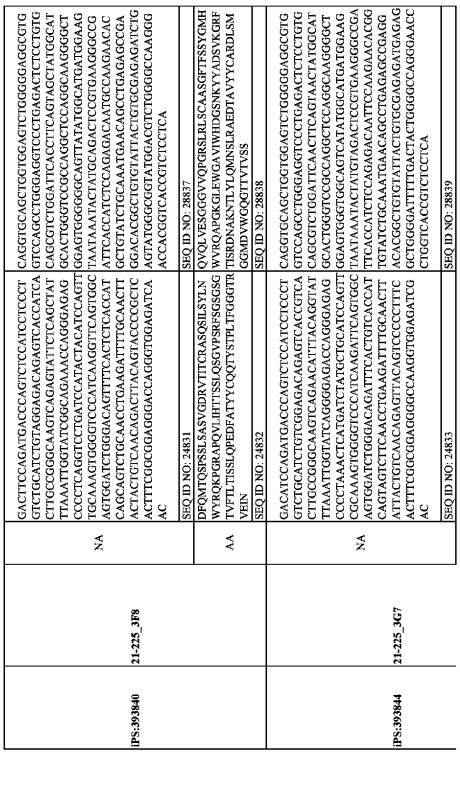
【図５０－２３９】



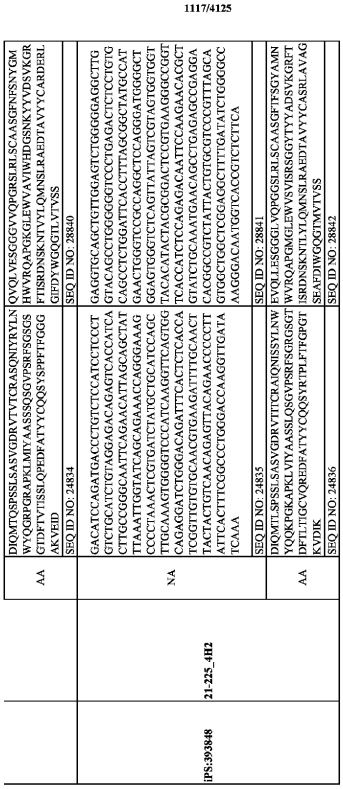
【図５０－２４０】



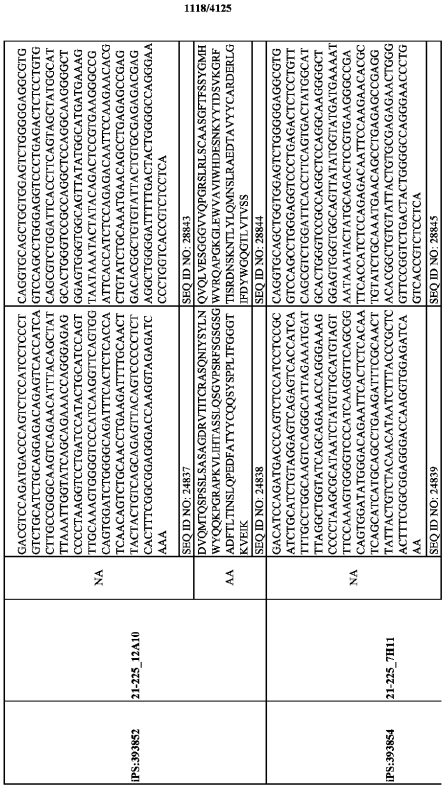
【図５０－２４１】



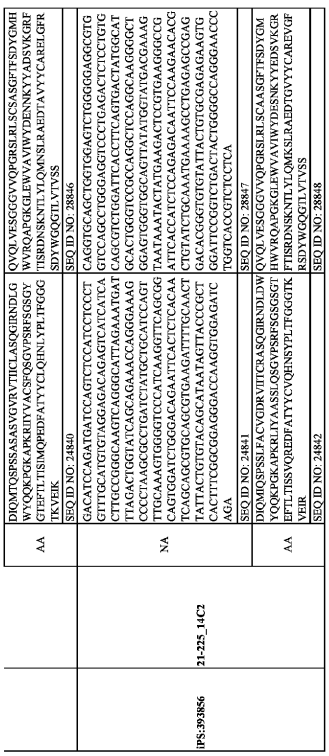
【図５０－２４２】



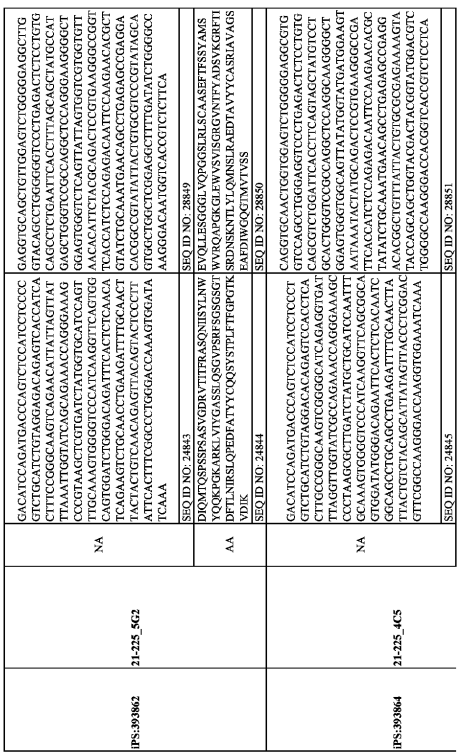
【図５０－２４３】



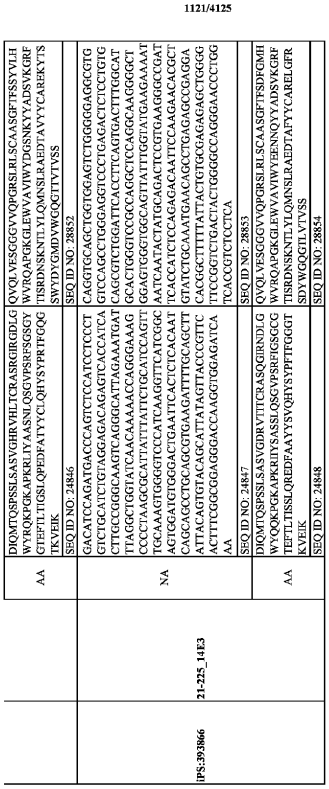
【図５０－２４４】



【図５０－２４５】



【図５０－２４６】

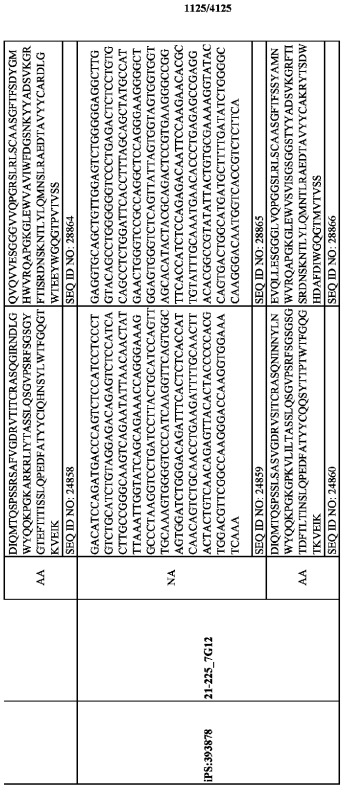


【図５０－２４７】

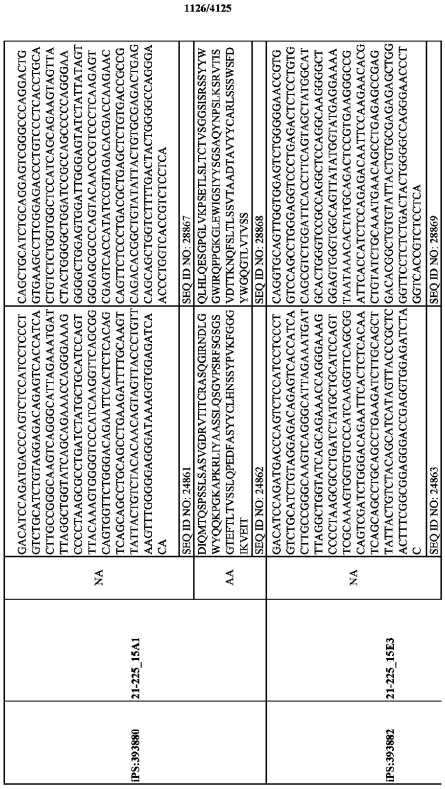
【図５０－２４８】

【図５０－２４９】

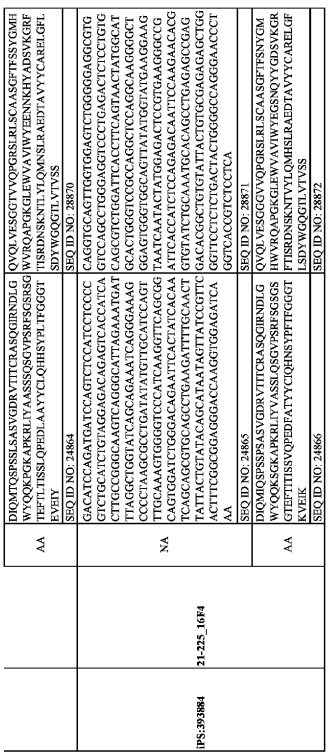
【図５０－２５０】



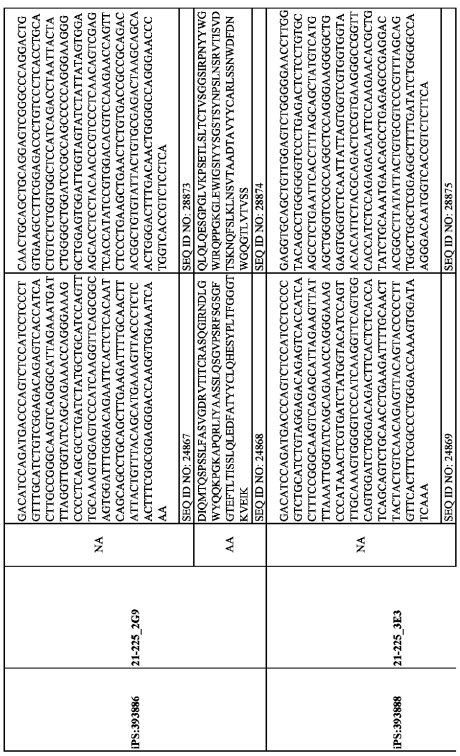
【図５０－２５１】



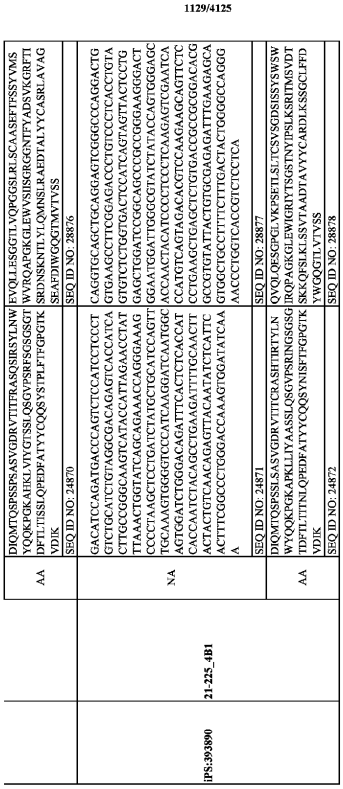
【図５０－２５２】



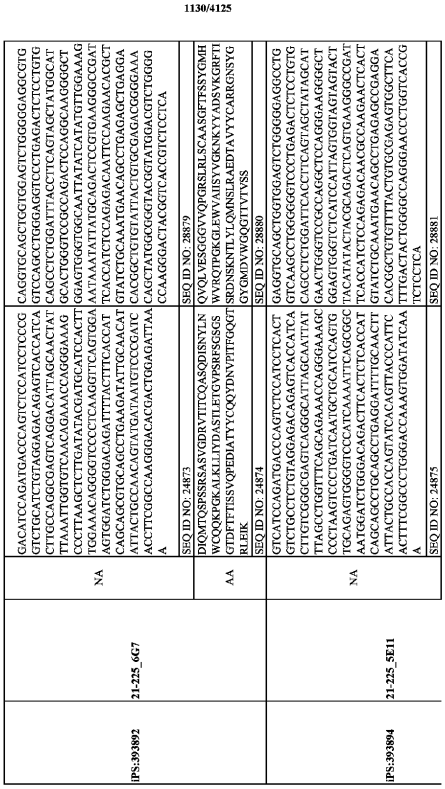
【図５０－２５３】



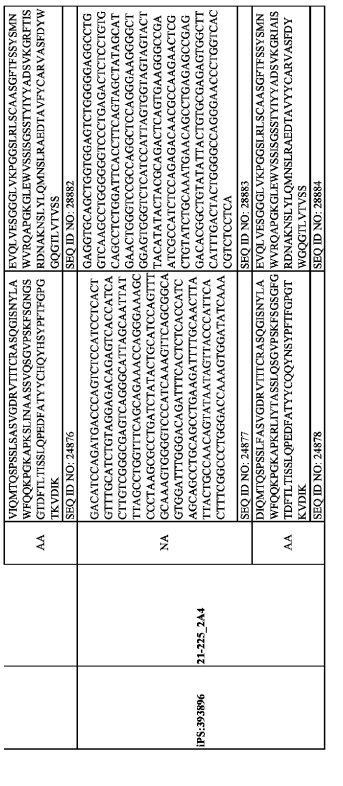
【図５０－２５４】



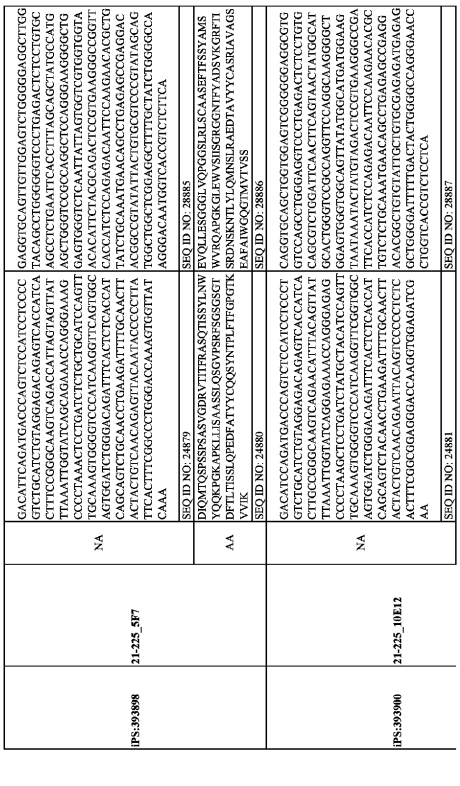
【図５０－２５５】



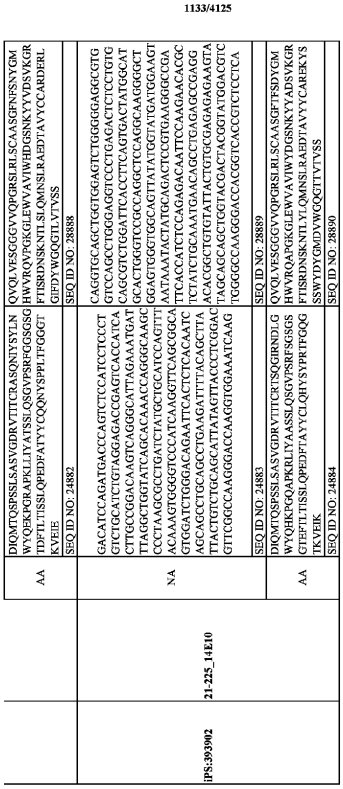
【図５０－２５６】



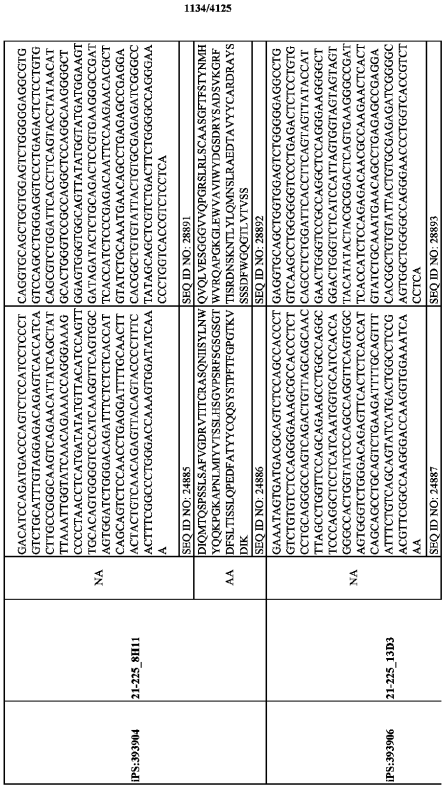
【図５０－２５７】



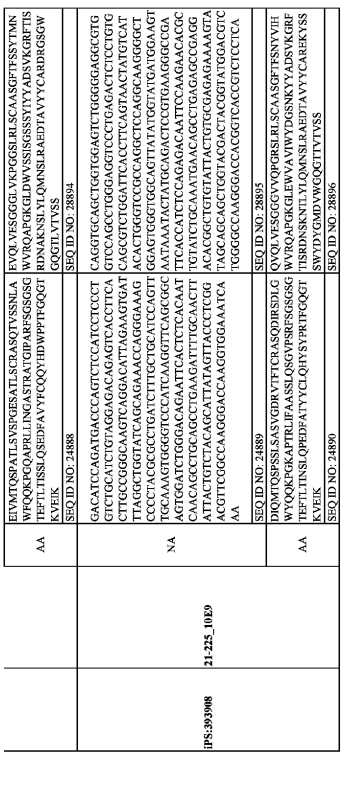
【図５０－２５８】



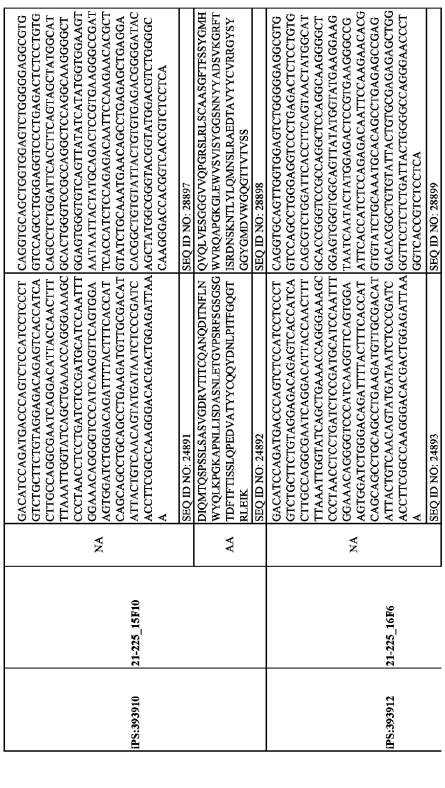
【図５０－２５９】



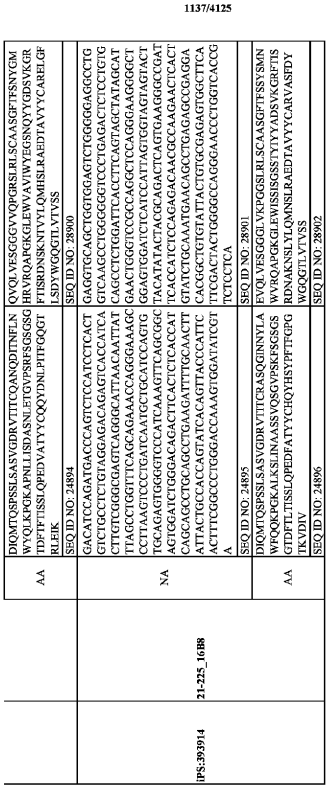
【図５０－２６０】



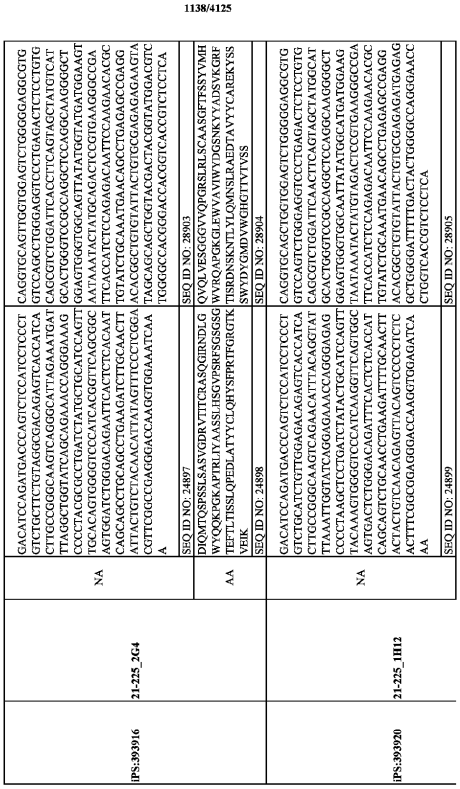
【図５０－２６１】



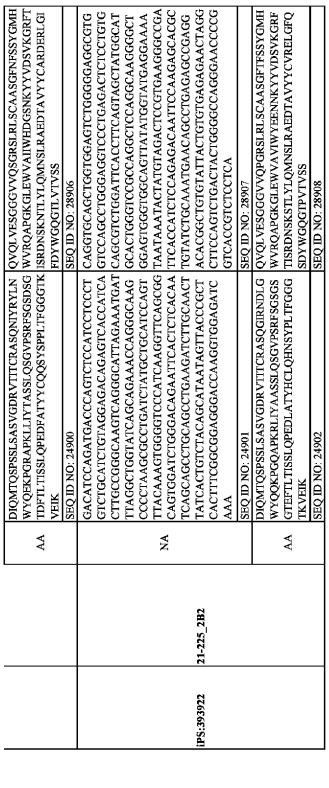
【図５０－２６２】



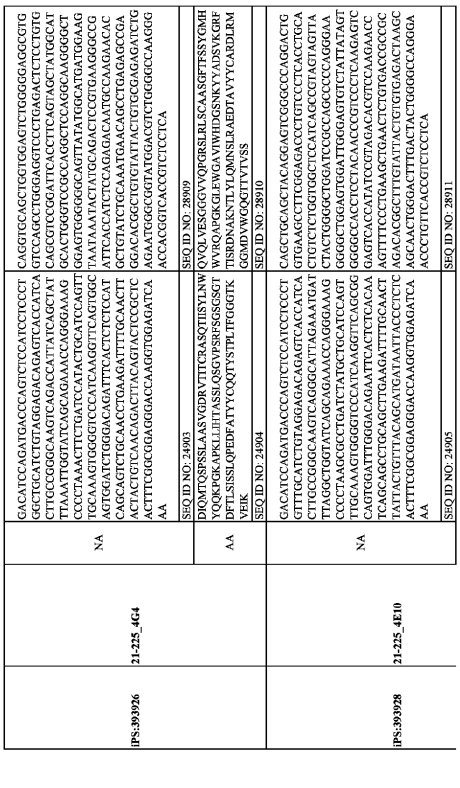
【図５０－２６３】



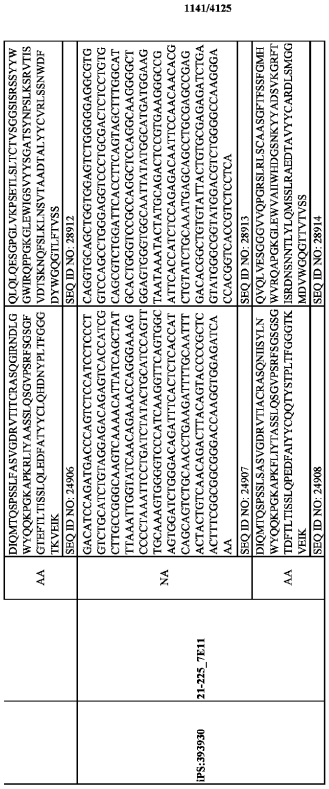
【図５０－２６４】



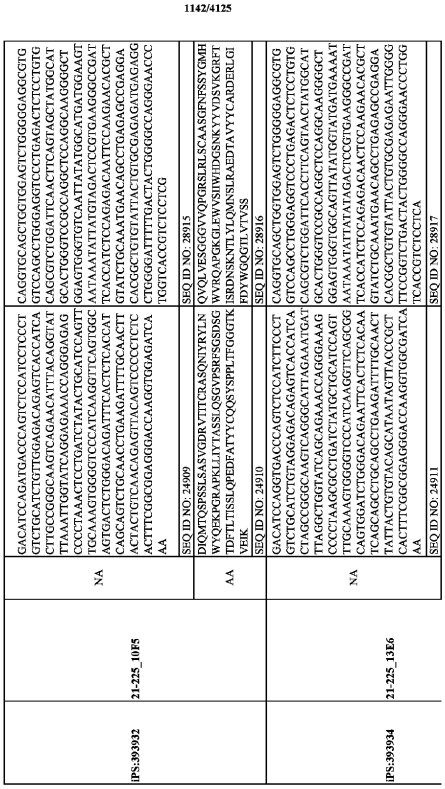
【図５０－２６５】



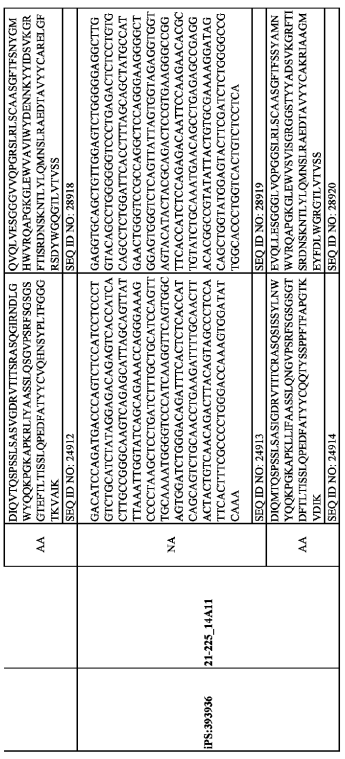
【図５０－２６６】



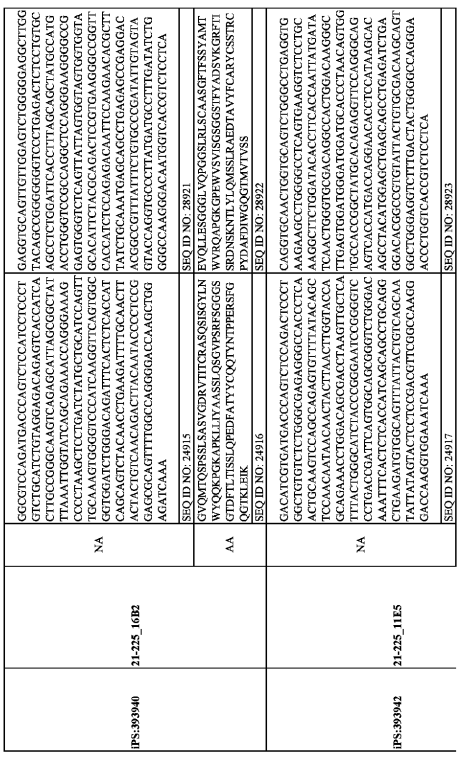
【図５０－２６７】



【図５０－２６８】



【図５０－２６９】



10

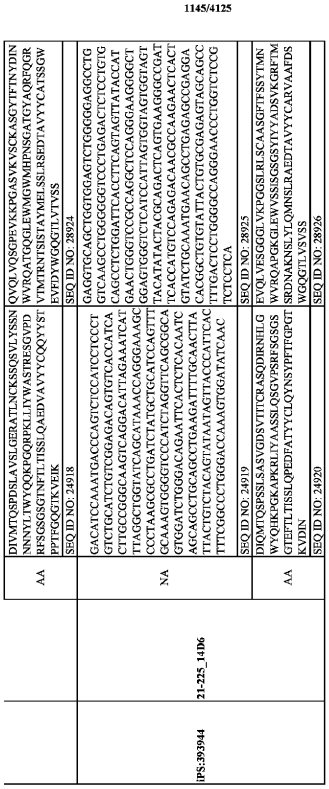
20

30

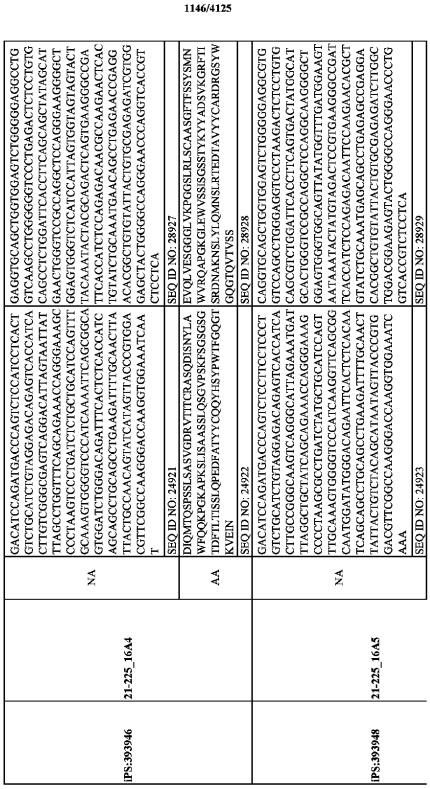
40

50

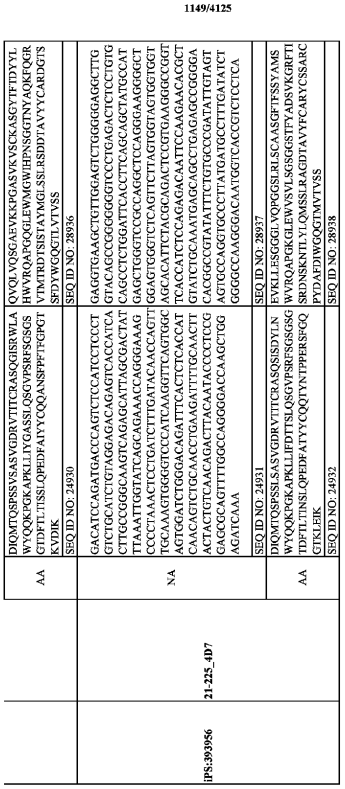
【図５０－２７０】



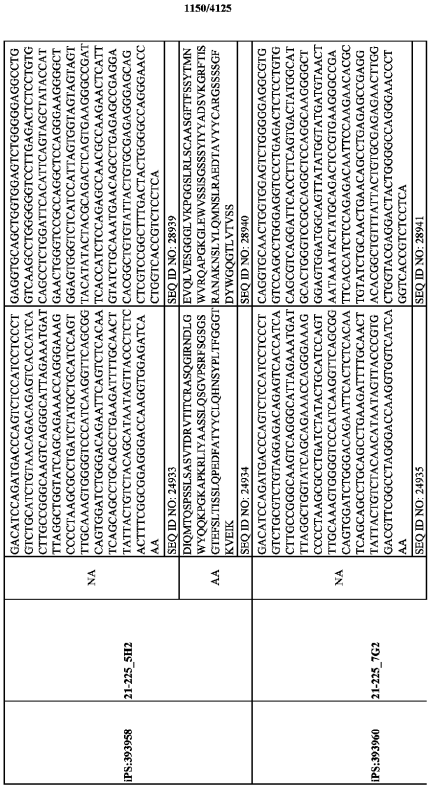
【図５０－２７１】


1146/4125
FIGURE 50
IPS:393946
21-225_16A4
AA
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTAGTAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAATTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGTGG
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 24921
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDINFLA
WYQQKPGKAPKSLISYASSLQSGVPSKFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQYHSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 24922
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCCTCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 24923
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTAGTAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAATTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGTGG
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 24924
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACCGCCATCACCT
GCTCTGGAGATAAATTGGGGGATAAAATATGCT
TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAGCGAGCGC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACAAAGCCACTCTGACCATCAG
CGGGACCCAGGCTATGAGGTGACTATT
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATA
TTCGGCCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 24925
SYELSQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGEKYACW
YQQKPQQSPVLVIYQDRKRPSGIPERFSGSNSGN
KATLTISGTQAMDEADYYCQAWVNNTMIFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 24926
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWFDGSNKYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMSSLRAEDTAVYYCARDLGW
TEEFYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 24927
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINNYLA
WYQQKSGKAPKSLISYASSLQTGVPSRFSGSGS
TDFTLTISSLQPEDIATYYCQQYNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24928
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCCACCATC
AGGGTCGCAGCTGGTCGAGATCTACCTACCA
ACTGGCATCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGG
ATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCA
GCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAACTTATTAC
TGTCAACAGTATAATAGTTACCCTCTCACTTTC
GGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA
SEQ ID NO: 24929
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGCAGCTATGCA
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAG

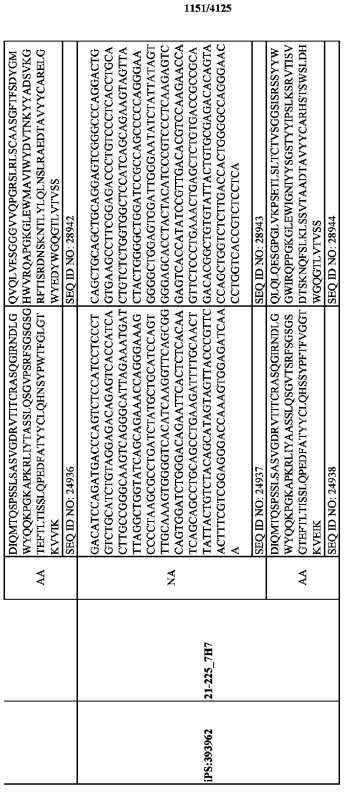
【図５０－２７４】


1149/4125
FIGURE 50
iPS:393956
21-225_4D7
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISRWLA
WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 24930
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAGTAGTTACCCGTTC
ACTTTCGTCCGGAGGGACCAAAGTTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 24931
iPS:393958
21-225_5H2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
QLQLQPSGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYYW
WTQQRPGKAPKRLLYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24933
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAACAGACAGATCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCAGTCTCACAA
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCTCC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 24934
iPS:393960
21-225_7G2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLLYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFSLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24935
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCGTACG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 24936
iPS:393962
21-225_7H7
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLLYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24937
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCAGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCATCCAAT
TTGCAAACTGGGGTCCCATCAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGCTATAGTACTTCCCGTTC
ACTTTCGTCCGGAGGGACCAAAGTTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 24938
iPS:393964
21-225_6G1
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQNIISYLNW
YQQKPGKAPKVLIYTASNLQTGVPSGFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCQQPHSPLTFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 24939
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGGTCCTGATCTATGACTGCATCCAAT
TTGCAAACTGGGGTCCCATCAGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGCCTCCACGGTCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 24940
iPS:393966
21-225_7F8
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
YQQKPGKAPKVLIYTASNLQSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCLQDFNYPRTFGQGTK
VEIK
SEQ ID NO: 24941
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTTTCAGTTATTAGTGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAACTGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTTTATTACTGTGCGAGAGATCGT
CTGGTACGGAGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24942
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTTTCAGTTATTAGTGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTTTATTACTGTGCGAGAGATCGT
CTGGTACGGAGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24943
iPS:393962
21-225_7H7
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
QLQLQPSGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYYW
WTQQRPGKAPKRLLYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 24944
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCAGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCATCCAAT
TTGCAAACTGGGGTCCCATCAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGCTATAGTACTTCCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 24945
iPS:393964
21-225_6G1
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQNIISYLNW
YQQKPGKAPKVLIYTASNLQTGVPSGFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCQQPHSPLTFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 24946
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGGTCCTGATCTATGACTGCATCCAAT
TTGCAAACTGGGGTCCCATCAGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGCCTCCACGGTCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 24947
iPS:393966
21-225_7F8
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
YQQKPGKAPKVLIYTASNLQSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCLQDFNYPRTFGQGTK
VEIK
SEQ ID NO: 24948
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTTTCAGTTATTAGTGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTTTATTACTGTGCGAGAGATCGT
CTGGTACGGAGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 24949

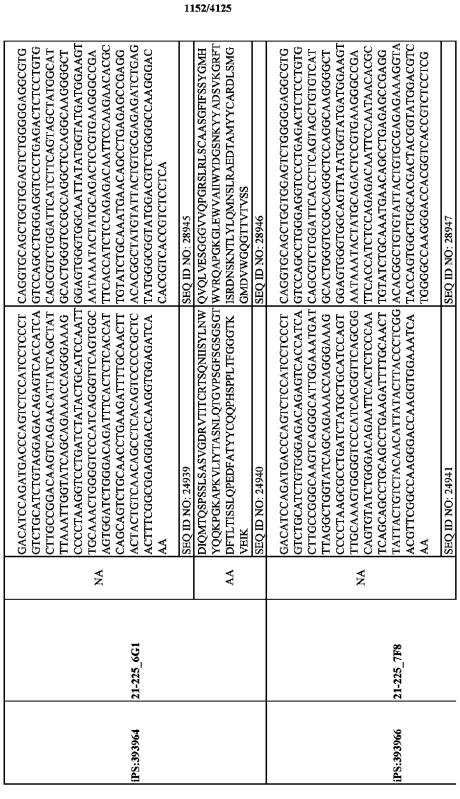
【図５０－２７５】


1150/4125
FIGURE 50
iPS:393956
21-225_4D7
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYYL
HWVRQAPGQGLEWMGWIEPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMGLSSLRSDDTAVYYCARDGFS
SFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 28936
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCAAGCCTGGGGGGTCCTTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCGGATTCACATTCAGTAGCTATACCAT
GAACTCGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGTATT
TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGCCAACGCCAAGAACTCATT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTTATTACTGTGCGAGAGGCCAG
CTCGTCCGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 28939
iPS:393958
21-225_5H2
AA
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYTMN
WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGSSSGF
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 28940
NA
GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CTTGCAGCCTCTGGATTCACATTCAGTAGCTATGC
CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTAGTGGTA
GCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATCGT
CTGGTACGGAGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 28941
iPS:393960
21-225_7G2
AA
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYTMN
WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGSSSGF
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 28938
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCAAGCCTGGGGGGTCCTTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCGGATTCACATTCAGTAGCTATACCAT
GAACTCGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGTATT
TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGCCAACGCCAAGAACTCATT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTTATTACTGTGCGAGAGGCCAG
CTCGTCCGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 28942
NA
GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACATTCAGTAGCTATGCC
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTAGTGGTA
GCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATCGT
CTGGTACGGAGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 28943
iPS:393962
21-225_7H7
AA
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYTMN
WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGSSSGF
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 28944
NA
GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACATTCAGTAGCTATGCC
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTAGTGGTA
GCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATCGT
CTGGTACGGAGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 28945

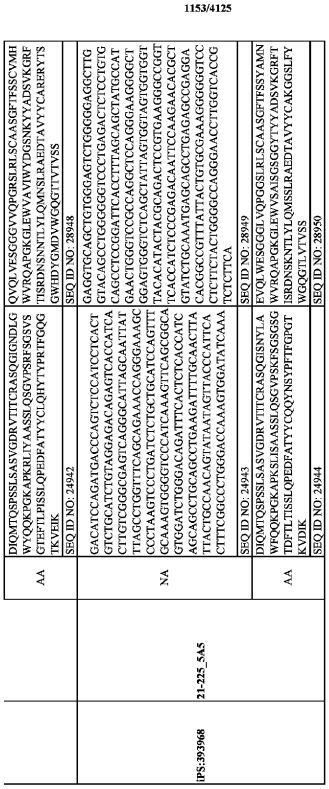
【図５０－２７６】


1151/4125
FIGURE 50
iPS:393964
21-225_6G1
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQNIISYLNW
YQQKPGKAPKVLIYTASNLQTGVPSGFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCQQPHSPLTFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 24939
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGGTCCTGATCTATGACTGCATCCAAT
TTGCAAACTGGGGTCCCATCAGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGCCTCCACGGTCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 24940
iPS:393966
21-225_7F8
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
YQQKPGKAPKVLIYTASNLQSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCLQDFNYPRTFGQGTK
VEIK
SEQ ID NO: 24941
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTTTCAGTTATTAGTGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTTTATTACTGTGCGAGAGATCGTC
TGGTACGGAGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCG
SEQ ID NO: 24947

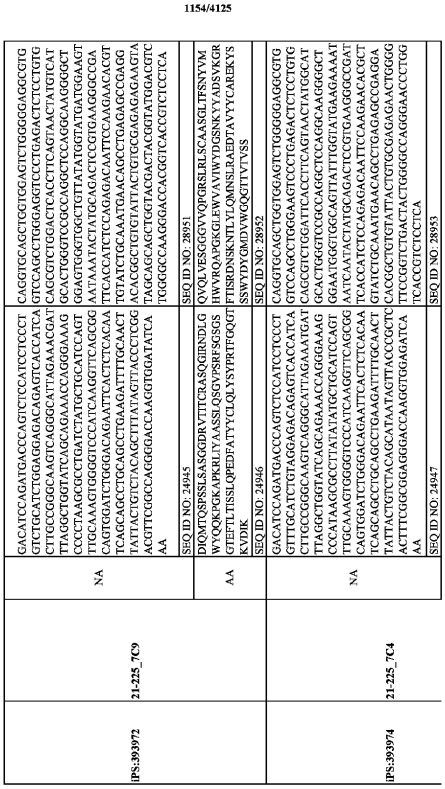
【図５０－２７７】



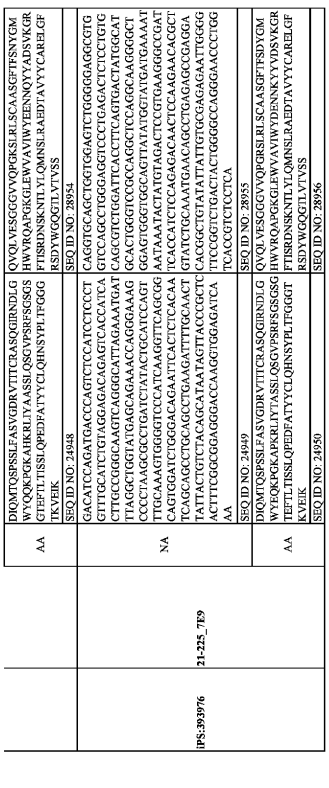
【図５０－２７８】



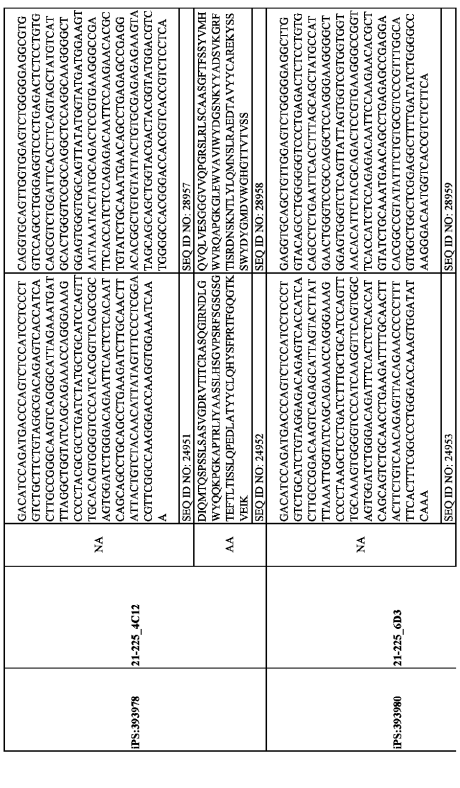
【図５０－２７９】



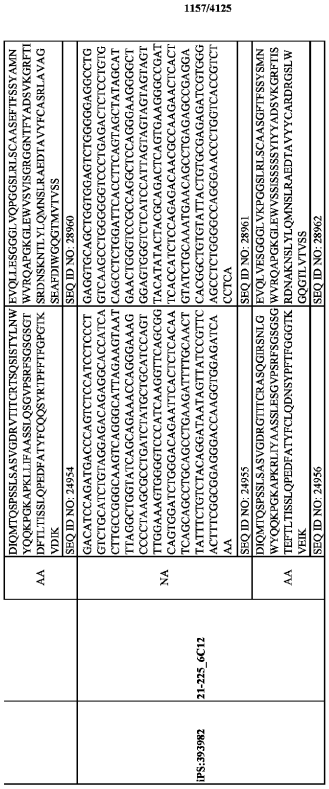
【図５０－２８０】



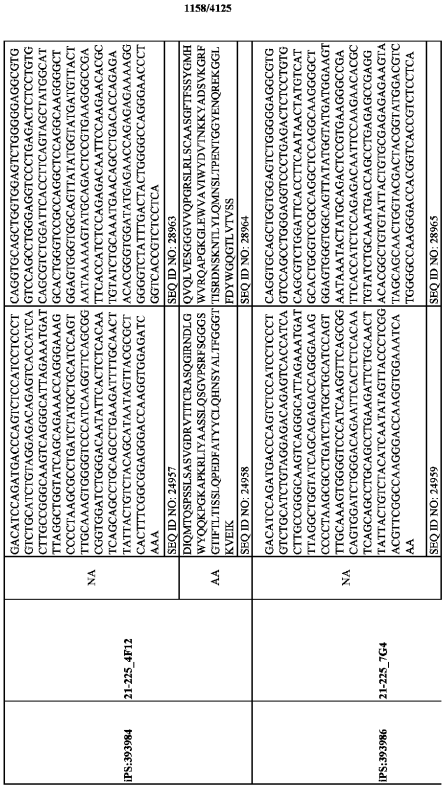
【図５０－２８１】



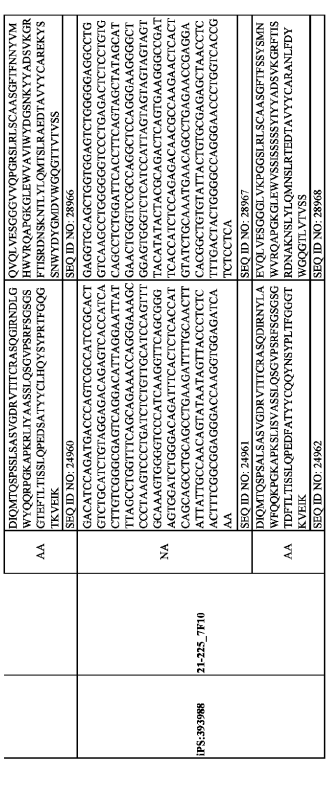
【図５０－２８２】



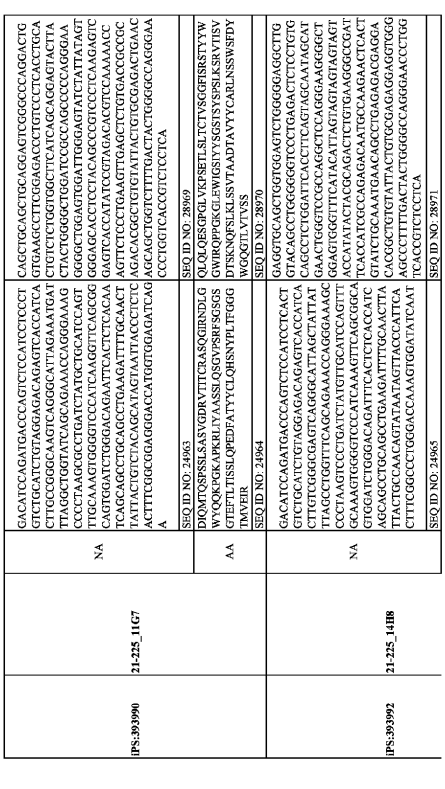
【図５０－２８３】



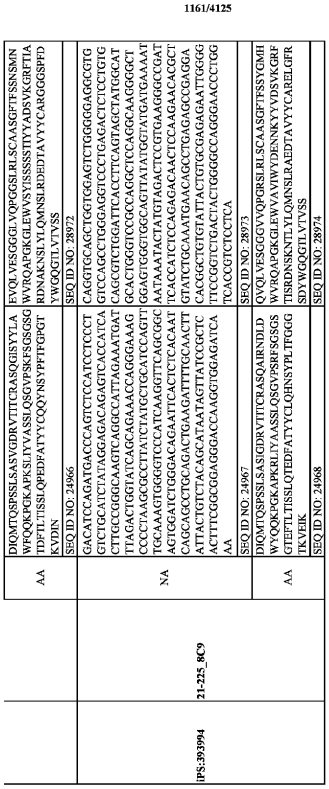
【図５０－２８４】



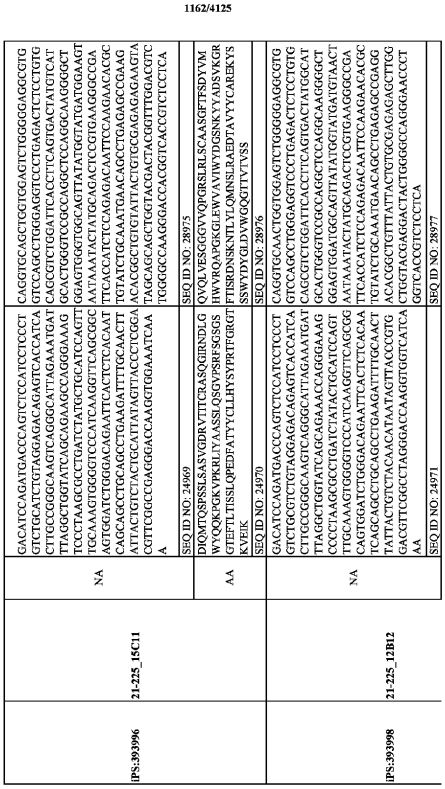
【図５０－２８５】



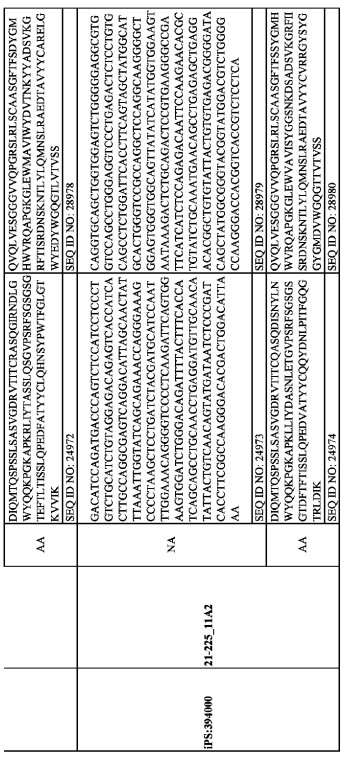
【図５０－２８６】



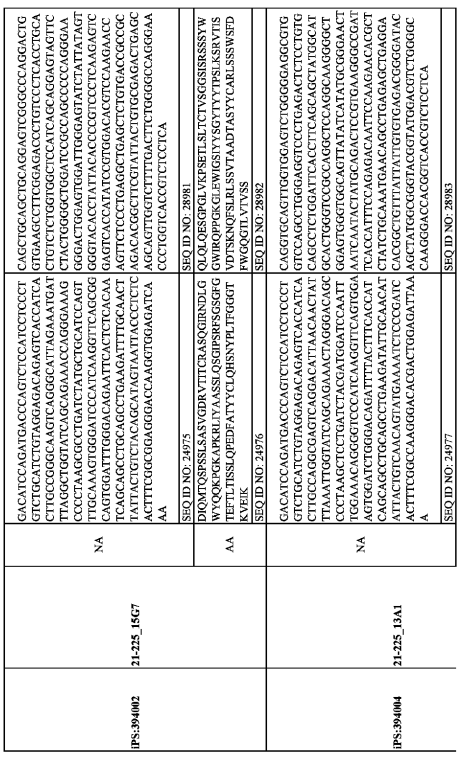
【図５０－２８７】



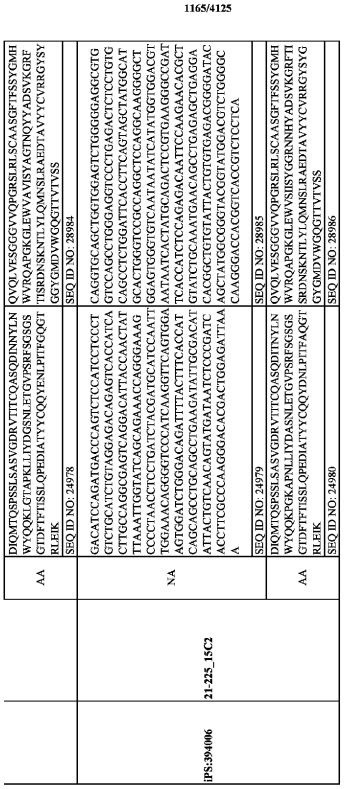
【図５０－２８８】



【図５０－２８９】

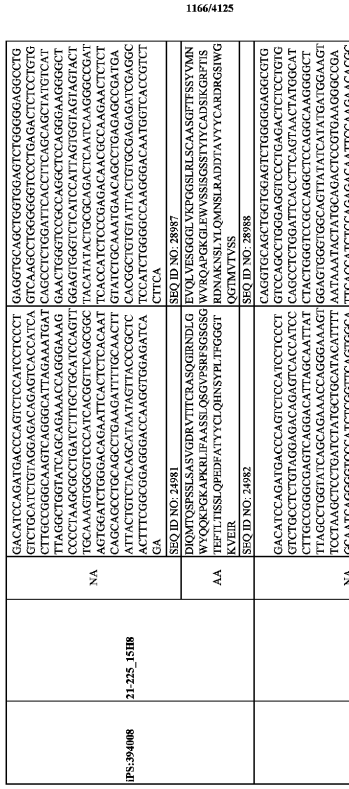


【図５０－２９０】



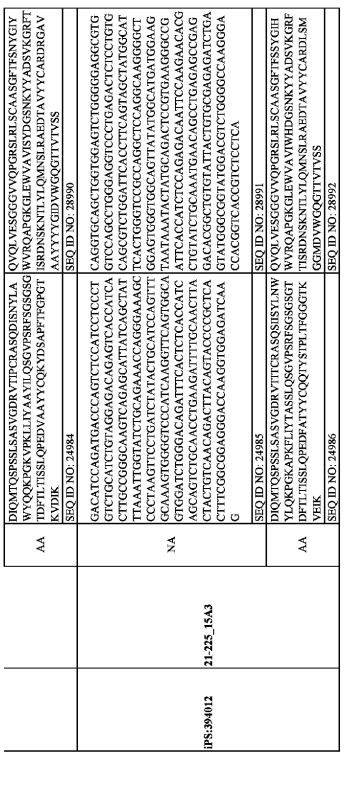
iPS:394006	21-225_15C2	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDINYLN WYQQKLGTAPKLLIYDGSNLETGVPSRFSGSGS GTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYENLPITFGQGT RLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVISYAGTNQYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRRGYSY GGYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 24978	SEQ ID NO: 28984
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGTCCGAGTTCAGGACATTTACCTATCAG TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAAG CCCCTAACCTCCTGATCTACGATGCCAATAATTT GGAAAACAGGGGTTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACAT ATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGATC ACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGTCCGAGTTCAGGACATTTACCTATCAG TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAAG CCCCTAACCTCCTGATCTACGATGCCAATAATTT GGAAAACAGGGGTTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACAT ATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGATC ACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA A
			SEQ ID NO: 24979	SEQ ID NO: 28985
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDINYLN WYQQKLGKAPKLLIYDGSNLETGVPSRFSGSGS GTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYDNLPITFAQGT RLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVSIISYAGTNQYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRRGYSY GTGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 24980	SEQ ID NO: 28986

【図５０－２９１】



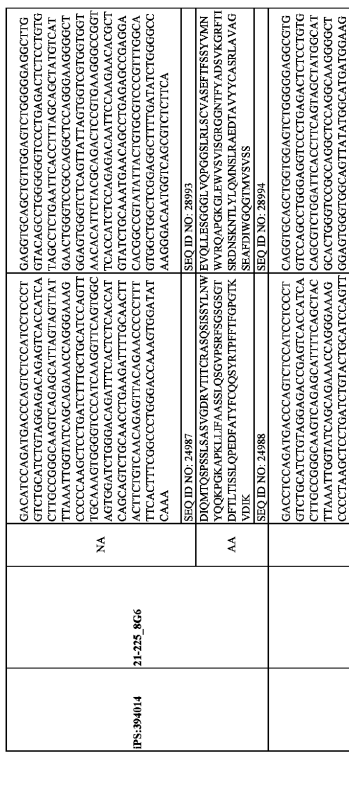
iPS:394008	21-225_15H8	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDINDLG WYQQKPGKAPKRLIFAASLQSGVPSKFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT KVEIR	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYWMN WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYCADRVKGRF RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGSIWG QGTMVTVSS
			SEQ ID NO: 24982	SEQ ID NO: 28988
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGTCCGAGTTCAGGACATTTACCTATCAG TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCCAGCAATTT GGAAAACAGGGGTCCCATCTCGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACAT ATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGATC ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGTCCGAGTTCAGGACATTTACCTATCAG TTAGCCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAAGGGCT CCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCCAGCAATTT GGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACAT ATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGATC ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
			SEQ ID NO: 24983	SEQ ID NO: 28989

【図５０－２９２】



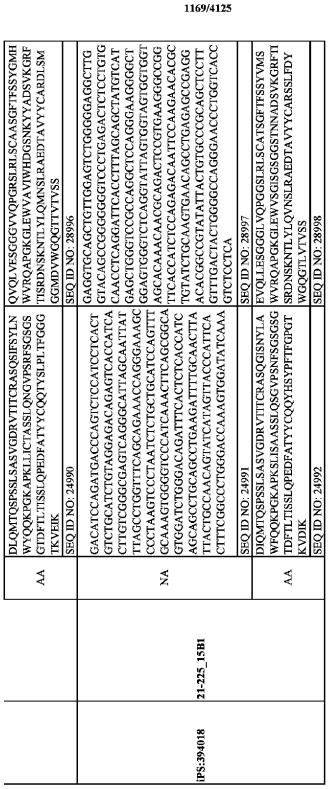
iPS:394012	21-225_15A3	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISYLNW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSTPPLTFGQGTK VEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGIH WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLSM GGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 24985	SEQ ID NO: 28991
		NA	CAGATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGTAATTAT TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACTTA CTACTGTCAACAGACTTACAGTACCCCGCTCA CTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA G	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGTCCGAGTTCAGGACATTTACCTATCAG TTAGCCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAAGGGCT CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACTTA CTACTGTCAACAGACTTACAGTACCCCGCTCA CTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA G
			SEQ ID NO: 24986	SEQ ID NO: 28992

【図５０－２９３】

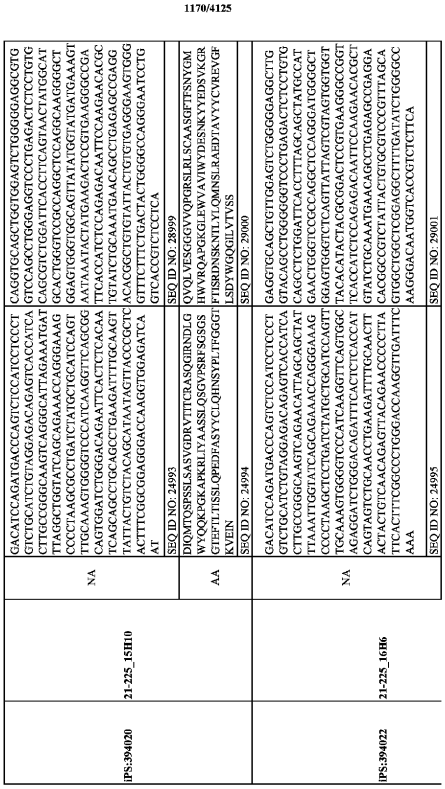


iPS:394014	21-225_8G6	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISYLNW YQQKPGKAPKLLIFAASSLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSTPPLTFGQGTK VDIK	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCVASEFTFSSYVMN WVRQAPGKGLEWVSVISGRGGNTFYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCASRLAVAG SEAFDIWGQGTMVSVSS
			SEQ ID NO: 24987	SEQ ID NO: 28993
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGTTATT TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCCAAGCTCCTGATCTATTCTGCATCCAGTT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGCAGCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTTT TTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAAGTGGATAT CAAA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCGAGTCAGAGCATTAGTTATT TAGCCTGGAATTCACCTTTAGCAGCTATGTCAT GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAAGGGCT GGAGTGGGTCTCTGATTATTAGTGGTCGTGGTGGT AACACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT GTATCTGCAAATGGACAGCCTGAGAGCCGAGGA CACGGCCGTATATTACTGTGGCGAGTCTCCTGTG ATGCCTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATG AAGGGACAATTGGTCAGCGTCTCTTCA
			SEQ ID NO: 24988	SEQ ID NO: 28994
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGTCCGAGTTCAGGACATTTACCTATCAG TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCCAGCAATTT GGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACTTA CTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTTT ACTTTCGGCGGAGGGACCAAAGTGGATATCAA AA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGTCCGAGTTCAGGACATTTACCTATCAG TTAGCCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAAGGGCT CCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCCAGCAATTT GGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACTTA CTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTTT ACTTTCGGCGGAGGGACCAAAGTGGATATCAA AA
			SEQ ID NO: 24989	SEQ ID NO: 28995

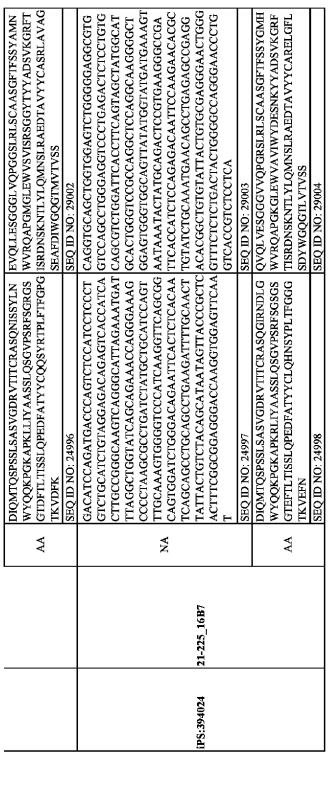
【図５０－２９４】



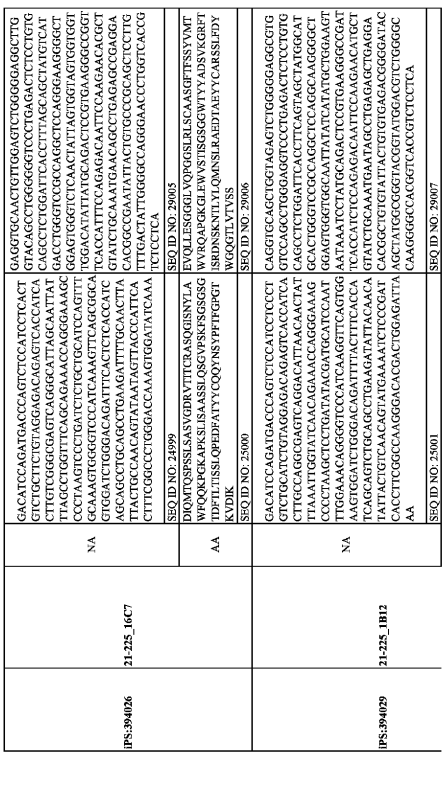
【図５０－２９５】



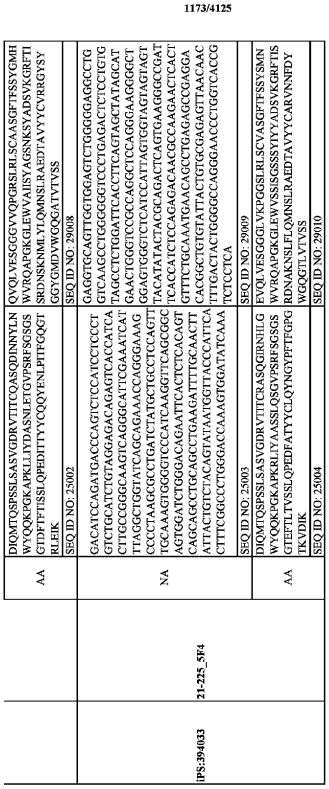
【図５０－２９６】



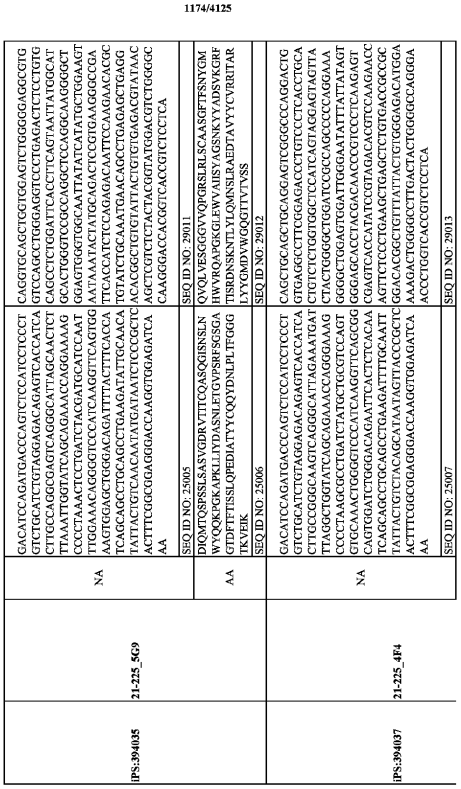
【図５０－２９７】



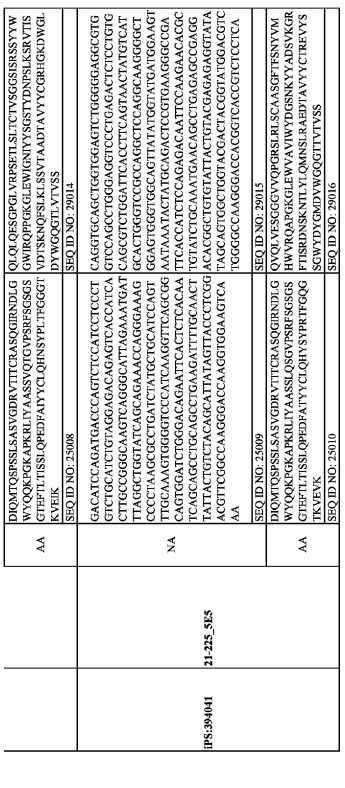
【図５０－２９８】



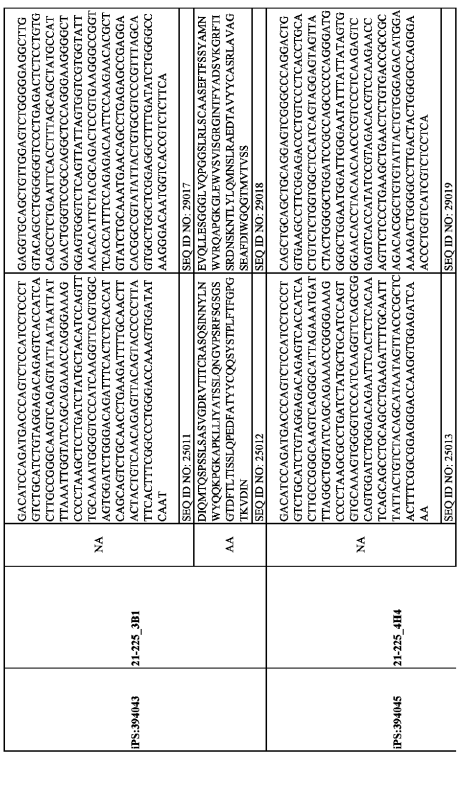
【図５０－２９９】



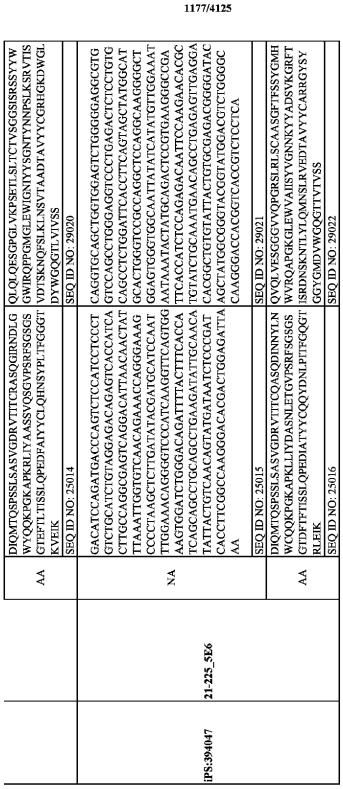
【図５０－３００】



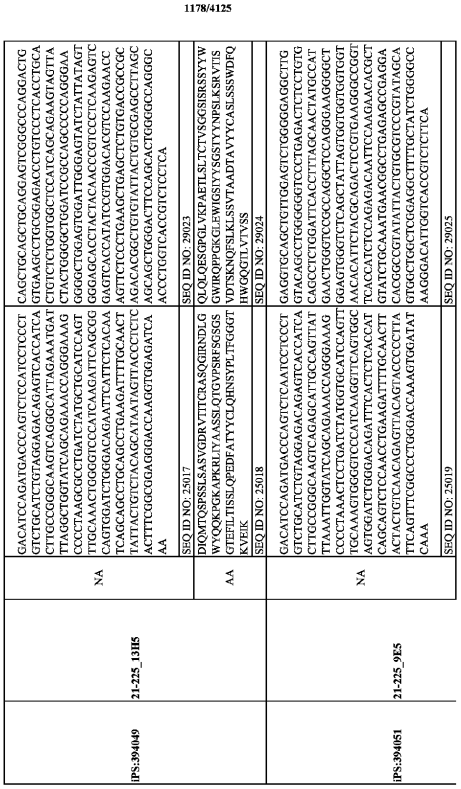
【図５０－３０１】



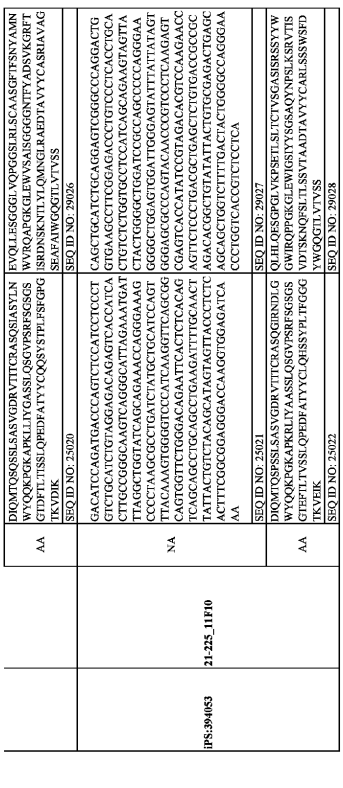
【図５０－３０２】



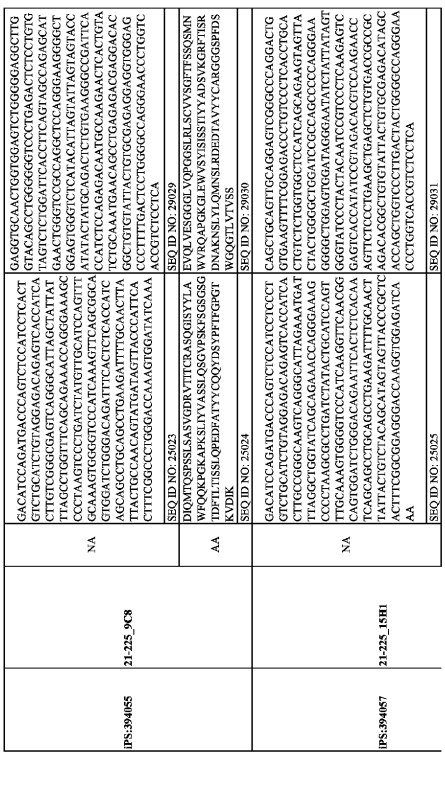
【図５０－３０３】



【図５０－３０４】



【図５０－３０５】



10

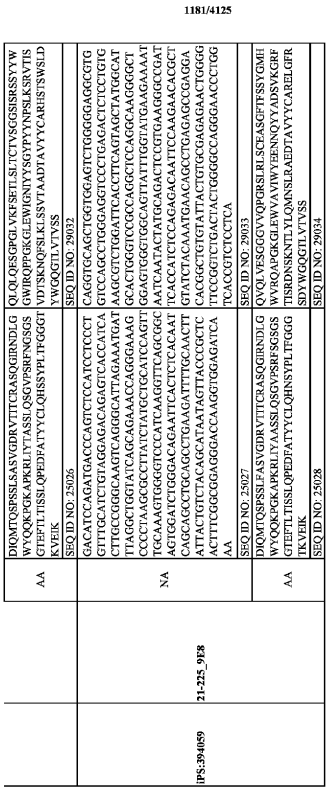
20

30

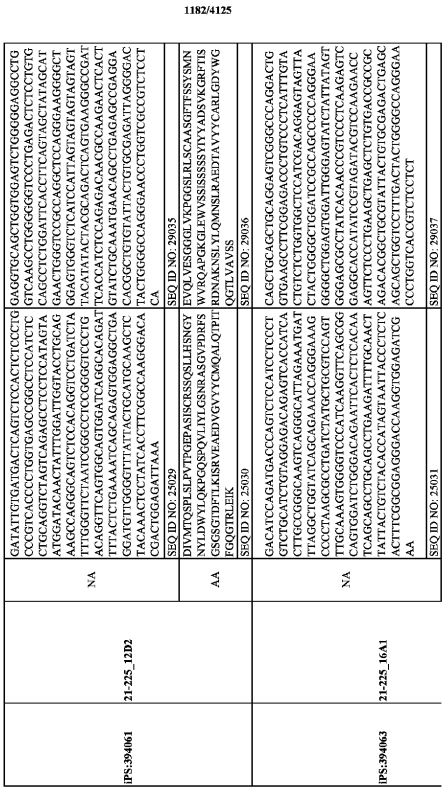
40

50

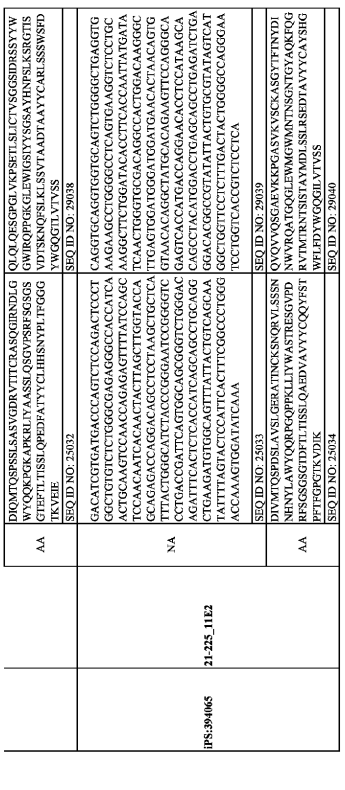
【図５０－３０６】



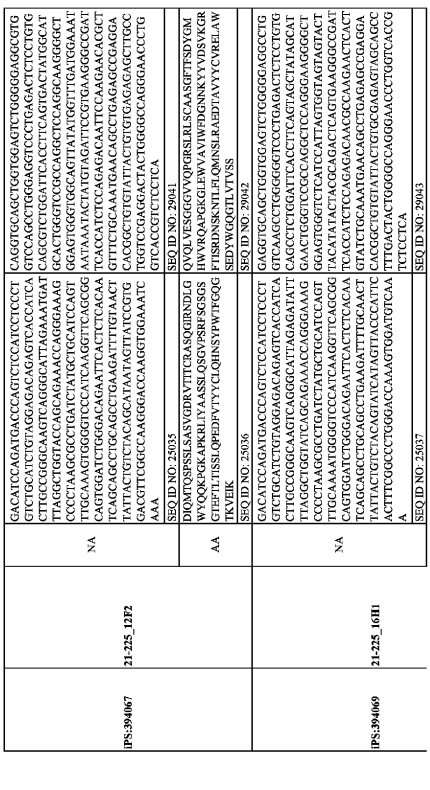
【図５０－３０７】



【図５０－３０８】



【図５０－３０９】



10

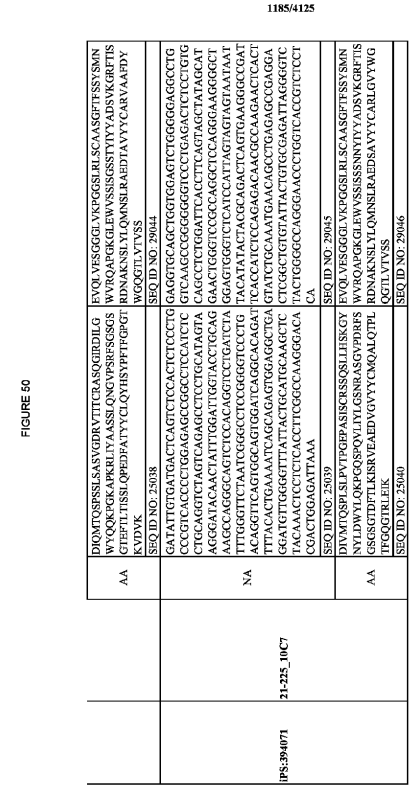
20

30

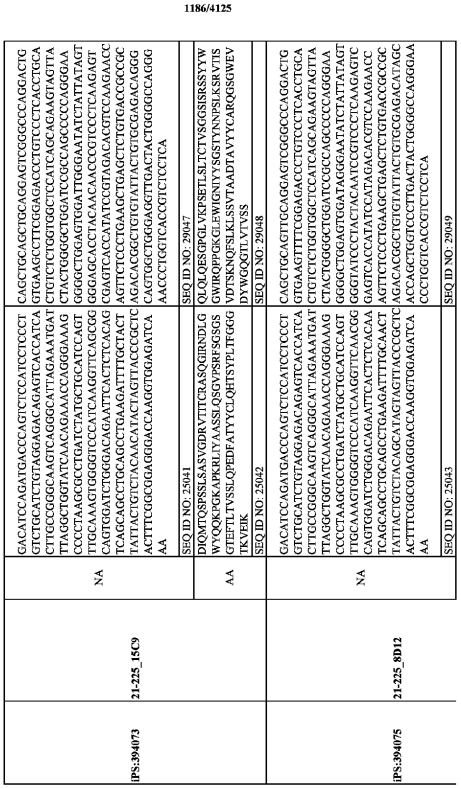
40

50

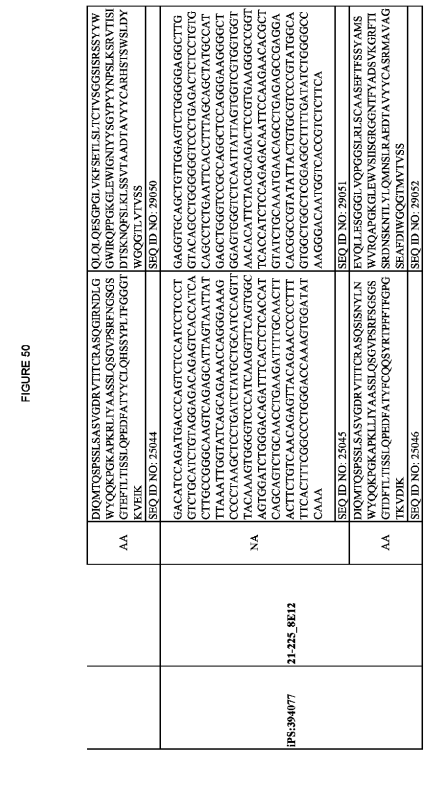
【図５０－３１０】



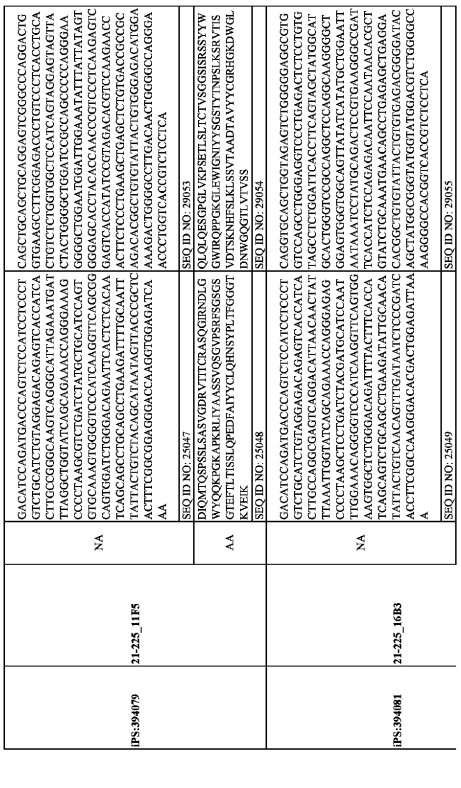
【図５０－３１１】



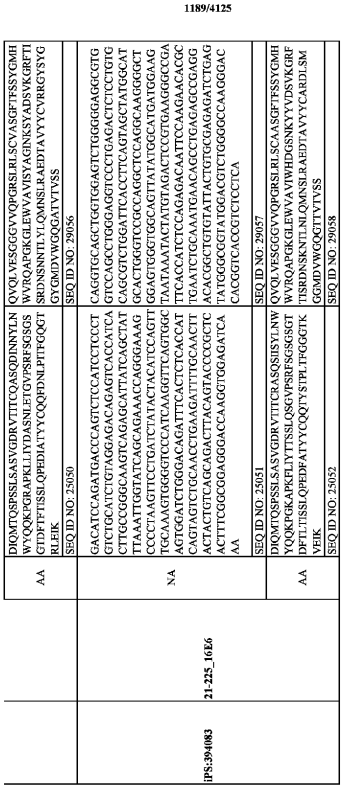
【図５０－３１２】



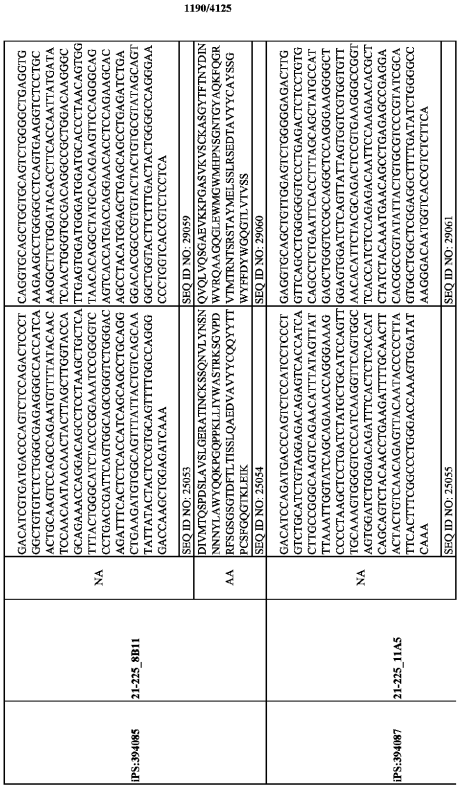
【図５０－３１３】



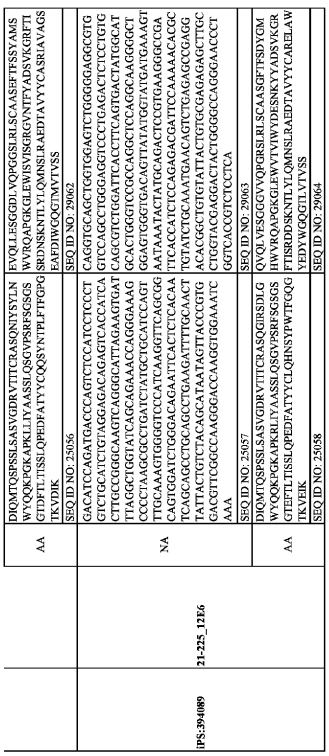
【図５０－３１４】


1189/4125
FIGURE 50
iPS:394083
21-225_16E6
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDINNYLN
WYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPSRFSGSGS
GTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQFDNLPITFGQGT
RLEIK
SEQ ID NO: 25050
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTCACAGCATAATAGTTACCCGTT
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 25057
iPS:394089
21-225_12E6
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQIRSDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25058
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTCACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AAA
SEQ ID NO: 25059
iPS:394091
21-225_13H3
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25060
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGTT
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 25061
iPS:394093
21-225_9D12
AA
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWISVISGRGVNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCASRIAVAGS
EAFDIWGQGTMVTVSS
SEQ ID NO: 25062
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTCGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATCAGTGGTAGTGGTGT
TAACATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCCGTATTACTGTGCGAGAGATCGTAGC
CTGGTACGAGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25063
iPS:394089
21-225_12E6
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYGM
HWVRQAPGKGLEWVVVIWYDESNKYYADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELAW
TEDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25064
NA
GTCCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTCGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGATGGTGGTGGT
TACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATT
CACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATTACTGTGCGAAAGATCGTAGCA
GGTACGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCA
CCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25065
iPS:394091
21-225_13H3
AA
QVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYVDSVKGRF
TISRDNSKSTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVREDLGWQ
SDYWGQGTPVTVSS
SEQ ID NO: 25066
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTCGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGATGGTGGTGGT
TACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATT
CACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATTACTGTGCGAAAGATCGTAGCA
GGTACGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCA
CCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25067
iPS:394093
21-225_9D12
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLSM
GGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 25068

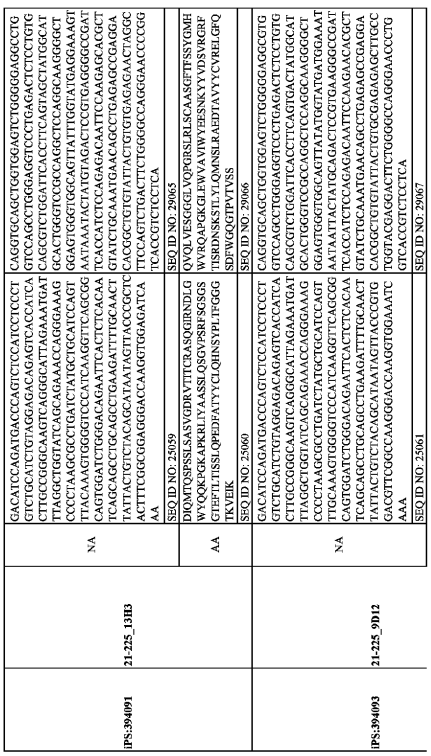
【図５０－３１５】


1190/4125
FIGURE 50
iPS:394085
21-225_8B11
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQNVLYNSN
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRKSGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYTT
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 25053
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAATGTTTATACAACC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAG
TATTATACTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25054
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAATGTTTATACAACC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAG
TATTATACTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25055
iPS:394087
21-225_11A5
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSG
WYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25060
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCGCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACAGTGG
TAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG
AGCCTACATGAGCAGCCTGAGATCTGA
GGACACGGCCGTGTATCACTGTGGCGAGAGA
CCCTCGTCTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25061
iPS:394087
21-225_11A5
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLGM
GGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 25062

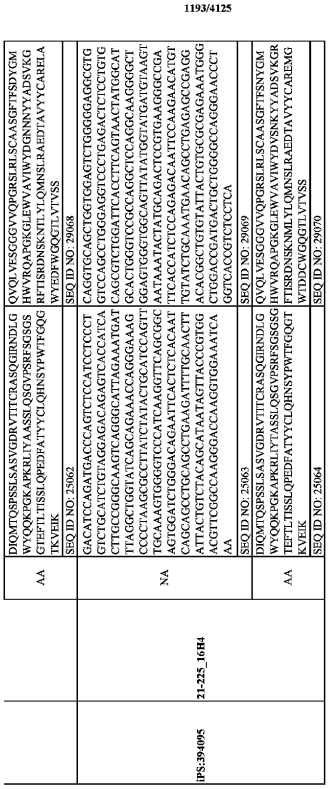
【図５０－３１６】


1191/4125
FIGURE 50
iPS:394089
21-225_12E6
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQIRSDLG
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25057
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTCACAGCATAATAGTTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AAA
SEQ ID NO: 25058
iPS:394091
21-225_13H3
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25059
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGTT
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 25061
iPS:394093
21-225_9D12
AA
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWISVISGRGVNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCASRIAVAGS
EAFDIWGQGTMVTVSS
SEQ ID NO: 25062
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTCGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATCAGTGGTAGTGGTGT
TAACATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATTACTGTGCGAAAGATCGTAGCA
GGTACGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCA
CCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25063
iPS:394089
21-225_12E6
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYGM
HWVRQAPGKGLEWVVVIWYDESNKYYADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELAW
TEDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25064

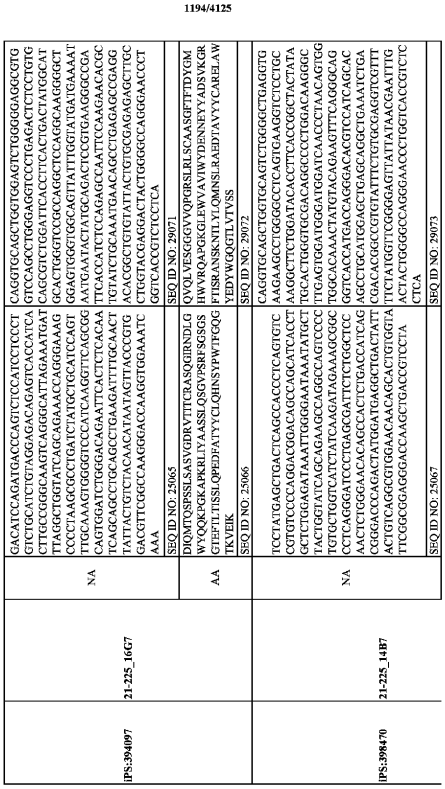
【図５０－３１７】



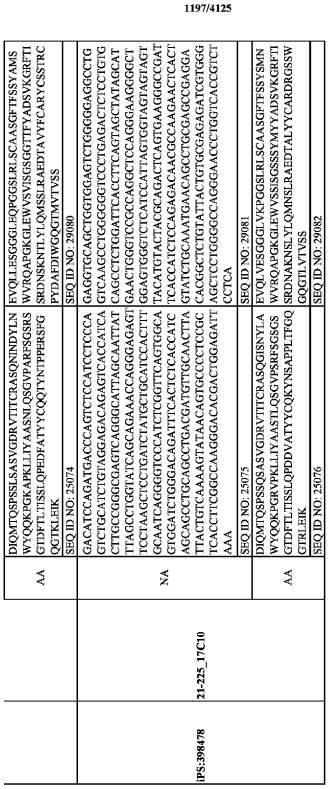
【図５０－３１８】



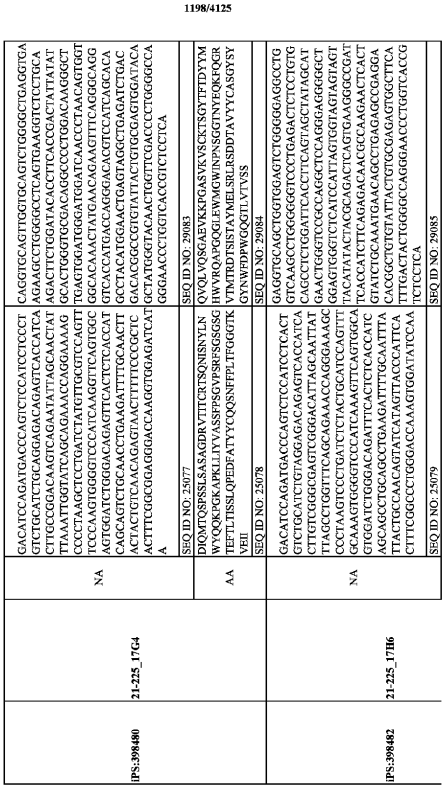
【図５０－３１９】


1194/4125
FIGURE 50
IPS:394097
21-225_16G7
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25066
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTG
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAATGGGG
CTGGACCGATGACTGCTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29067
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 29071
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTG
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAATGGGG
CTGGACCGATGACTGCTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29072
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAAACTATGTAGCAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTGCATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
GCTCCTGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGGT
TCTCACTGGTGTCGACAGGCCCCTGGACAAGGC
TGTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTGGCACAAACTATGTAGCAGAAGTTTCAGGGCA

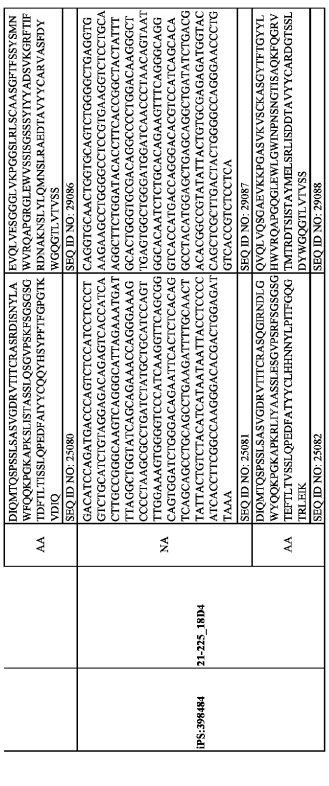
【図５０－３２２】



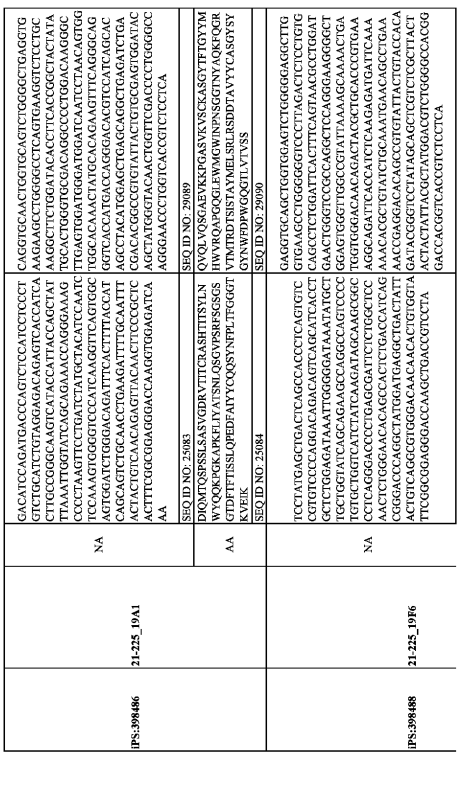
【図５０－３２３】



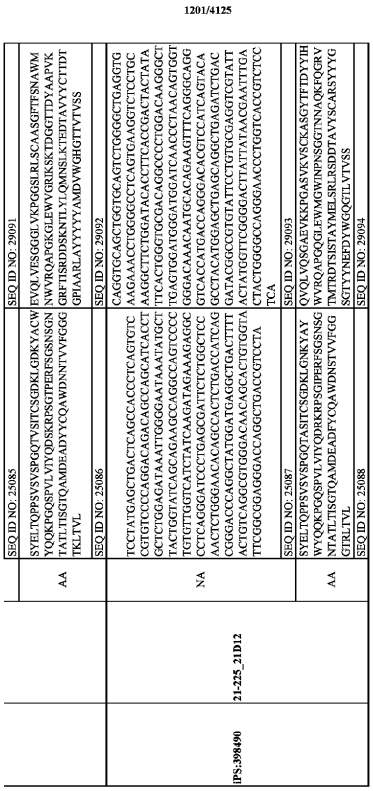
【図５０－３２４】



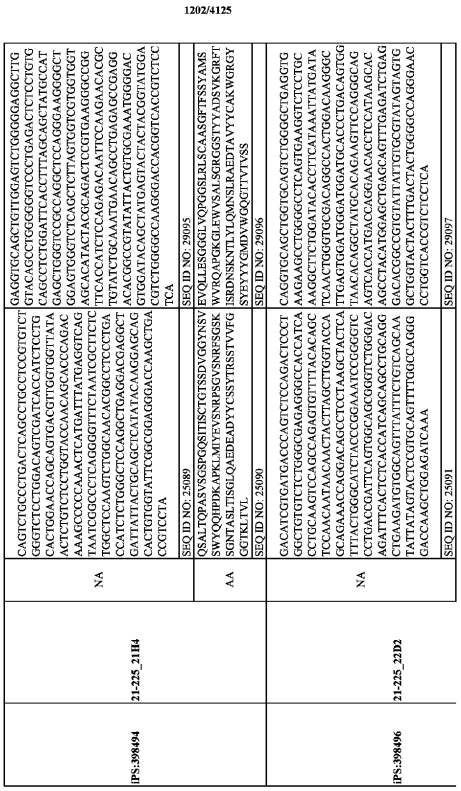
【図５０－３２５】



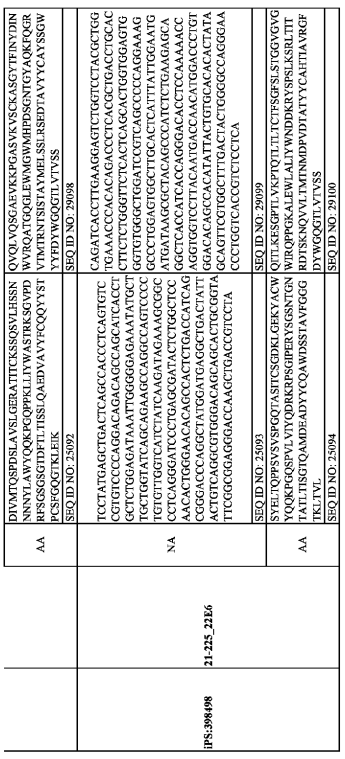
【図５０－３２６】



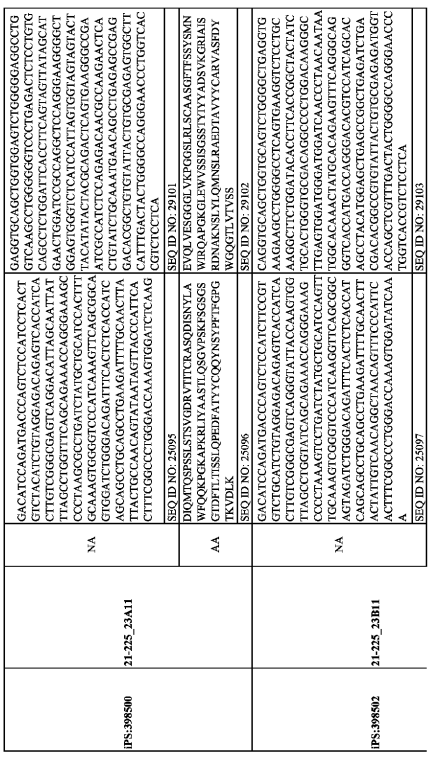
【図５０－３２７】



【図５０－３２８】



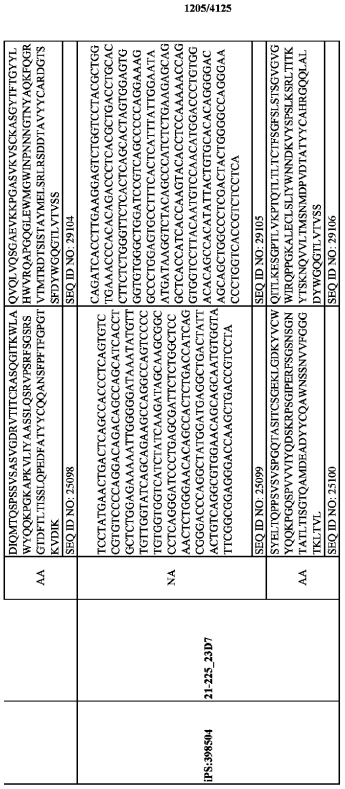
【図５０－３２９】



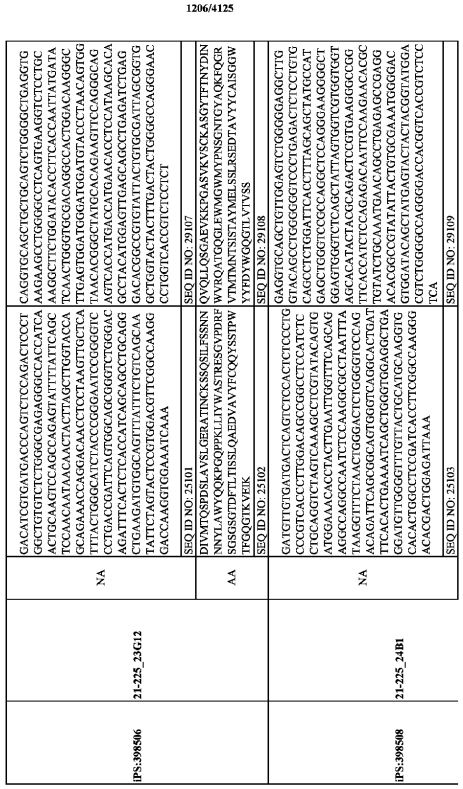
【図５０－３３０】

【図５０－３３１】

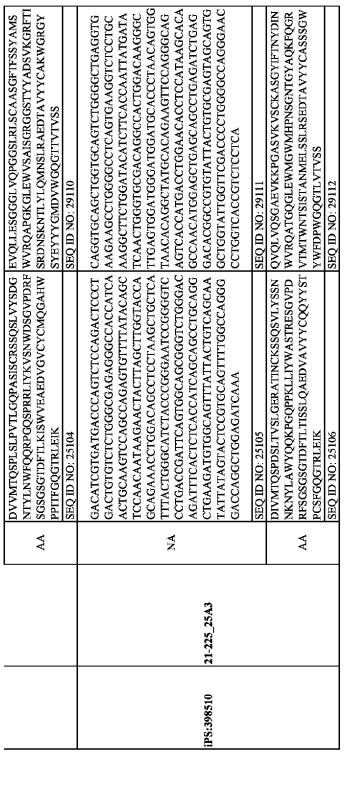
【図５０－３３０】


1205/4125
FIGURE 50
iPS:398504
21-225_23D7
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGITKWLA
WYQQKPGKAPKVLIYAASSLQSRVPSRFSGSRS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25098
SEQ ID NO: 29104
NA
TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCACATCACCT
GCTCTGGAGGAAAAATTGGGGGATAAATATGTT
TGTTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
ATGTGTCCTTACAATGTCCAACATGGACCCTGTG
ACTGTGACGCGTGGAACAACCCTACGATAGTG
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 25099
SEQ ID NO: 29105
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGEKLGDKYVCW
YQQKPGQSPVVVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWNSSNVVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 25100
NA
CAGGTGCAGCTGCTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTATTCAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAACCTCCTAAGTTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACAGCAGTCCTGGTATTACTGTGCAGATAG
GACCATGGTCCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25101
SEQ ID NO: 29107
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSLFSNN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPW
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 25102
SEQ ID NO: 29108
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTATTCAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAACCTCCTAAGTTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACAGCAGTCCTGGTATTACTGTGCAGATAG
GACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25103
SEQ ID NO: 29109
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYL
HWVRQAPGQGLEWMGWINPNNGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARDGFS
SFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29104
NA
CAGATCCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTACGCTG
TGAAACCCACACAGACCCTCACGCTGACCTGCAC
CTTCTCTGGGTTCTCACTCAGCACTAGTGGAGTG
GGTGTGGGCTGGATCCGTCAGCCCCCAGGAAAG
GCCCTGGAGTGGCTTTCACTCATTATTGATAATA
GTGGTCCTTCACAATTTATTGGAATA
GCTCACCATCAGCAAGGACACCTCCAAAAACCAG
GTGGTCACCATGACCAACATGGACCCTGTGGAC
ACACAGCCACATATTACTGTGCACACAGGGACC
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29105
SEQ ID NO: 29106
AA
QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGFSLSTSGVG
VGWIRQPPGKALEWLALIYWNNDKYYSPSLKSRLTITK
DTSKNQVVLTMSNMDPVDTATYYCAHRQQLAL
DTWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29106

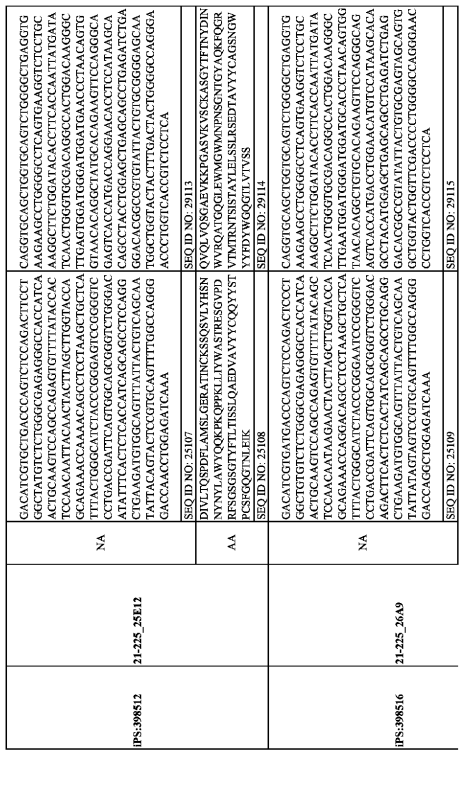
【図５０－３３１】


1206/4125
FIGURE 50
iPS:398506
21-225_23G12
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSLFSNNN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPW
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 25101
SEQ ID NO: 29107
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTATTCAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAACCTCCTAAGTTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACAGCAGTCCTGGTATTACTGTGCAGATAG
GACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25102
SEQ ID NO: 29108
AA
QVQLLQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMYPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAISGGW
YYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29109
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCTACCCTAACAGTGG
TAACACGGCTATGCAGAAGTTCCAGGGCAG
AGTACTATGACCATGACCATGAACACCTCCATAAGCACA
GCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTATTGTGTGAGTAGCGGTG
GTACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACC
CCTGGTCACCGTCTCCTCT
SEQ ID NO: 29107
SEQ ID NO: 29110
NA
CAGGTCCAGCTGCAGGAGTCTGGTCCTCAGTG
AAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTT
ACCAGCTATGATATCAACTGGGTGCGACAGGCC
ACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATC
AACCCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAG
AAGTTTCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGAAC
ACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGC
AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTAC
TGTGCGAGAGTAGCGGTGGTACTGGTTCGACCC
CTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29108
SEQ ID NO: 29111
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAISSGW
YYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29109
SEQ ID NO: 29112
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTATTCAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAACCTCCTAAGTTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACAGCAGTCCTGGTATTACTGTGCAGATAG
GACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25103
SEQ ID NO: 29113
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTTNTSISTAYLELSSLRSEDTAVYYCAGSSGW
YYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29110
SEQ ID NO: 29114
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATTACCAC
TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
CCAGGACAACCTCCTAAGCTGCTCTACGCGTCC
ACTCGGGAATCCCGGGGTCCCTGACCGATTCA
GTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCA
CCATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCA
GTTTATTACTGTCAGCAATATAACAGTTACCCG
TACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25104
SEQ ID NO: 29110
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATTACAC
TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
CCAGGACAACCTCCTAAGCTGCTCTACGCGTCC
ACTCGGGAATCCCGGGGTCCCTGACCGATTCA
GTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCA
CCATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCA
GTTTATTACTGTCAGCAATATAACAGTTACCCG
TACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25105
SEQ ID NO: 29111
AA
DVVMTQSPDSLTVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
NKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQADDVAVYYCQQYYST
PCSFGQGTRLEIK
SEQ ID NO: 25106
SEQ ID NO: 29112
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTATGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATTACCAC
TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
CCAGGACAACCTCCTAAGCTGCTCTACGCGTCC
ACTCGGGAATCCCGGGGTCCCTGACCGATTCA
GTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCA
CCATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCA
GTTTATTACTGTCAGCAATATAACAGTTACCCG
TACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25107
SEQ ID NO: 29115
AA
DVLTQSPDFLAMSLGERATINCKSSQSVLYHSN
NYNTLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQADDVAVYYCQQYYST
PCSFGQGTNLEIK
SEQ ID NO: 25108
SEQ ID NO: 29114
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATTACAC
TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
CCAGGACAACCTCCTAAGCTGCTCTACGCGTCC
ACTCGGGAATCCCGGGGTCCCTGACCGATTCA
GTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCA
CCATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCA
GTTTATTACTGTCAGCAATATAACAGTTACCCG
TACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25109
SEQ ID NO: 29115

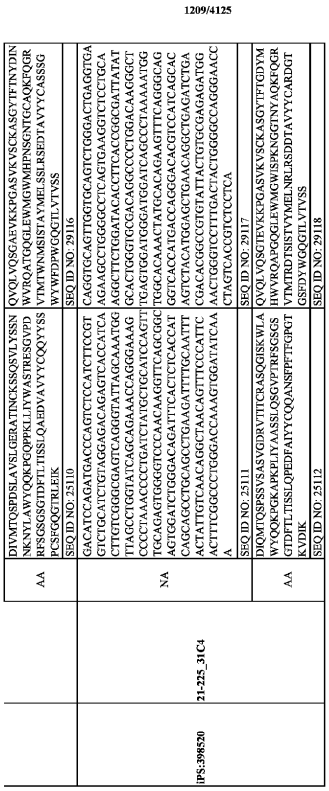
【図５０－３３２】


1207/4125
FIGURE 50
iPS:398510
21-225_25A3
AA
DVVMTQSPDSLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG
NTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRF
SGSGSGTDFTLKISWVSAEDVGVCYCMQGAHW
PPITFGQGTRLEIK
SEQ ID NO: 25104
SEQ ID NO: 29110
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATTACCAC
TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
CCAGGACAACCTCCTAAGCTGCTCTACGCGTCC
ACTCGGGAATCCCGGGGTCCCTGACCGATTCA
GTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCA
CCATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCA
GTTTATTACTGTCAGCAATATAACAGTTACCCG
TACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25105
SEQ ID NO: 29111
AA
DIVMTQSPDSLTVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
NKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQADDVAVYYCQQYYST
PCSFGQGTRLEIK
SEQ ID NO: 25106
SEQ ID NO: 29112
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCTACCCTAACAGTGG
TAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG
AGTCACCATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACA
GCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGTAGCGGTG
GTACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25107
SEQ ID NO: 29113
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTTNTSISTAYLELSSLRSEDTAVYYCAGSSGW
YYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29110
SEQ ID NO: 29114
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCTACCCTAACAGTGG
TAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG
AGTCACCATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACA
GCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGTAGCGGTG
GTACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25108
SEQ ID NO: 29115

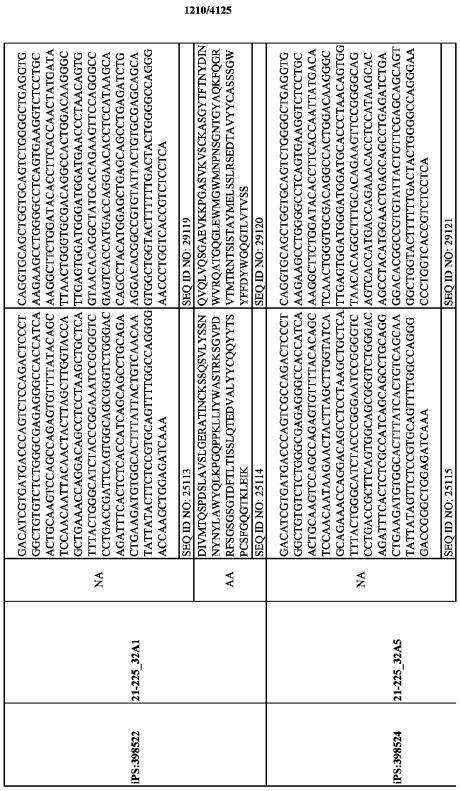
【図５０－３３３】



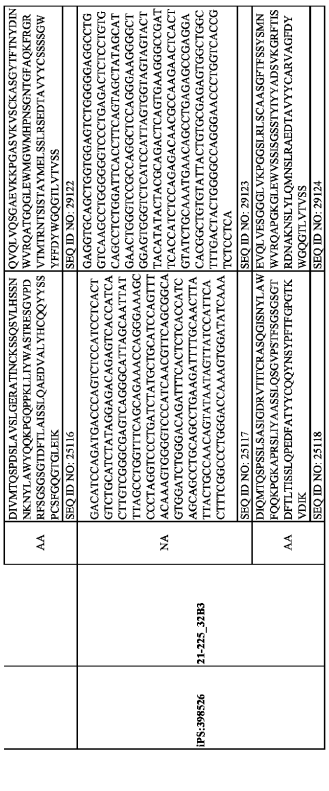
【図５０－３３４】



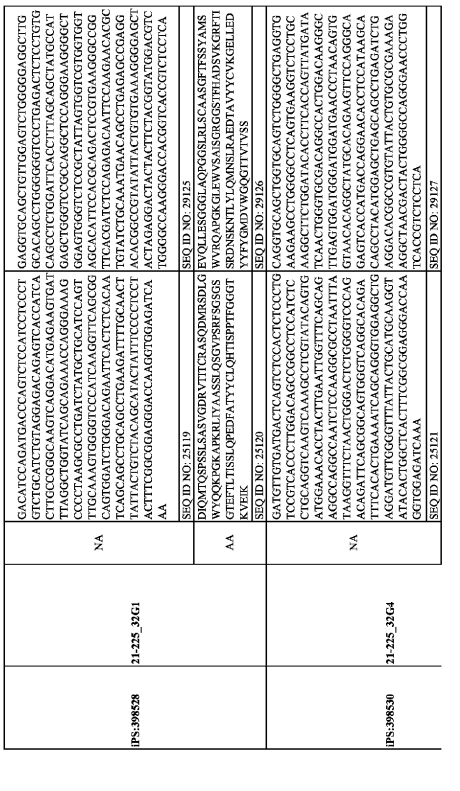
【図５０－３３５】



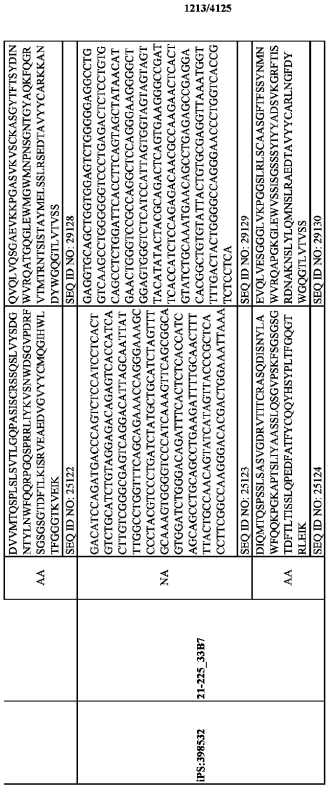
【図５０－３３６】



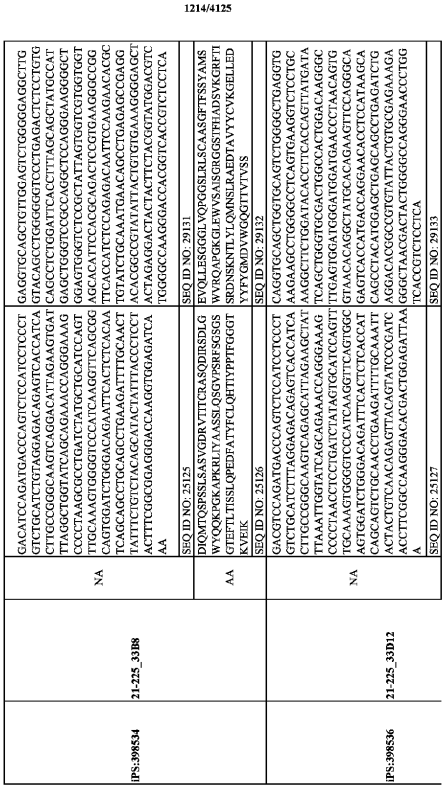
【図５０－３３７】



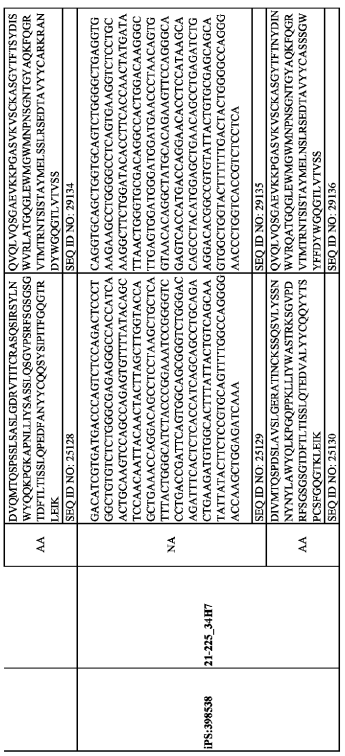
【図５０－３３８】



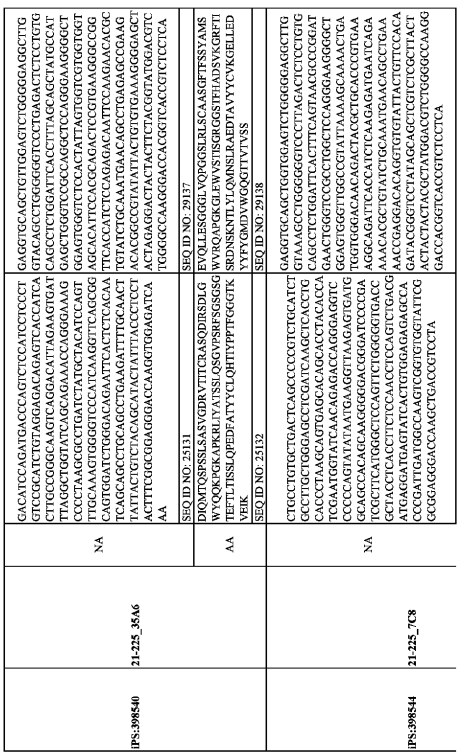
【図５０－３３９】



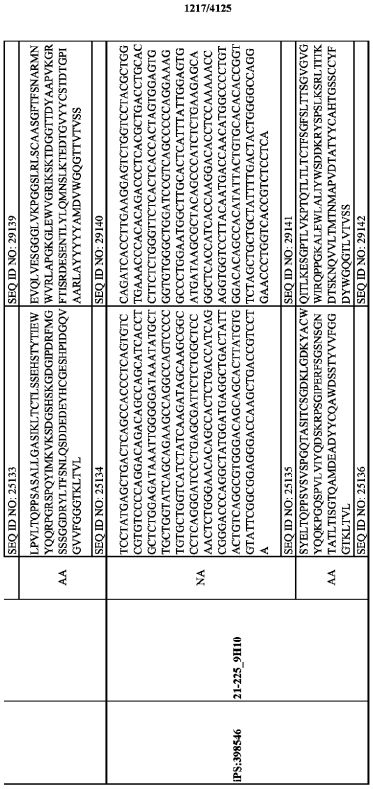
【図５０－３４０】



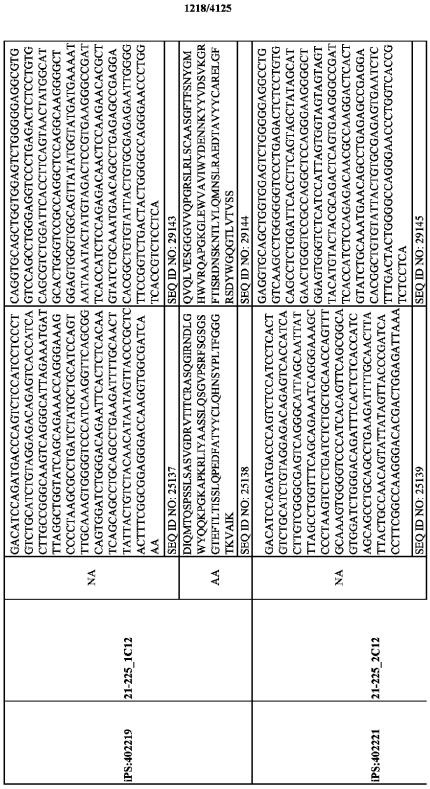
【図５０－３４１】



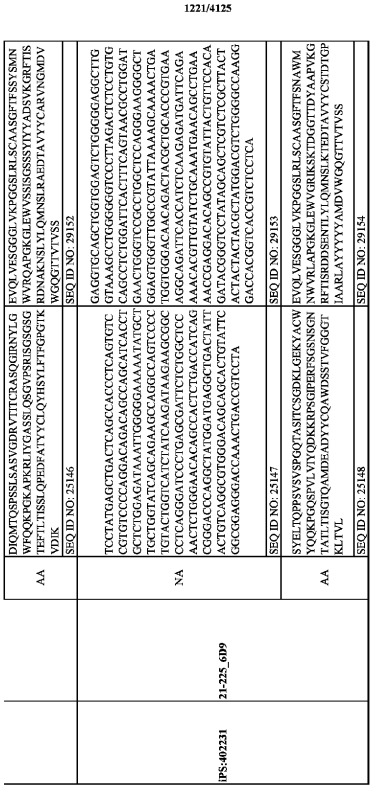
【図５０－３４２】



【図５０－３４３】


1218/4125
FIGURE 50
IPS:402219
21-225_1C12
AA
NA
SEQ ID NO: 25137
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIINDLG
WYQQKPGKAPKRLLIYAASLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVAIK
SEQ ID NO: 25138
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCCACCCAGTT
GCAAAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGT
ACAGAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGATTGG
GGACTGGTACTTCGATCTCTGGGGCCGTGGCAC
CCTGGTCACTGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29162
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29163
QVQLVESGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDENKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29144
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCCACCCAGTT
GCAAAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGT
ACAGAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGATTGG
GGACTGGTACTTCGATCTCTGGGGCCGTGGCAC
CCTGGTCACTGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29145
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCCACCCAGTT
GCAAAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGT
ACAGAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGATTGG
GGACTGGTACTTCGATCTCTGGGGCCGTGGCAC
CCTGGTCACTGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29164
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCCACCCAGTT
GCAAAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGT
ACAGAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGATTGG
GGACTGGTACTTCGATCTCTGGGGCCGTGGCAC
CCTGGTCACTGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29165
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29166
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29167
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29168
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29169
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29170
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29171
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29172
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29173
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29174
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29175
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29176
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29177
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29178
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29179
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29180
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29181
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29182
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29183
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29184
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29185
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29186
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29187
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29188
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29189
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29190
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29191
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29192
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29193
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29194
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29195
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29196
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29197
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29198
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29199
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29200
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29201
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29202
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29203
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29204
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29205
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29206
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29207
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29208
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29209
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29210
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29211
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29212
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29213
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29214
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29215
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29216
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNKTYYVDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF
RSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29217
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNK

【図５０－３４６】

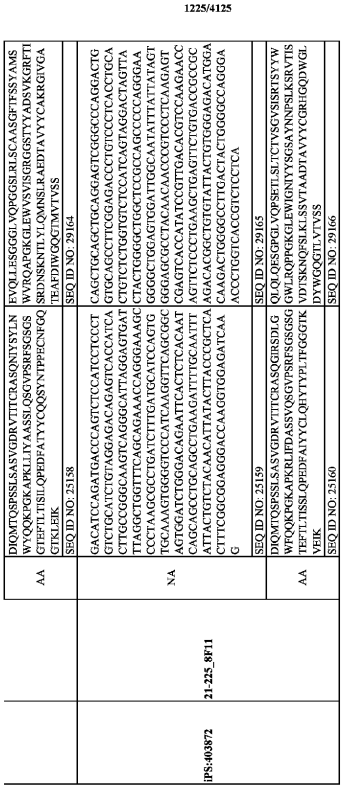


【図５０－３４７】

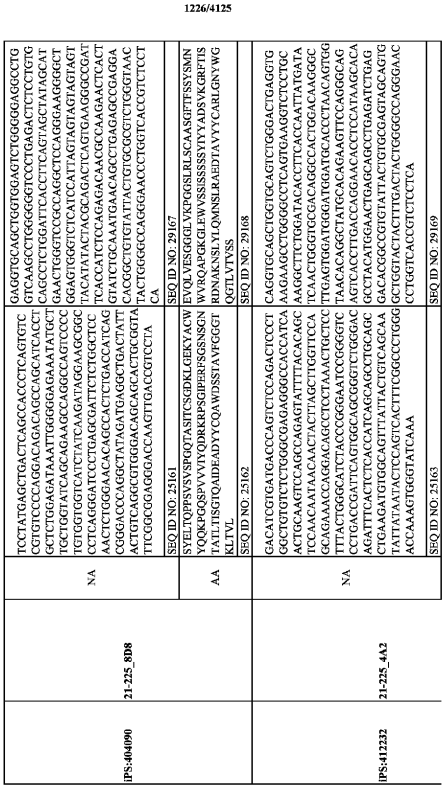
【図５０－３４８】

【図５０－３４９】

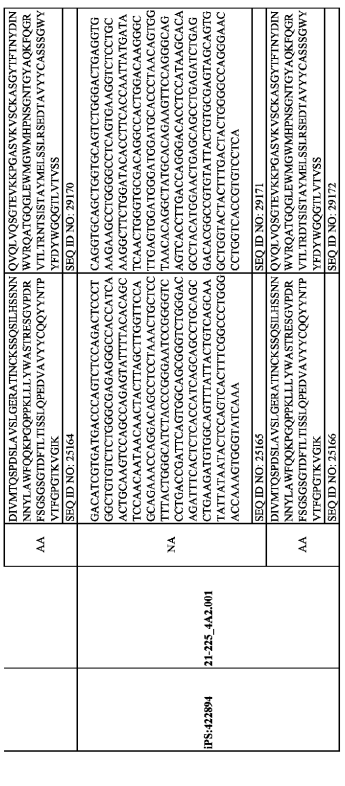
【図５０－３５０】



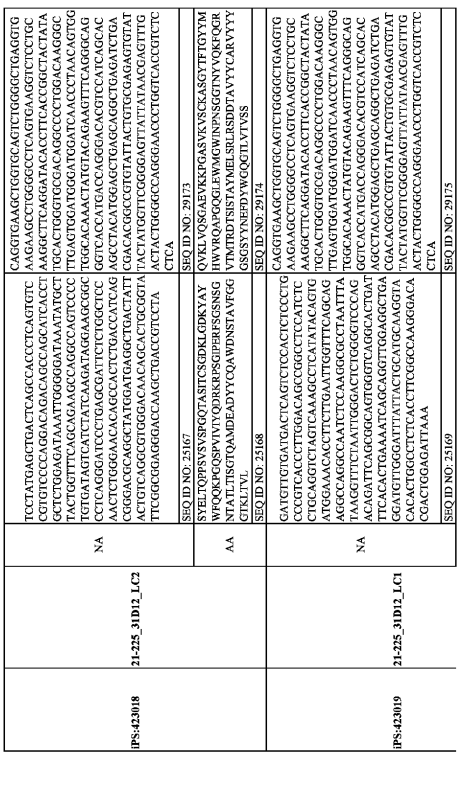
【図５０－３５１】



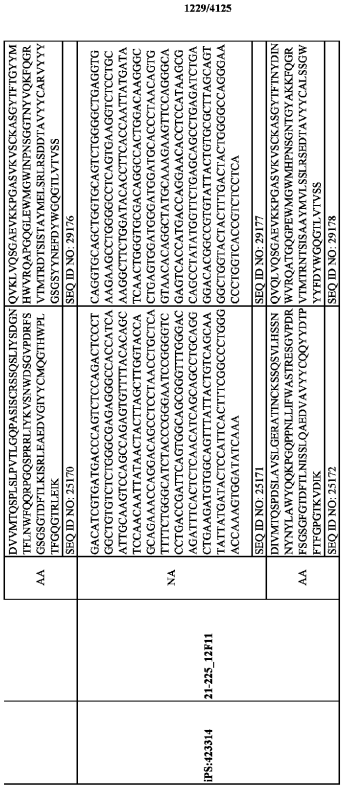
【図５０－３５２】



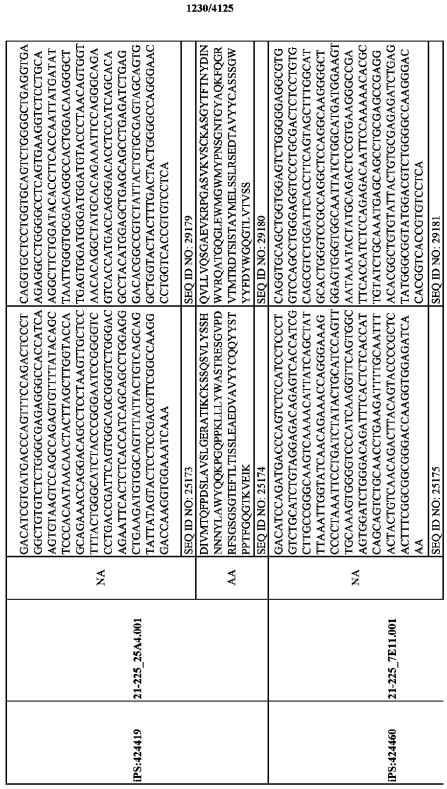
【図５０－３５３】



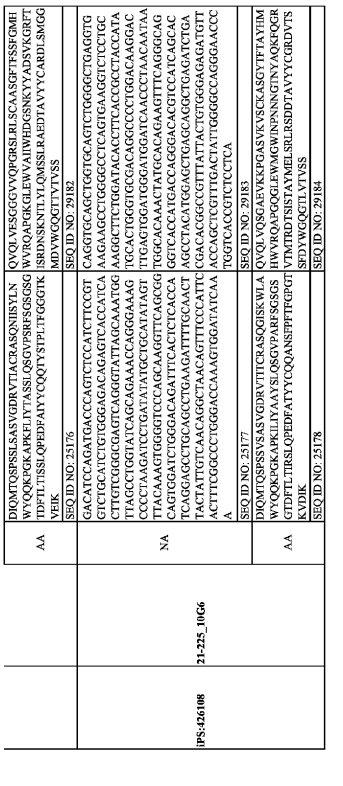
【図５０－３５４】



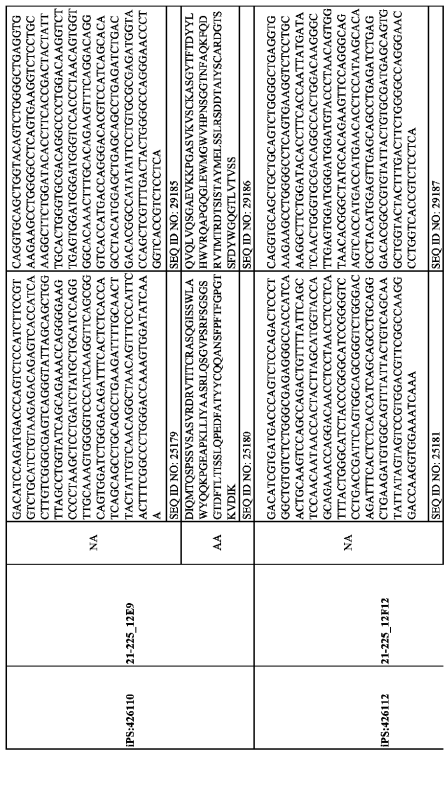
【図５０－３５５】



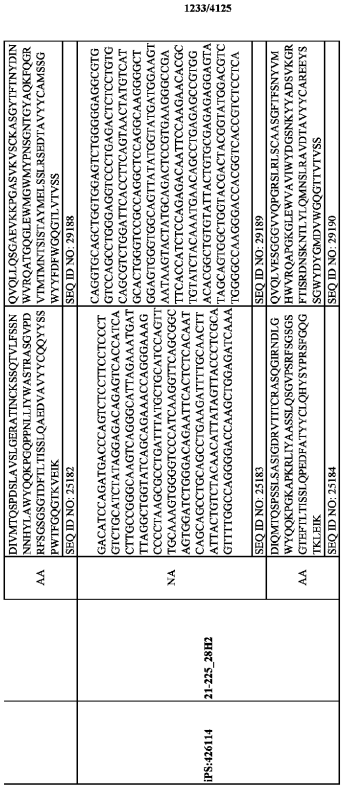
【図５０－３５６】



【図５０－３５７】

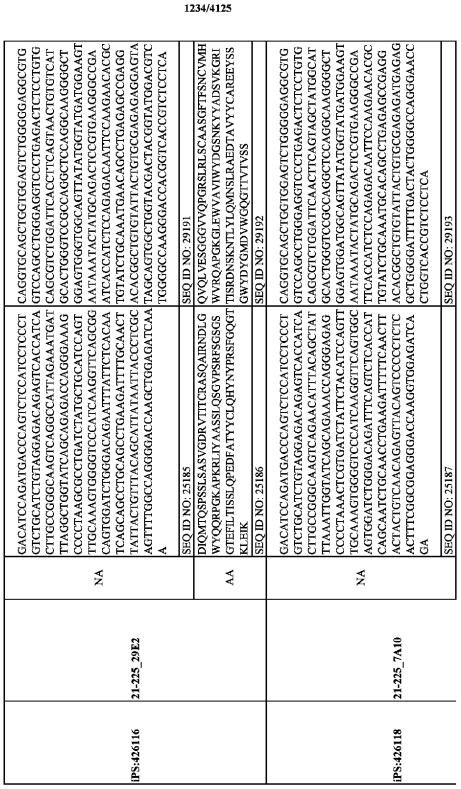


【図５０－３５８】



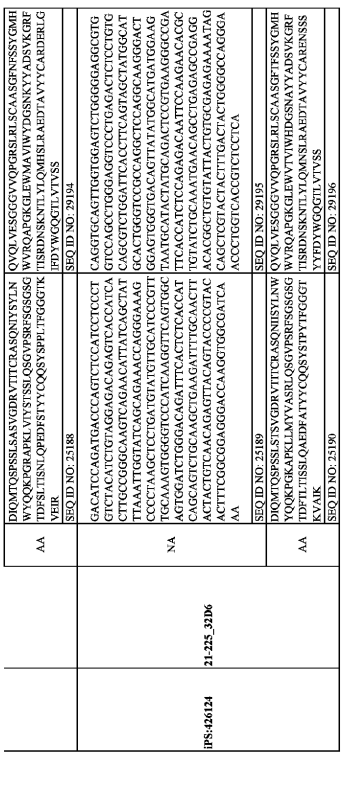
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQTVLFSSN NNHYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRASGVPD RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSS PWTFGQGTKVEIK	QVQLLQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQATGQGLEWMGWMYPNSGNTGYAQKFQGR VTMTMNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAMSSG WYYFDFWGQGTLVTVSS
				SEQ ID NO: 25188	SEQ ID NO: 29188
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATTTATGCTGCAATCCAGTT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTACTGTCTACAACATTATAGTTACCCTCGA GTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYVM WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDEYS SGWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
	iPS:426114	21-225_28H2		SEQ ID NO: 25183	SEQ ID NO: 29189
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPRSFGQG TKLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAREEYS SGWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
				SEQ ID NO: 25184	SEQ ID NO: 29190

【図５０－３５９】



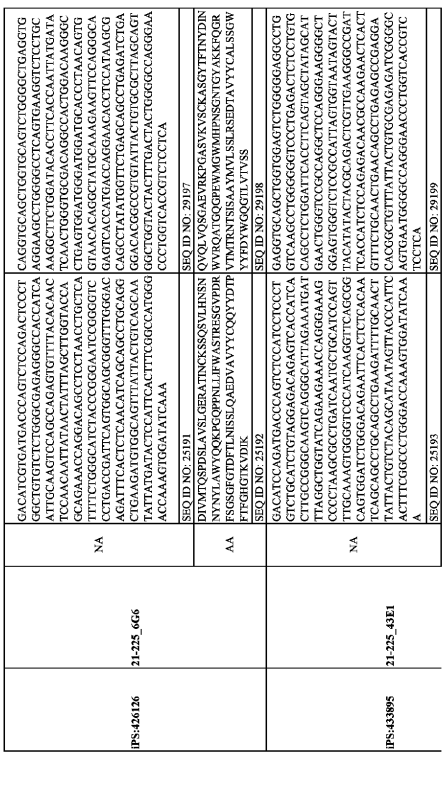
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQAIRNDLG WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPRSFGQG TKLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAREEYSS GWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
				SEQ ID NO: 25185	SEQ ID NO: 29191
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAGGTTCAGCGG CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTACTGTTTACAGCAATTATAATTACCCTCGC ACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAA A	ATCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGATA TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
	iPS:426116	21-225_29E2		SEQ ID NO: 25186	SEQ ID NO: 29192
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPRSFGQG TKLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAREEYSS GWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
				SEQ ID NO: 25187	SEQ ID NO: 29193

【図５０－３６０】



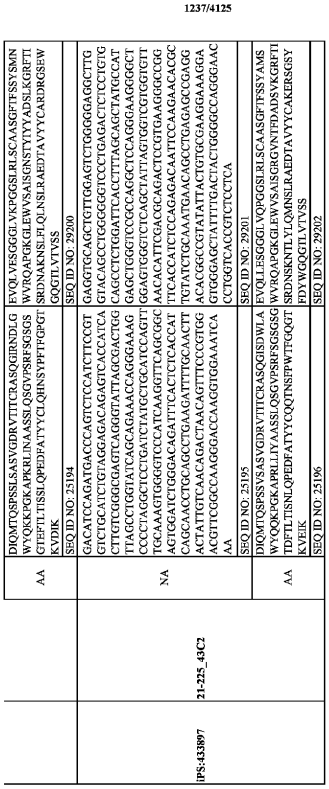
		AA	DIQMTQSPSSLSTSVGDRVTITCRASQNIYSYLNW YQQKPGRAPKLLMYVASELQSGVPSRFSGSGSG TDFSLTISSLQPEDFSTYYCQQSYSSPPLTFGGGTK VEIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWMAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMHSLRAEDTAVYYCARDRLG YWYFDFWGQGTLVTVSS
				SEQ ID NO: 25188	SEQ ID NO: 29194
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTAGTAACT ACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGG GGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTG GGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGT CGAGTCACCATATCCGTAGACACGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCC GCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGACAT TTACGGTATTACGATTTTTGGAGTGGTTATTAT CCCCTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC ACCGTCTCCTCA	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYYWS WIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSLKSRVTIS VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARHMVRG VIIPFDYWGQGTLVTVSS
	iPS:426124	21-225_32D6		SEQ ID NO: 25189	SEQ ID NO: 29195
		AA	DIQMTQSPSSLSTSVGDRVTITCRASQNIYSYLNW YQQKPGKAPKLLMYVASELQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQAEDFATYYCQQSYSSPYTFGQGT KVDIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVTVIWHDGSNAYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARENSS TYFDYWGQGTLVTVSS
				SEQ ID NO: 25190	SEQ ID NO: 29196

【図５０－３６１】

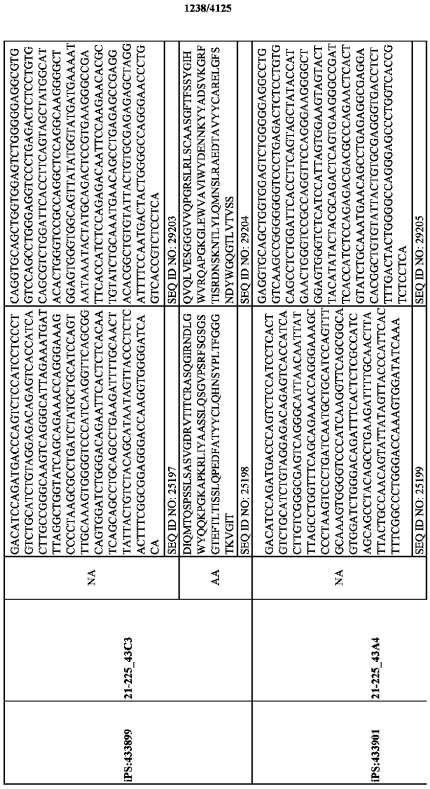


		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ATTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAAC TCCAACAATTATTACTATTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTACTG TTTTCTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAT CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTATGATACTCCATTCACTTTCGGCCATGGG GACCAAAGTGGATATCAAA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GGCTGCAGCTGGAGAGCAGAGTTCACATCA AAGGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGG CTGAGTGGATGGGATGGATCGACCCTAACAGTG GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGC AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGC ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATC TGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGA CCCTCGTTCACCATCTCCTCA
	iPS:426126	21-225_6G6		SEQ ID NO: 25191	SEQ ID NO: 29197
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHNSN NYNTLAWYQQKPGQPPNLLIFWASTRESGVPDR FSGSGFGTDFTLNISSLQAEDVAVYYCQQYYDTP FTFGHGTKVDIK	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQATGQGPEWMGWMHPNSGNTGYAKKFQGR VTMTRNTSISAAYMVLSSLRSEDTAVYYCALSSGW FYGMDVWGQGTLVTVSS
				SEQ ID NO: 25192	SEQ ID NO: 29198
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA GTTCTGCAACTGGAAGCCAGGCAAAGACTCTCTT CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGAAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCAATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA TCAGCAGACTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTACTGTCTACAGCATATAATGTTACCCATTC ACTTTCGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAATTACAGCTTA TTAGGCTGGTATCAGCATTATCCAGGAAAGG CCCCTAAACTCCTGATCTATCATGCATCCAGTT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGCATTAGCAGCTAT TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCACT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A
	iPS:433895	21-225_43E1		SEQ ID NO: 25193	SEQ ID NO: 29199
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPITFGQGT KVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMH WVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARENSS TYFDYWGQGTLVTVSS
				SEQ ID NO: 25194	SEQ ID NO: 29200

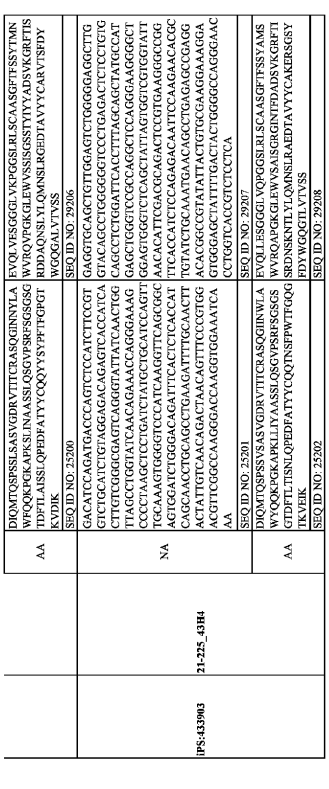
【図５０－３６２】



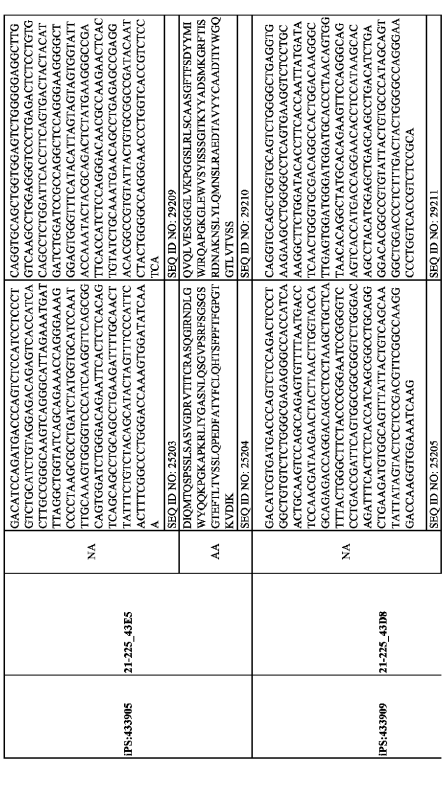
【図５０－３６３】



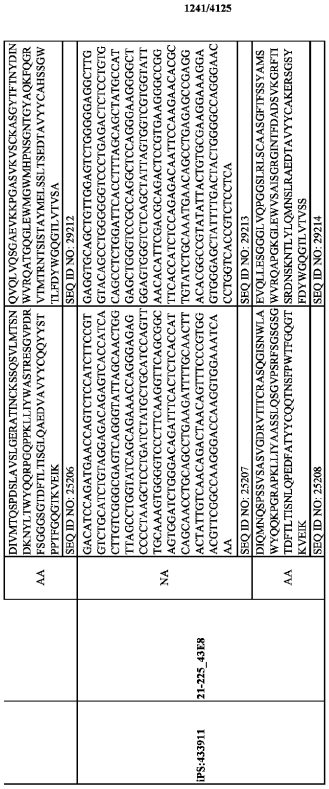
【図５０－３６４】



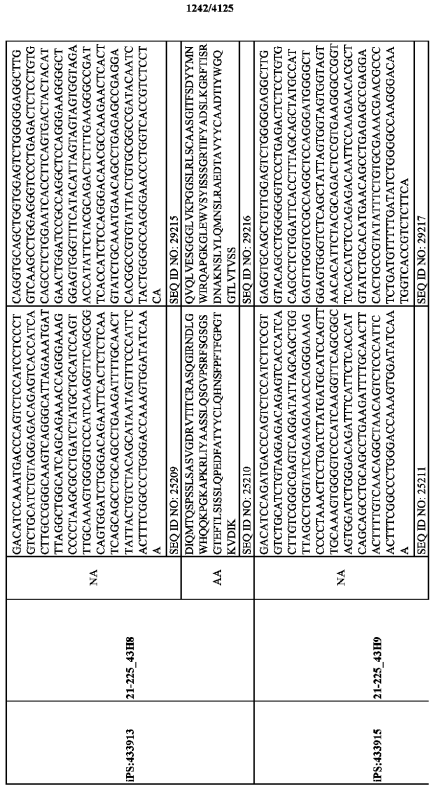
【図５０－３６５】



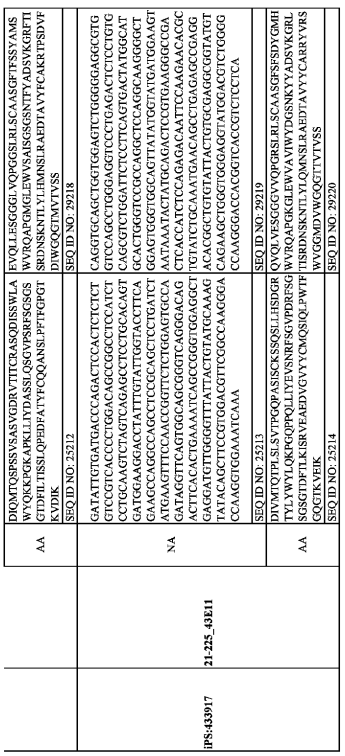
【図５０－３６６】



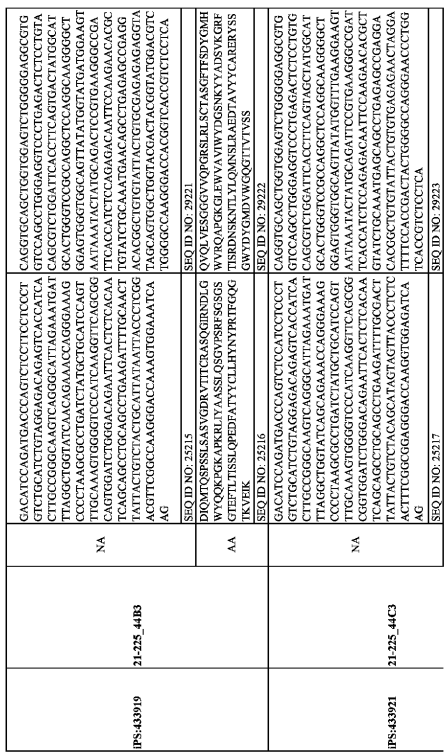
【図５０－３６７】



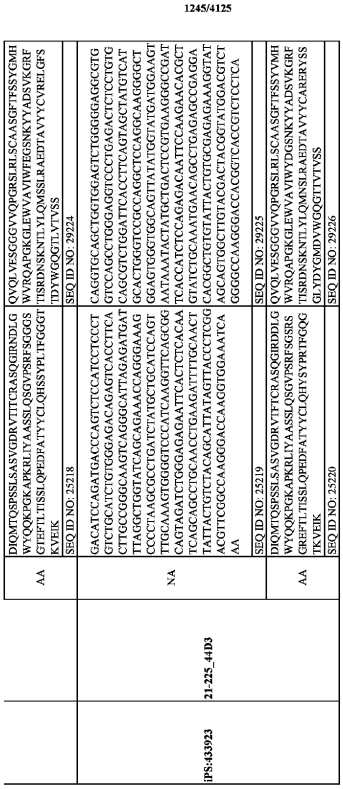
【図５０－３６８】



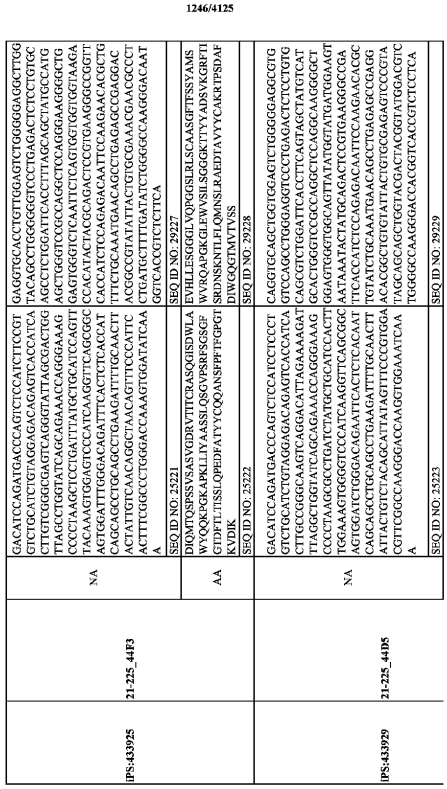
【図５０－３６９】



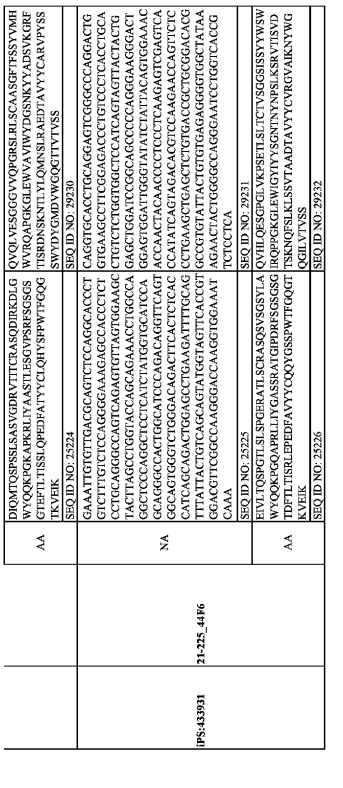
【図５０－３７０】



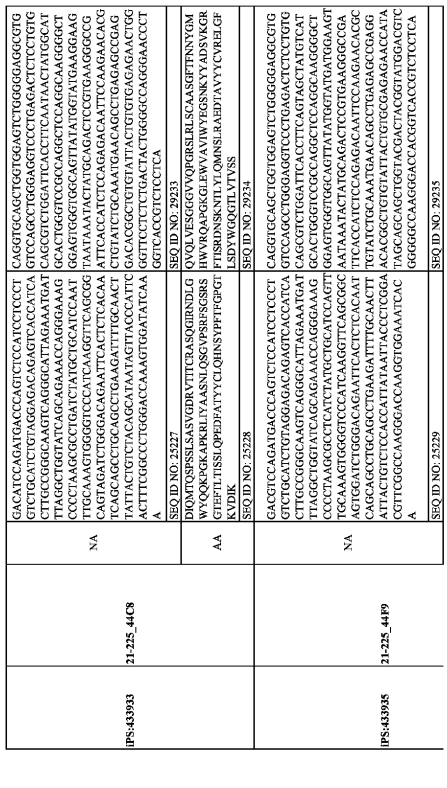
【図５０－３７１】



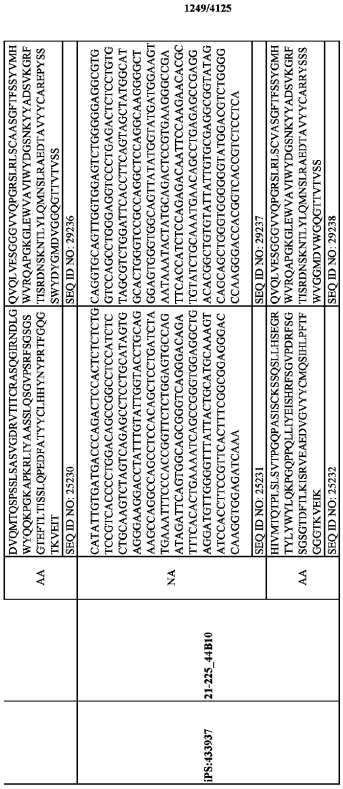
【図５０－３７２】



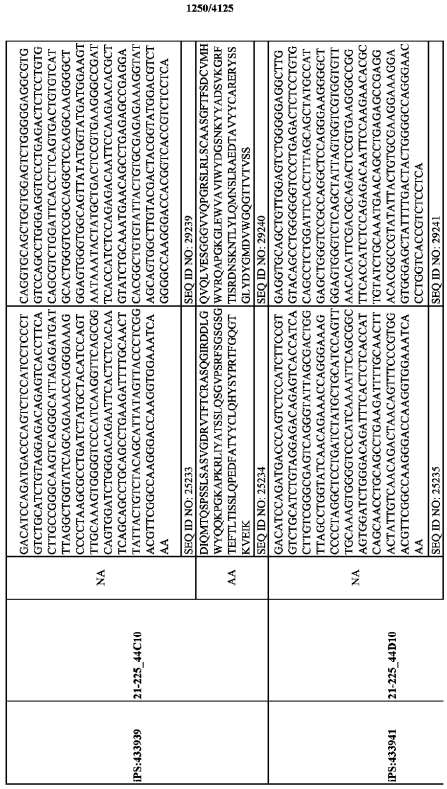
【図５０－３７３】



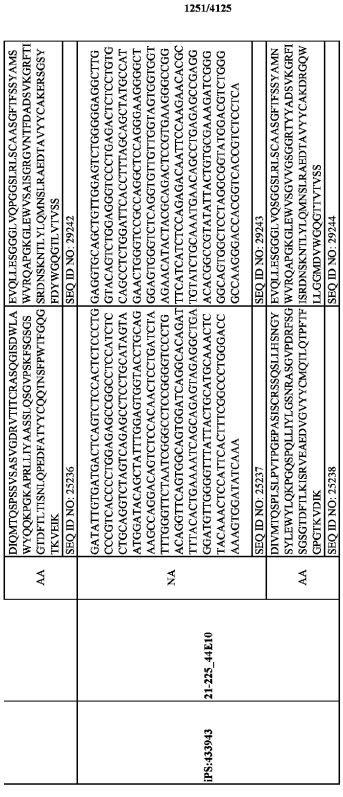
【図５０－３７４】



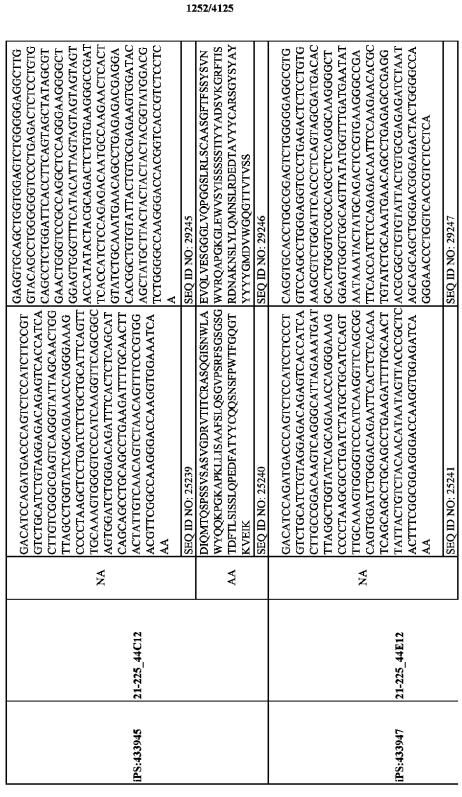
【図５０－３７５】



【図５０－３７６】



【図５０－３７７】



【図５０－３７８】

1253/4125

FIGURE 50

		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIRNDLG	QVHLAESGGGVVQPGRSLRLSCEASGFTFSDYTH
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVAVIWFDEYNKYYADSVKGRF
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDAAVYYYCARDLIAA
			TKVEIK	AGTGDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25242	SEQ ID NO: 29248
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTGACTACTACAT
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAACTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			GCACTGGGTCCGCCTGAGCTCCAAGT	GGAGTGGGTTTCATACATTAGTAGTAGTGGTATT
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	ACCAAATACTACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGA
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAG	TTCACCATCTCCAGGGACAACTCCAAGAACTCAC
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			TATTTCTGTCTACAGCATACTAGTTTCCATTC	ACACGCCGTGTATTACTGTGCGCCGATACAAT
			ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCC
			A	TCA
			SEQ ID NO: 25243	SEQ ID NO: 29249
iPS:433949	21-225_45H2	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG	QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMN
			WYQQKPGKAPKRLIYAASNLQSGVPSRFSGSGS	WIRQAPGKGLEWVSYISSSGITKYYADSVKGRFTIS
			GTEFTLTVSSLQPEDFATYFCLQHTSFPFTFGPGT	RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAADTITVWGQ
			KVDIK	GTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25244	SEQ ID NO: 29250

【図５０－３７９】

1254/4125

FIGURE 50

		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCTTCA	GTCCAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAGATGAT	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTGACTGTCTCAT
			TTAGGCTGGTATCAACAGAAACCAGGGAAAG	GCACTGGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
			CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT	GGAGTGGGTGGCACATTATATGGTATGATGGAAGT
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	AATAAATACTATGCTGACTCCGTGAAGGGCCGAT
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			TATTACTGTCTACAGCATTATAGTTTCCCTCCT	TATTACTGTGCTACAGCATTATAGTTACTGTGCGAGAGGTAT
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	ACGATTGGCTTGTATCGACTACGGTATGGACGTCT
			AA	GGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25245	SEQ ID NO: 29251
iPS:433951	21-225_45H4	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTFTCQASQGIRDDLG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDCYMH
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYSYPRTFGQG	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYSS
			TKVEIK	GLYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25246	SEQ ID NO: 29252
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCGACTGG	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
			TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC	AACACATTCCGACGACTCCGTGAAGGGCCGG
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCACCAT	TTCACCATATCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			CAGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			ACTATTGTCAACAGACTTACCGTTCGGCGGAGG	ACACGCCGTATATTACTGTGCGAAGGAAGGA
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	GTGGGAGCTATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
			AA	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25251	SEQ ID NO: 29257
iPS:433957	21-225_45F8	AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCLASQGISWLA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
			WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGSNTFYADSVKGRFTI
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG	SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKERSGSY
			TKVEIK	FDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25252	SEQ ID NO: 29258
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGTTTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGTCGGCGCAGTCAGGATATTAGCGACTGG	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAACAGCTATGCCAT
			TTAGCTGGTATCAGCAGAGACCAGGGAAAGC	GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			CCCTAAGCTTCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT	GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTCGTGGTGGT
			GGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC	ACCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTAT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			ACTATTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTTCG	ACACGCCGTATATTACTGTGCGAAGGAAGGA
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	GTGGGAGCTATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
			AA	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25253	SEQ ID NO: 29259
iPS:433959	21-225_45C9	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLN	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
			WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGSTYYADSVKGRFTI
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHTYSTPPTFGQG	SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDRYSSGS
			TKVEIK	YYDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25254	SEQ ID NO: 29260
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			CAGACTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTCCTAAGCTGCTGATCTACTGGGCATCCACC	CAGCGCCGTGTATTACTGTCAGCAGTATTATAGT
			CGGGAGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGG	TCACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
			GTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC	CGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	GCCATCCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTG
			CTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCGG	TGTGCCTACTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGC
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA	CAAAGTCCAATTGGGTAACTCCCAGGAGAGTGT
			ACGTTCACCGTCTTCATCTTCCCAGCCATCT	CACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAG
			GATTAGTGGTTGTCTGCTGAATAACTTCTATC	CCTCAGCAGCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTA
			CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA	CGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA
			TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAG	CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAG
			AGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC	AGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
			ACCTACAGCCTGAGCAGCACCCTGACGCTG	
			AGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTC	
			TACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTG	
			AGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGG	
			GGAGAGTGTTAG	
			SEQ ID NO: 25255	SEQ ID NO: 29261

【図５０－３８０】

1255/4125

FIGURE 50

		AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQDISSWLA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
			WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVSAISGSGSNTFYADSVKGRFTI
			GTDFTLTISSLQPEDFATYFCQQANSLPFTFGPGTK	SRDNSKNTLYLHMNSLRAEDTAVYFCAKRTPSDVF
			VDIK	DIWGQGTMVTVSS
			SEQ ID NO: 25248	SEQ ID NO: 29254
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTGAGGCGTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCTTCA	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTGACTATGTCAT
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAACTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			GCACTGGGTCCGCCTGAGCTCCAAGGCGAAGT	GGAGTGGGTCTCATACATTAGTAGTGGTAGTATT
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	AATTACTATGCTGACTCTGTGAAGGGCCGAT
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			TATTACTGTCTACAGCATTATAATTACCCTCGG	TATTACTGTGCGAGAGATAGTTATCCTTTGGACTAC
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	GGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			AA	
			SEQ ID NO: 25249	SEQ ID NO: 29255
iPS:433955	21-225_45B8	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLN	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDCYMH
			WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHTSWPFGQGT	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYSS
			TKVEIK	GLYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25250	SEQ ID NO: 29256
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGTCGGGCGAGTCAGGATATTAGCAACTGG	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
			TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC	AACACATTCCGACGACTCCGTGAAGGGCCGG
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCACCAT	TTCACCATATCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			CAGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			ACTATTGTCAACAGACTTACCGTTCGGCGGAGG	ACACGCCGTATATTACTGTGCGAAGGAAGGA
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	GTGGGAGCTATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
			AA	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25251	SEQ ID NO: 29257
iPS:433957	21-225_45F8	AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCLASQGISWLA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
			WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGNTFYADSVKGRFTI
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG	SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKERSGSY
			TKVEIK	FDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25252	SEQ ID NO: 29258
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGTTTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGTCGGCGCAGTCAGGATATTAGCGACTGG	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAACAGCTATGCCAT
			TTAGCTGGTATCAGCAGAGACCAGGGAAAGC	GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			CCCTAAGCTTCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT	GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTCGTGGTGGT
			GGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC	ACCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTAT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			ACTATTGTCAACAGGCTAATAGTTACCCGTTCG	ACACGCCGTATATTACTGTGCGAAGGAAGGA
			GCCGGAAGTGTCTTCATCTTCCCAGCCATCT	CTCTGGTCCACCGTCTTCTTCA
			ATGGTCACCGTCTCCTTCA	
			SEQ ID NO: 25253	SEQ ID NO: 29259

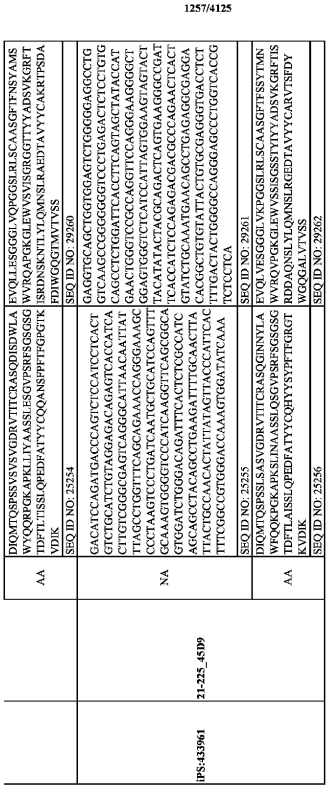
【図５０－３８１】

1256/4125

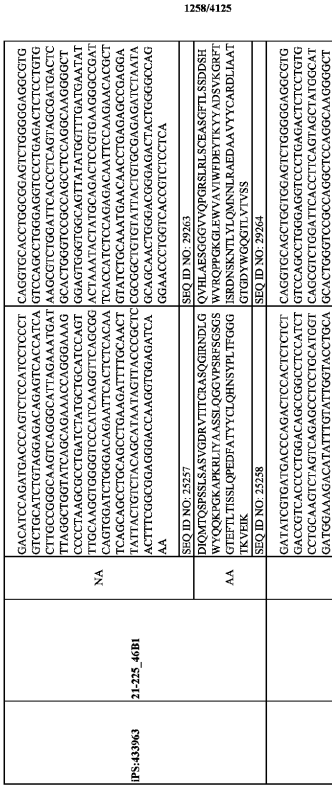
FIGURE 50

		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCGACTGG	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
			TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC	AACACATTCCGACGACTCCGTGAAGGGCCGG
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCACCAT	TTCACCATATCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			CAGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			ACTATTGTCAACAGACTTACCGTTCGGCGGAGG	ACACGCCGTATATTACTGTGCGAAGGAAGGA
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	GTGGGAGCTATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
			AA	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25257	SEQ ID NO: 29263
iPS:433959	21-225_45C9	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLN	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
			WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGNTFYADSVKGRFTI
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHTYSTPPTFGQG	SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDRYSSGS
			TKVEIK	YYDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25254	SEQ ID NO: 29260
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			CAGACTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTCCTAAGCTGCTGATCTACTGGGCATCCACC	CAGCGCCGTGTATTACTGTCAGCAGTATTATAGT
			CGGGAGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGG	TCACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
			GTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC	CGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	GCCATCCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTG
			CTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCGG	TGTGCCTACTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGC
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA	CAAAGTCCAATTGGGTAACTCCCAGGAGAGTGT
			ACGTTCACCGTCTTCATCTTCCCAGCCATCT	CACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAG
			GATTAGTGGTTGTCTGCTGAATAACTTCTATC	CCTCAGCAGCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTA
			CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA	CGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA
			TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAG	CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAG
			AGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGC	AGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
			ACCTACAGCCTGAGCAGCACCCTGACGCTG	
			AGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTC	
			TACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTG	
			AGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGG	
			GGAGAGTGTTAG	
			SEQ ID NO: 25255	SEQ ID NO: 29261

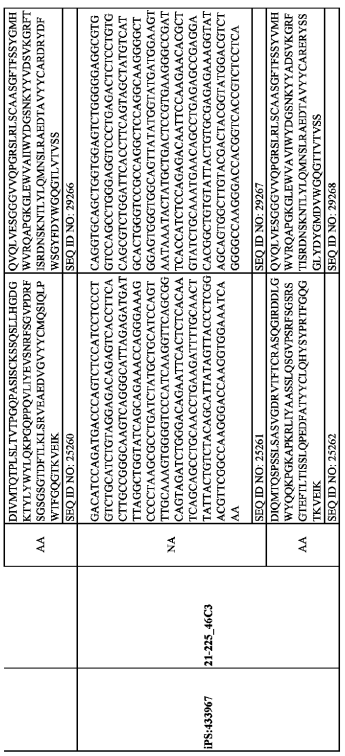
【図５０－３８２】



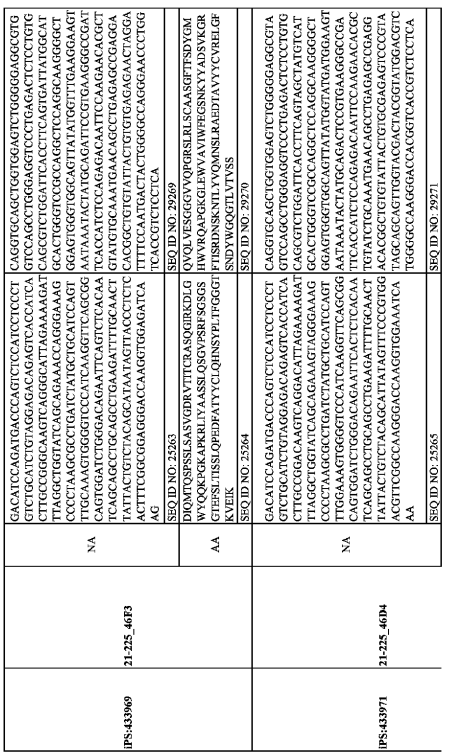
【図５０－３８３】



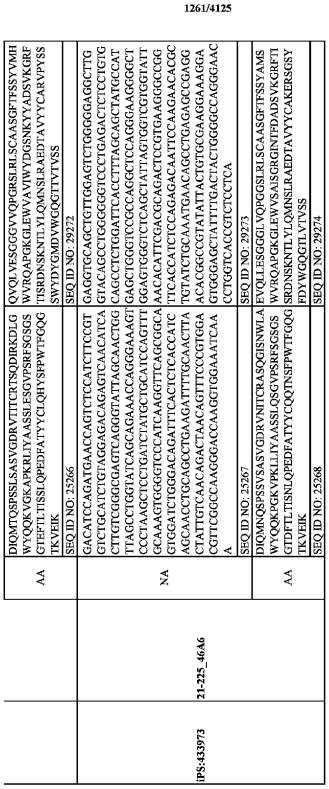
【図５０－３８４】



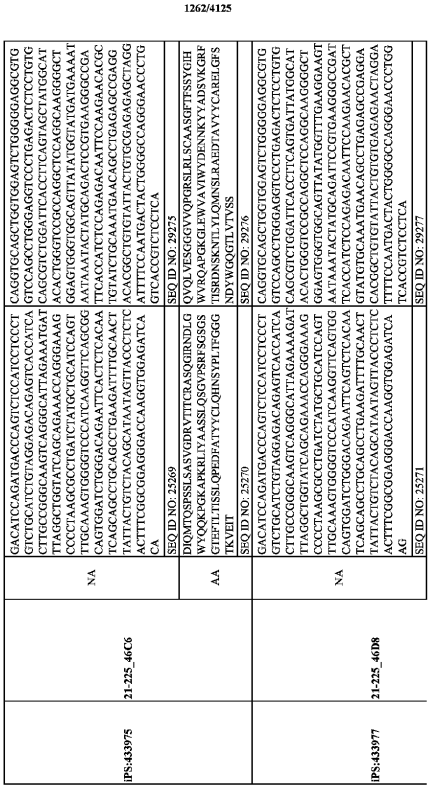
【図５０－３８５】



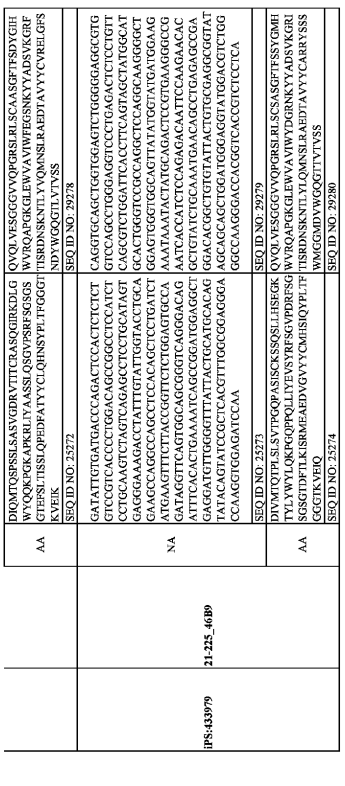
【図５０－３８６】



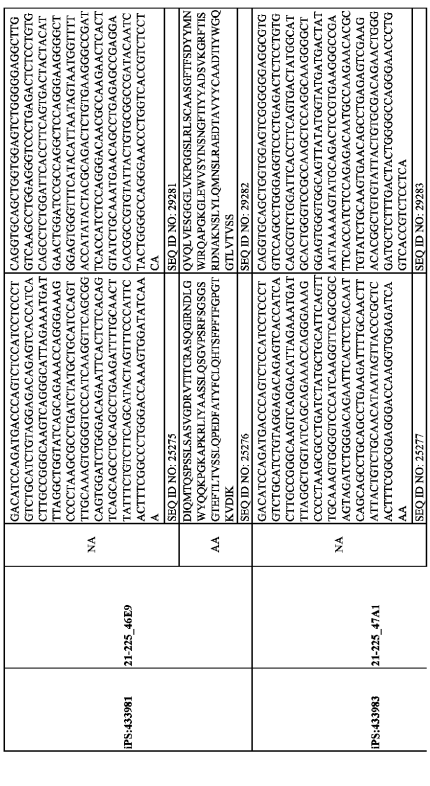
【図５０－３８７】



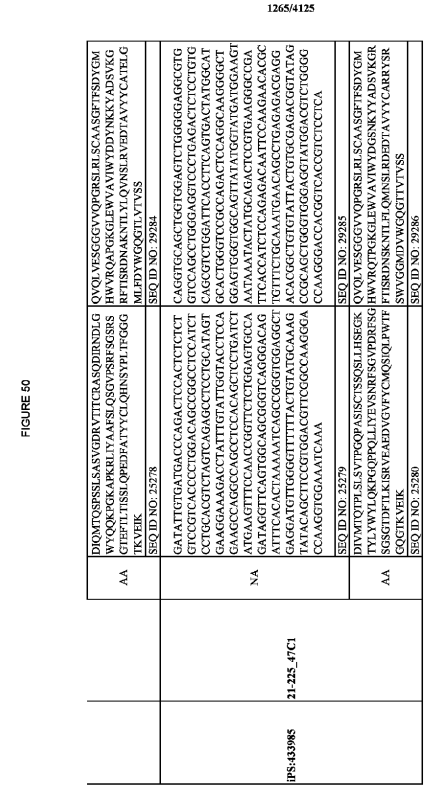
【図５０－３８８】



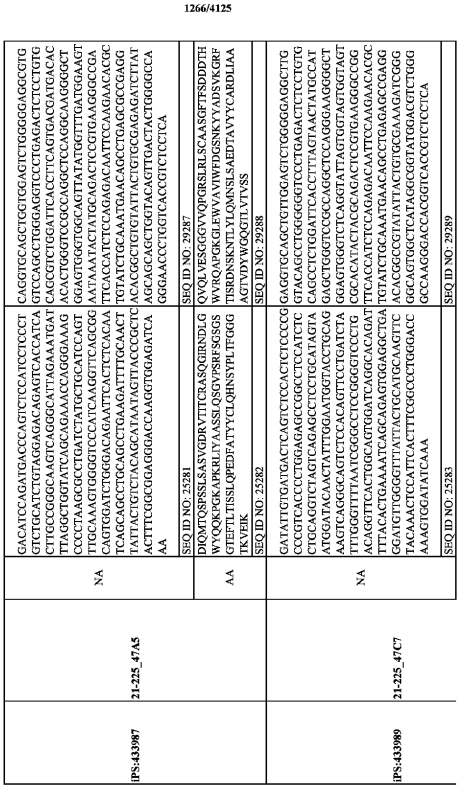
【図５０－３８９】



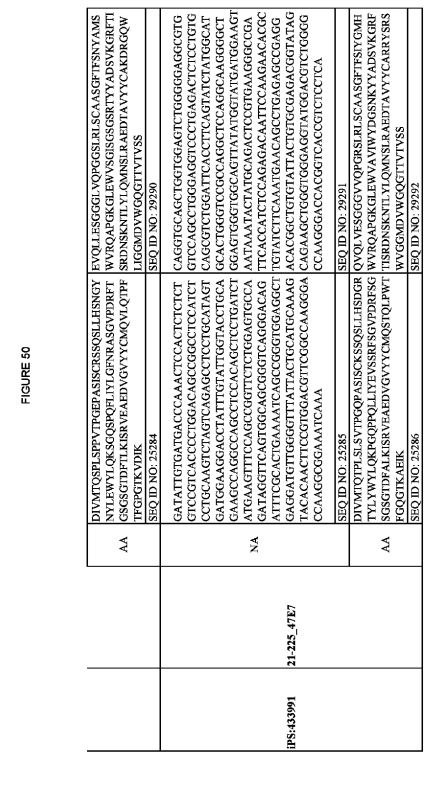
【図５０－３９０】



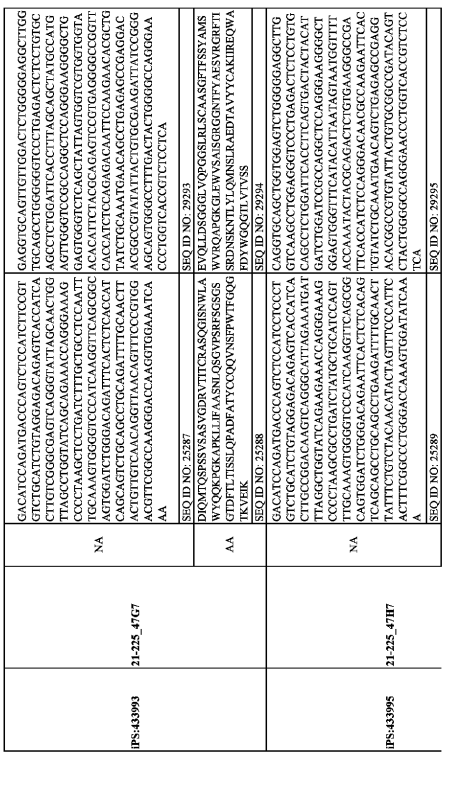
【図５０－３９１】



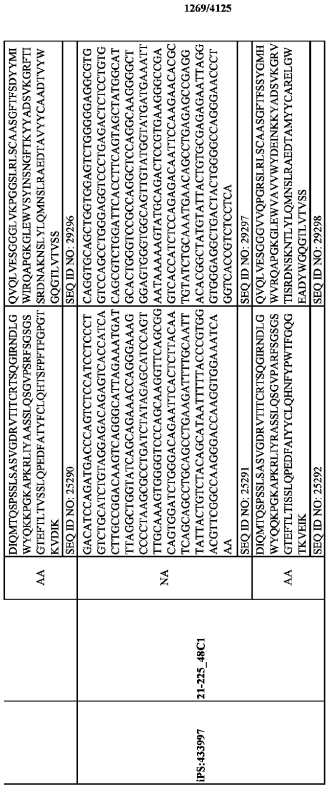
【図５０－３９２】



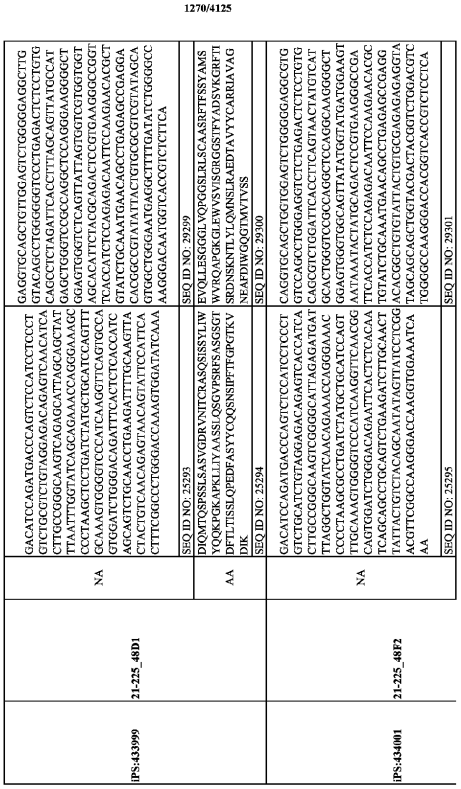
【図５０－３９３】



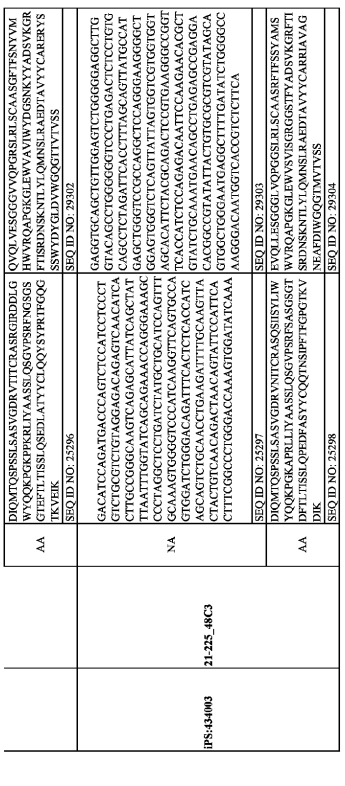
【図５０－３９４】



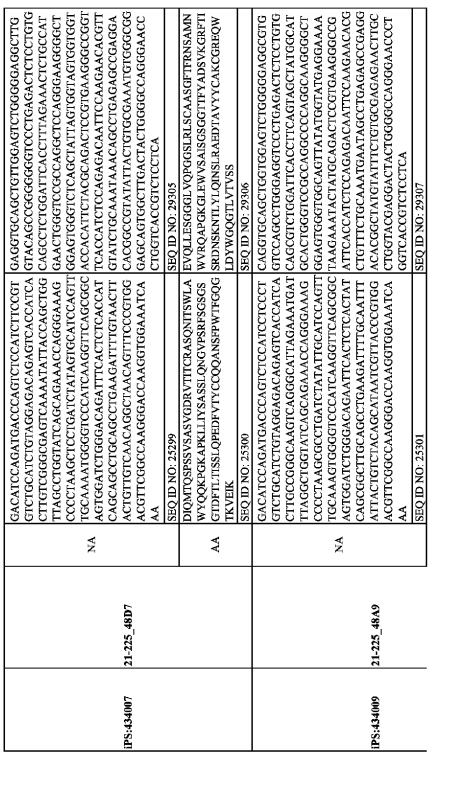
【図５０－３９５】



【図５０－３９６】

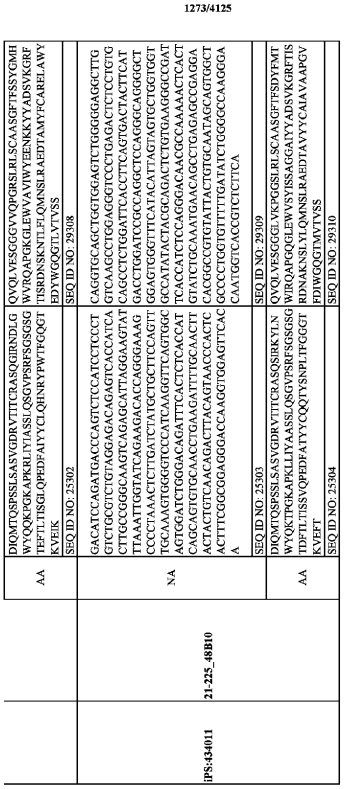


【図５０－３９７】



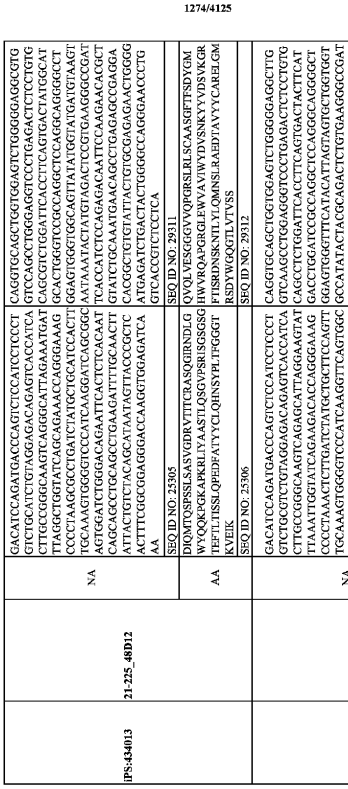
50

【図５０－３９８】



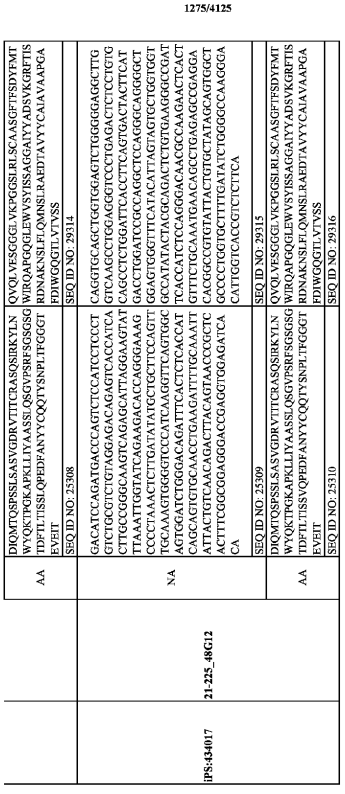
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRKYLN WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFAIYYCQQTYSNPLTFGGGT EVEIIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYEMH WVRQAPGKGLEWVSYISSAGGAIYYADSVKGRF TISRDNSKNTLFLQMNSLRAEDTAMYFCARELAWY FDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25308	SEQ ID NO: 29308
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTACGCTGCATCCAG TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTG GCACAGTGGCTCTGGATCCGGGACAGATTT TCACCATCTCCAGCCTCCAGCCTGAAGATA TTGCAACTTACTACTGTCAACAGTATAGTAC CTCCGTTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGG TGGAGATCAAA	CAGGTCACTCTTTGGCAGAGGCCACATCTGC CTACAGCTTCAGCAGCCTGGTGACCGTGTC CTCAAGATTCAGCGGCAGTGGATCTGGGAC AGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA GCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCA ACAGTATAACAGTACTCCGTTCACTTTCG GCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
			SEQ ID NO: 25309	SEQ ID NO: 29309
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRKYLN WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFAIYYCQQTYSNPLTFGGGT EVEIIK	QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYEMT WVRQAPGKGLEWVSYISSAGGAIYYADSVKGRF TISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELAWY FDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25310	SEQ ID NO: 29310
iPS:434017	21-225_48G12			

【図５０－３９９】



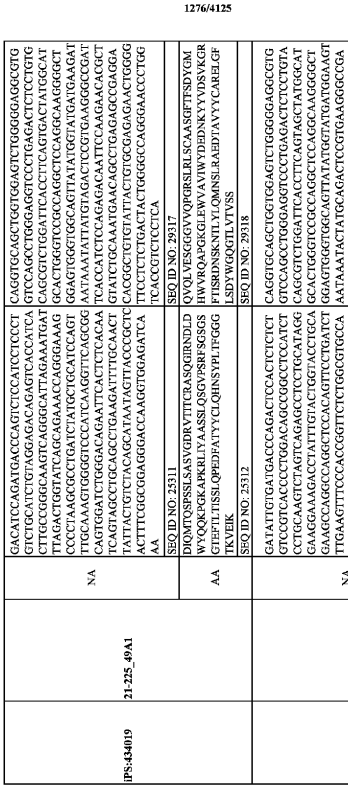
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG WYQQKPGKAPKRLITAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGT KVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYVDSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLGM RSDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25306	SEQ ID NO: 29312
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTACGCTGCATCCAG TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTG GCACAGTGGCTCTGGATCCGGGACAGATTT TCACCATCTCCAGCCTCCAGCCTGAAGATA TTGCAACTTACTACTGTCAACAGTATAGTAC CTCCGTTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGG TGGAGATCAAA	CAGGTCACTCTTTGGCAGAGGCCACATCTGC CTACAGCTTCAGCAGCCTGGTGACCGTGTC CTCAAGATTCAGCGGCAGTGGATCTGGGAC AGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA GCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCA ACAGTATAACAGTACTCCGTTCACTTTCG GCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
			SEQ ID NO: 25305	SEQ ID NO: 29311
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG WYQQKPGKAPKRLITAASTLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGT KVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYVDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLGM RSDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25307	SEQ ID NO: 29313
IPS:434013	21-225_48D12			
IPS:434015	21-225_48F12			

【図５０－４００】



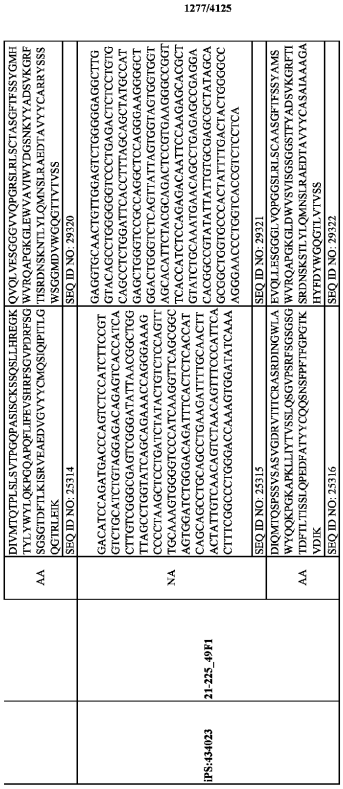
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRKYLN WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFAIYYCQQTYSNPLTFGGGT EVEIIK	QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYEMT WIRQAPGQGLEWVSYISSAGGAITYADSVKGRFTIS RDNAKNSLFLQMNSLRAEDTAVYYCARELAWY FDIWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25309	SEQ ID NO: 29315
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRKYLN WYQQTPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSVQPEDFANYYCQQTYSNPLTFGGGT EVEIT	QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYEMT WIRQAPGQGLEWVSYISSAGGAITYADSVKGRFTIS RDNAKNSLFLQMNSLRAEDTAVYYCARELAWY FDIWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25310	SEQ ID NO: 29316
iPS:434017	21-225_48G12			

【図５０－４０１】

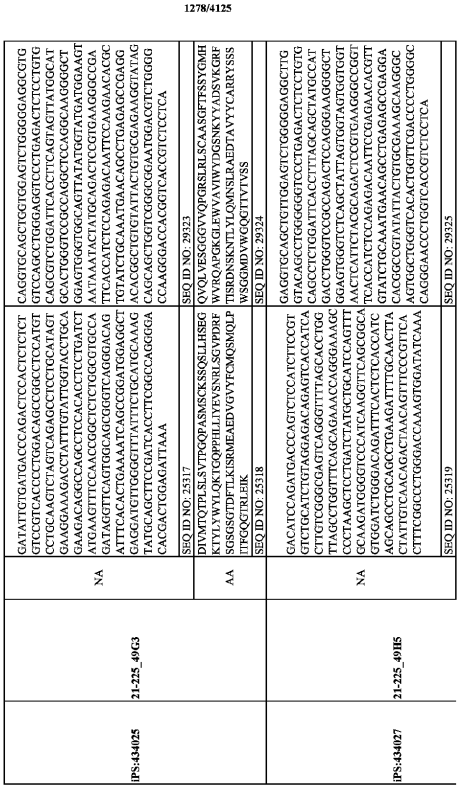


		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLD WYQQKPGKAPKRLITAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG TKVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDSDNKYYVDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLGF LSDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25312	SEQ ID NO: 29318
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCACTCTCT GTCCGTCACCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATA GAAGGAAATACCTATTGTATCTGGTACCTGCA GAAGCCAGGCCAGGCTCCACAGTTCCTGATCT TTGAAGTTTCCCACCGGTTCTCTGGCGTGCCA GATAGGTTCAGTGGCAGCAGGTCAGGGACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGTGCGCAAGG TATACAGATTCCGATACCCTCGGCCAAGGGA CACGACTGGATTCAACTT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAACGCCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTAGTAGTAGTTA CATATTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATT CACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGGCT TCTTCTGCTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG TCACCGTCTCCTCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATG CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTAGTAGTAGTTA CATATTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATT CACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGGCT TCTTCTGCTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG TCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25311	SEQ ID NO: 29317
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLD WYQQKPGKAPKRLITAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG TKVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDSDNKYYVDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLGF LSDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25312	SEQ ID NO: 29318
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCACTCTCT GTCCGTCACCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATA GAAGGAAATACCTATTGTATCTGGTACCTGCA GAAGCCAGGCCAGGCTCCACAGTTCCTGATCT TTGAAGTTTCCCACCGGTTCTCTGGCGTGCCA GATAGGTTCAGTGGCAGCAGGTCAGGGACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGTGCGCAAGG TATACAGATTCCGATACCCTCGGCCAAGGGA CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAACGCCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATG CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTAGTAGTAGTTA CATATTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATT CACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGGCT TCTTCTGCTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG TCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25313	SEQ ID NO: 29319
IPS:434021	21-225_49C1			

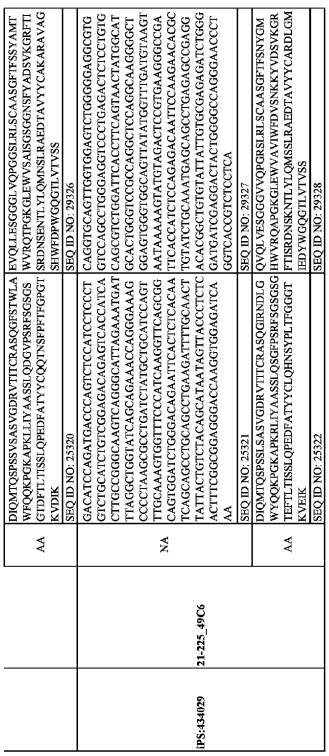
【図５０－４０２】



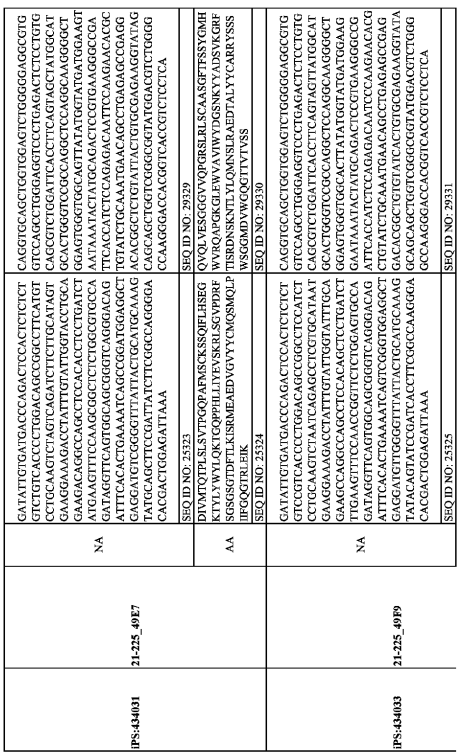
【図５０－４０３】



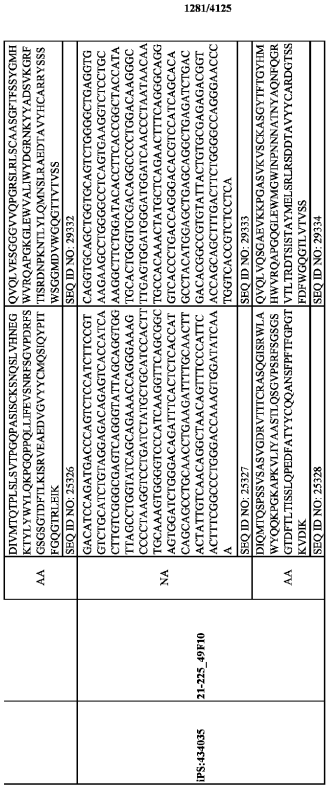
【図５０－４０４】



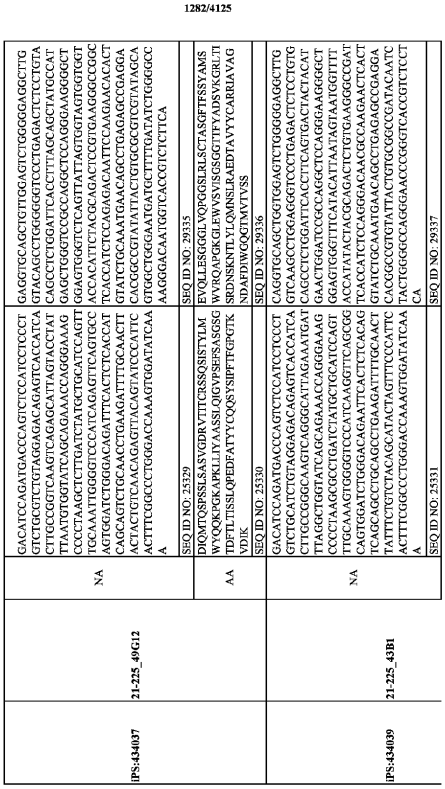
【図５０－４０５】



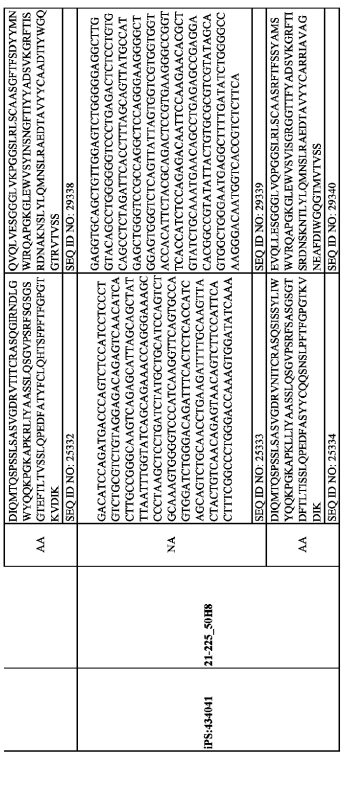
【図５０－４０６】



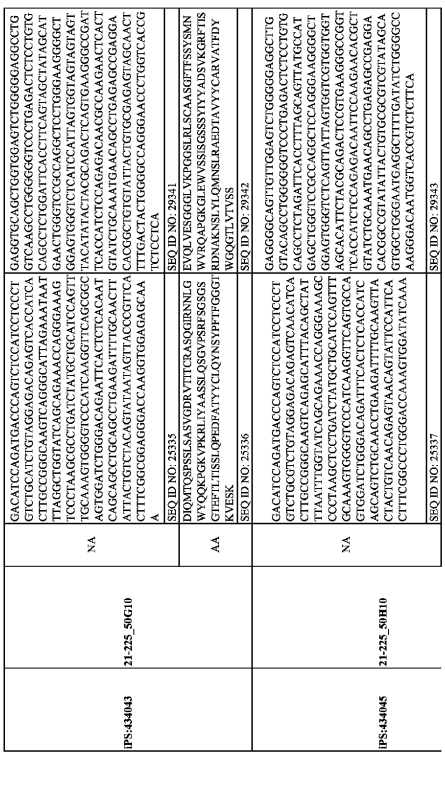
【図５０－４０７】



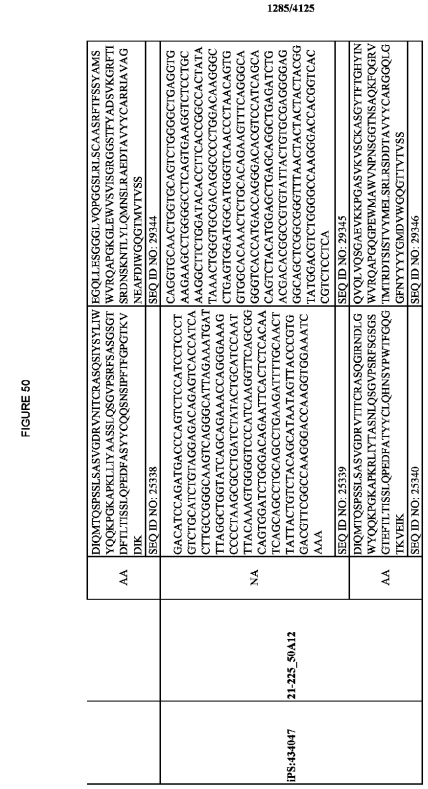
【図５０－４０８】



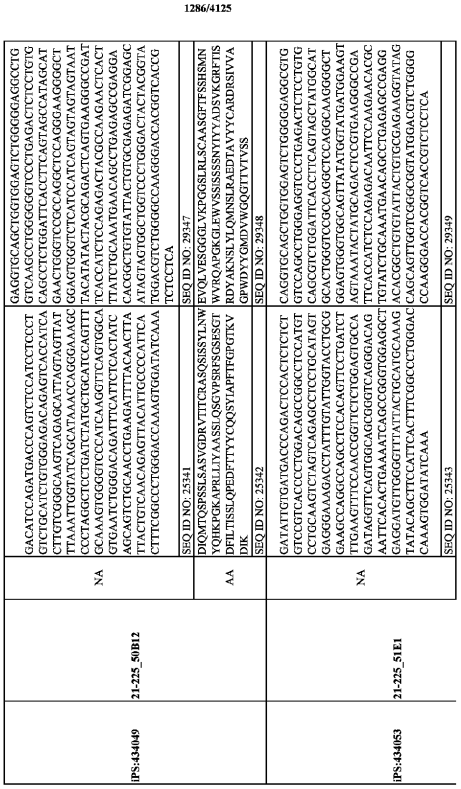
【図５０－４０９】



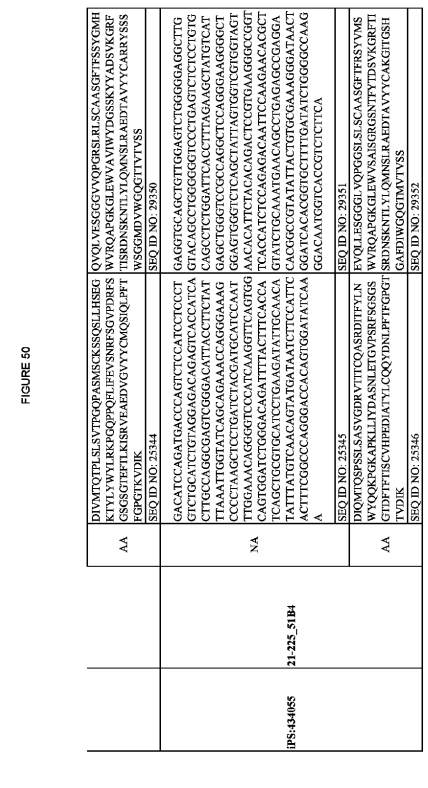
【図５０－４１０】



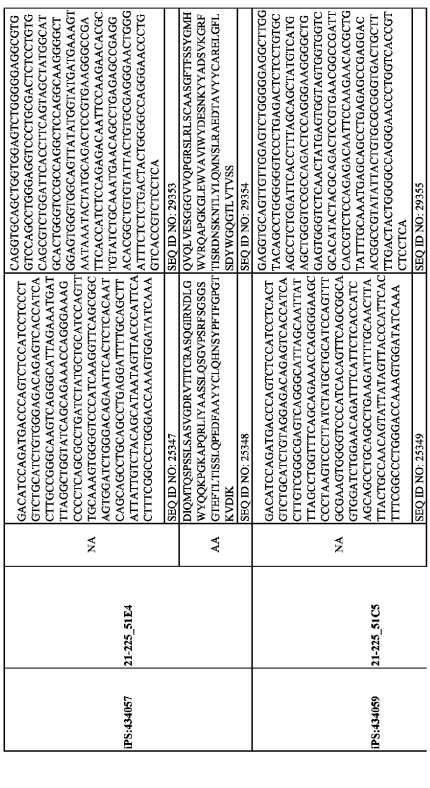
【図５０－４１１】



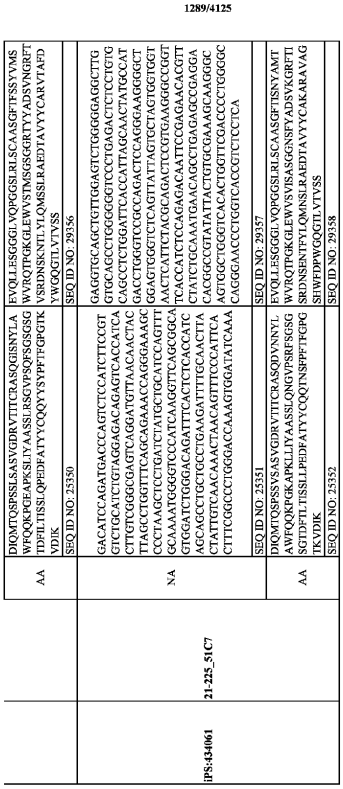
【図５０－４１２】



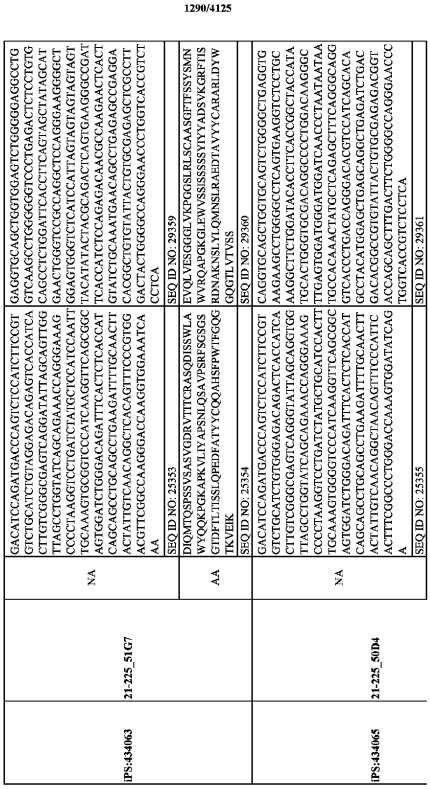
【図５０－４１３】



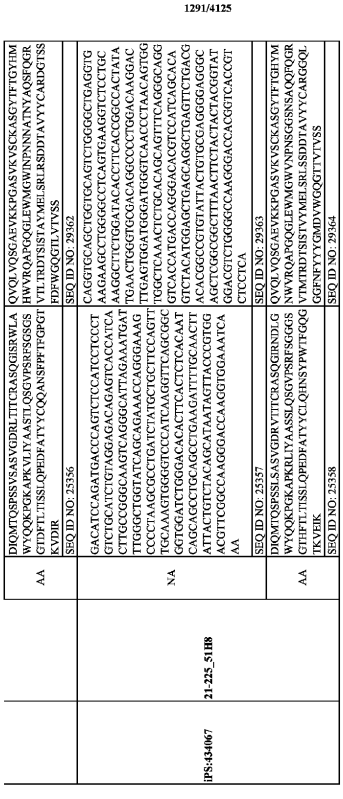
【図５０－４１４】


1289/4125
FIGURE 50
iPS:434061
21-225_51C7
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLA WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYYSYPFTFGPGTK VDIK
SEQ ID NO: 25350
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGAAGCCTGGGGCCTCCAGTGAAGGTCTCCTGC CTTGTCGGGCGAGTCAGGGATTAGCAATTAC TTAGCCTGGTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCTTCCAGTT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTTATTGTCAGCATAATAGTTACCCGTGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA
SEQ ID NO: 25352
iPS:434062
21-225_51D1
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQDINNYLA WYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQLNSYPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 25357
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGAAGCCTGGGGCCTCCAGTGAAGGTCTCCTGC CTTGTCGGGCGAGTCAGGATTAGCAATTAC TTAGCCTGGTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCTTCCAGTT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTAAAGTTTCCCGTTG GGACGTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA
SEQ ID NO: 25358
iPS:434063
21-225_51G7
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQDISSWLA WYQQKPGKAPKVLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 25353
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGATTATAGCAGTTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTCACAGTTCCGGTG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA
SEQ ID NO: 25354
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTGGGACAGACTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGATTATAGCAGTTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGGTCCTGATCTATGCTGCATCCACT TTGCAAGTGGATGGGGTCCCATCAACTTCAGC GGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACC ATCAGCAGCCTGCAGCCTGATGATTTTGCAACT TACTATTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA
SEQ ID NO: 25355
iPS:434064
21-225_50D4
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSYPLTFGGG TKVEIK
SEQ ID NO: 29357
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGATTATAGCAATTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA
SEQ ID NO: 29358

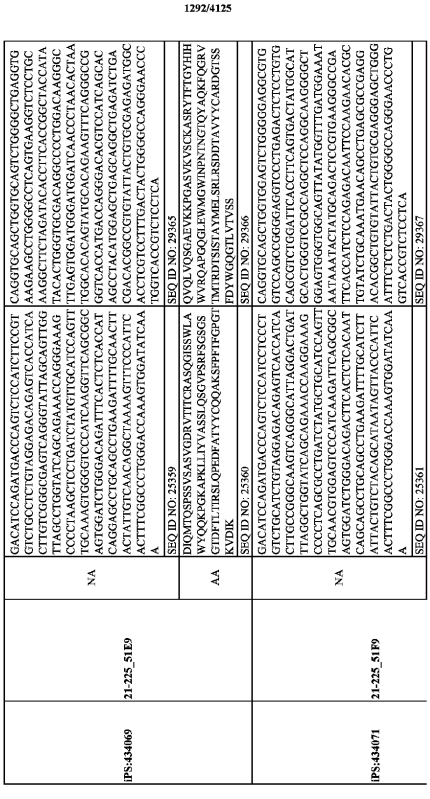
【図５０－４１５】


1290/4125
FIGURE 50
iPS:434063
21-225_51G7
AA
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSSYIYYADSVKGRFTI SRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARARLDYW GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29359
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATAGCAT GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTAGTAGTAGTTAT TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT TCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGACGCTCCCGT GACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCT CCTCA
SEQ ID NO: 29360
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATAGCAT GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTAGTAGTAGTTAT TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT TCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGACGCTCCCGT GACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCT CCTCA
SEQ ID NO: 29361

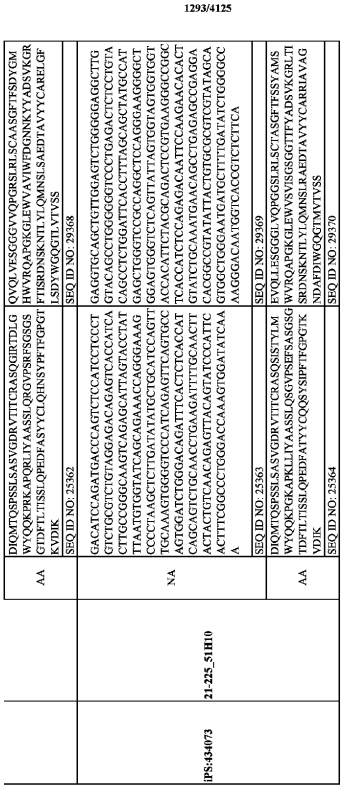
【図５０－４１６】


1291/4125
FIGURE 50
iPS:434067
21-225_51H8
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISRWLA WYQQKPGKAPKVLIYAASTLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 25356
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGGACTCTTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTGGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG TTTGAGTGGATGGGATGGGTCAACCCTAACAGTGG GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACA GGTGGATCTGGGACACACTTCACTCTCACCAAT ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA CTCCTCA
SEQ ID NO: 29363
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGGACTCTTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG TTTGAGTGGATGGGATGGGTCAACCCTAACAGTGG GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGGAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTAAAGTTTCCCGTTG CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGGC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCA A
SEQ ID NO: 25359
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGGACTCTTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG TTTGAGTGGATGGGATGGGTCAACCCTAACAGTGG GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC AGGAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTAAAGTTTCCCGTTG CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGGC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCA A
SEQ ID NO: 25360
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGGACTCTTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAAGGAAAG CCCCTCAGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT TGCAACGTGGGTCCCATCAAGATTCAGCGGC AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA AGTGGATCTGGGACAGACTTCACTCTCACAAT ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCGTTG CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGTATAATAGTTACCGTTG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA A
SEQ ID NO: 25361
iPS:434071
21-225_51F9
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT KVDIK
SEQ ID NO: 29362
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGGACTCTTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA TTACACTGGTGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGAC TTGAGTGGATGGGATGGGTCAACCCTAACAGTGG GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC ACCTCGTCCTTTGACTACTGGGCCCAGGGAACCC TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29364
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGGACTCTTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCTTCCAGTT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTAAAGTTTCCCGTTG GGACGTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA CTCCTCA
SEQ ID NO: 29367

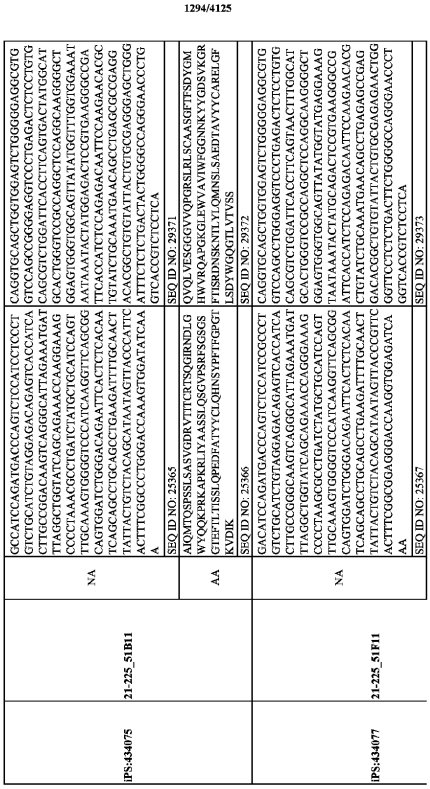
【図５０－４１７】


1292/4125
FIGURE 50
iPS:434069
21-225_51E9
AA
EVQLVESGGGLVKPGASVKVSCKASGYTFTGYHM WVRQAPGQGLEWMGWINPNTGQPTQQAQGFQGRV TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARDGTSS FDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29365
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG GTCTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA AAGGACTCTTGGATACACCTTCACCGGCTACCATA CTTGTCGGGCGAGTCAGGGATTAGCAGCTGG TTACACTGGTGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC CCCCTAAGCTCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTTG CAAAGTGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAG TGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAG CAGCCTGCAGCCTGATGATTTTGCAACTTATT ACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTGGACG TTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
SEQ ID NO: 29366
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGGATTAGCAGCTGG TTACACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGGTCCTGATCTATGCTGCATCCACT TTGCAAGTGGATGGGGTCCCATCAACTTCAGC GGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACC ATCAGCAGCCTGCAGCCTGATGATTTTGCAACT TACTATTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
SEQ ID NO: 29367

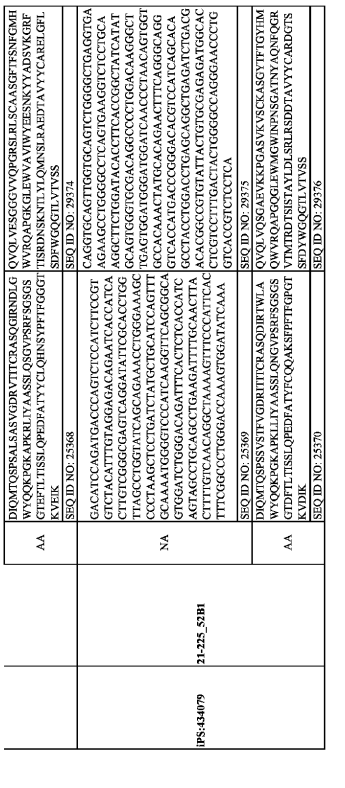
【図５０－４１８】



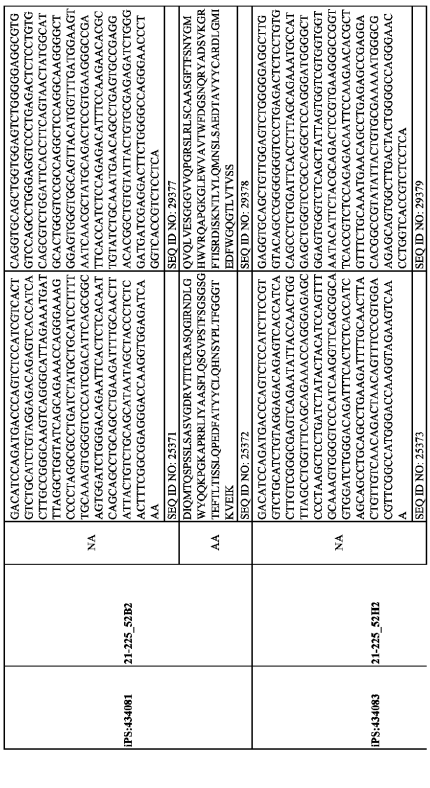
【図５０－４１９】



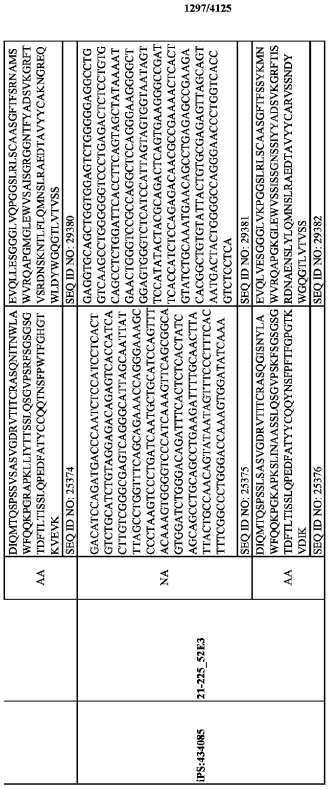
【図５０－４２０】



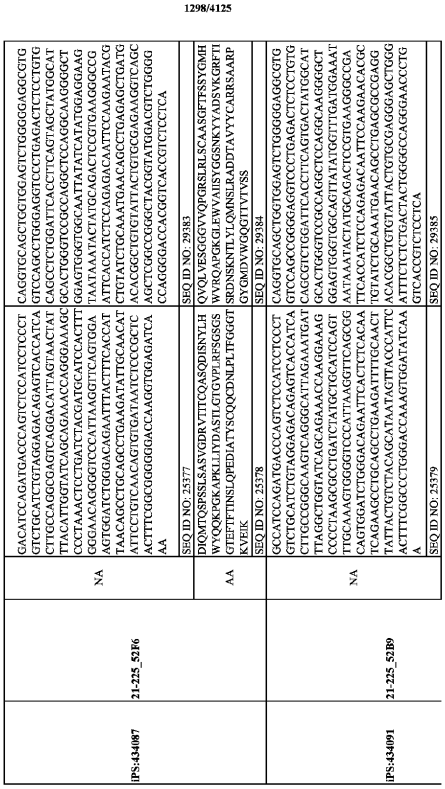
【図５０－４２１】



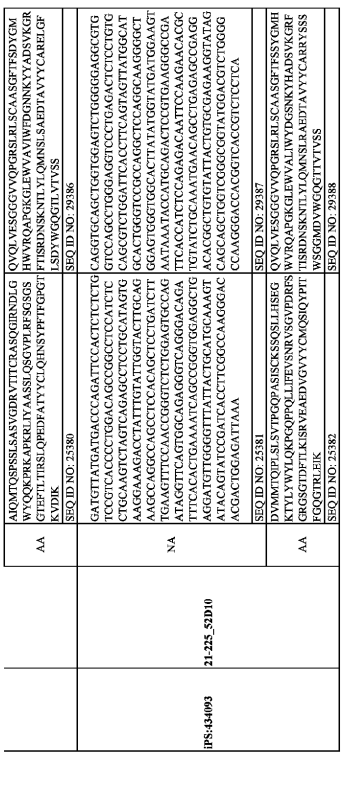
【図５０－４２２】



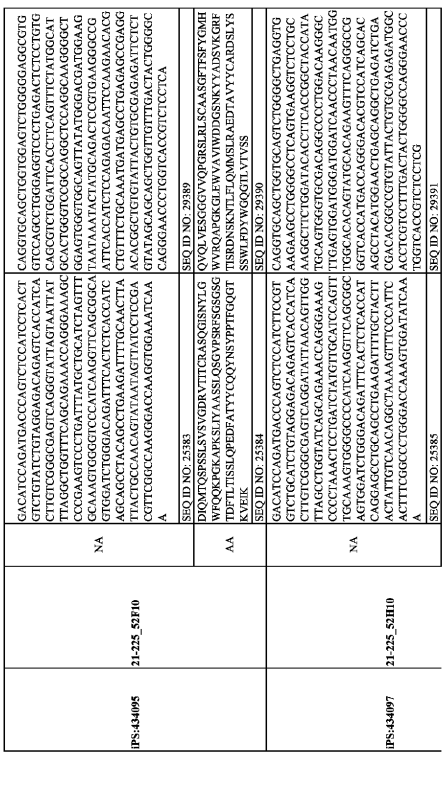
【図５０－４２３】



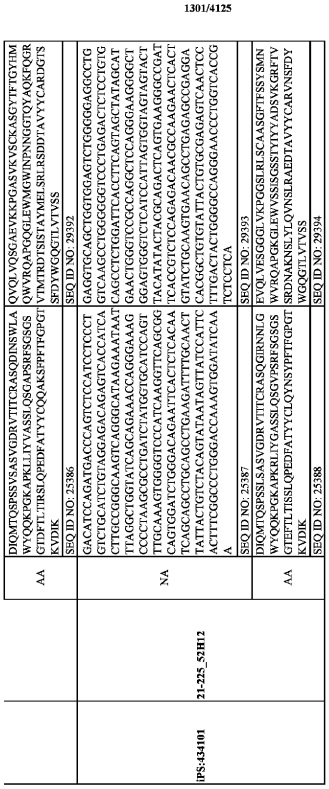
【図５０－４２４】



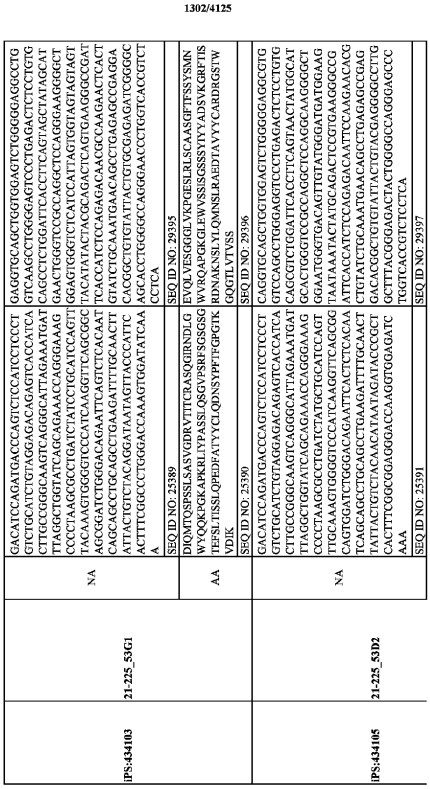
【図５０－４２５】



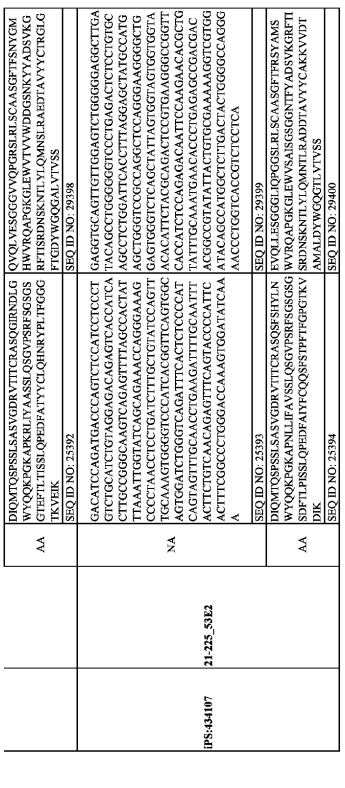
【図５０－４２６】



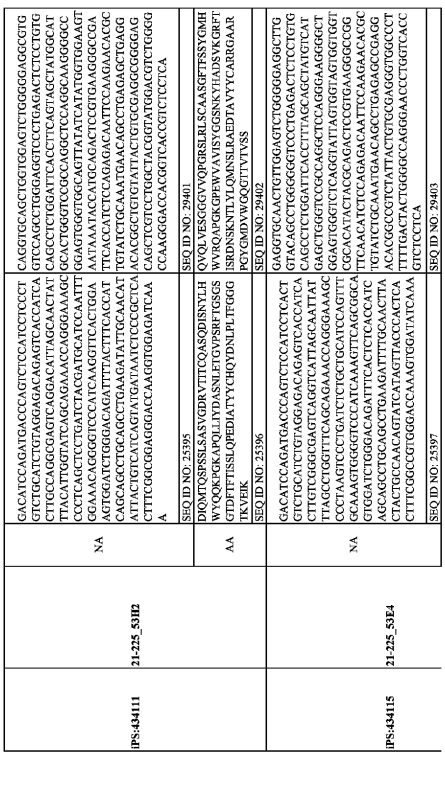
【図５０－４２７】



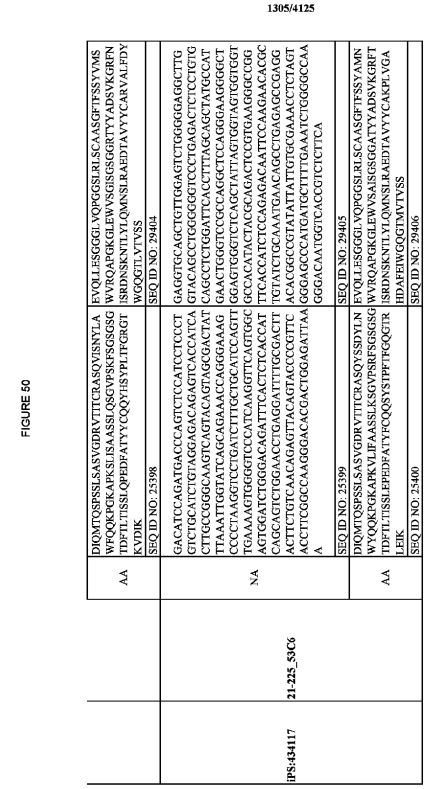
【図５０－４２８】



【図５０－４２９】



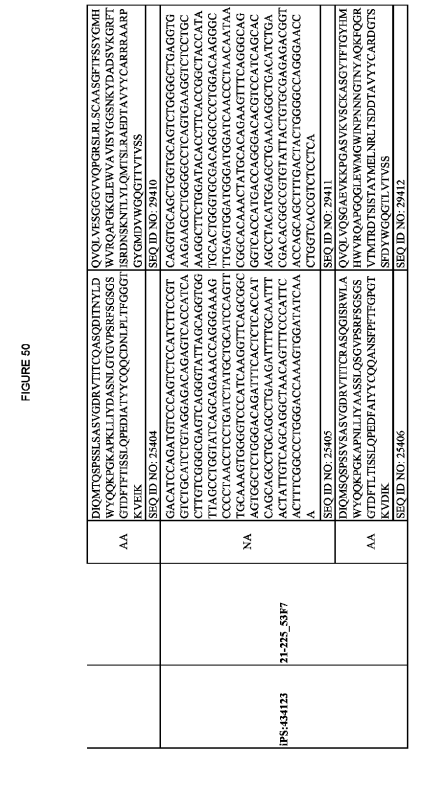
【図５０－４３０】


1305/4125
FIGURE 50
iPS:434117
21-225_53C6
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQVISNYLA
WFQQKPGKAPKLIYDASNLGTGVPSRFSGSGSG
TDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYHSYPLTFGRGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25398
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGTACAGTAGCGACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAAG
CCCCTAAGGTCCTGATCTTTGCTGCATCCAGTT
TGAAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTATCATGATCTCCCGTTC
ACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA
A
SEQ ID NO: 25399
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGTACAGTAGCGACTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGGCTAACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 25400
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQVISSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPPTFGQGTR
LEIK
SEQ ID NO: 25405
AA
DIQMSQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPITFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25406
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDITNYLD
WFQQKPGKAPKLLIYDASNLGTGVPSRFSGSGSG
TDFTFTISSLQPEDIATYYCQQCDNLPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25404
NA
GACATCCAGATGATCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG
TTAGCCTGGCAGCCAGGGAAACCTGGGAAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCACAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTTGCCACTTTCGGCGGA
GGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25403
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLKSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPPTFGQGT
RLEIK
SEQ ID NO: 25402
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGTACAGTAGCGACTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGGCTAACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25401
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAATTT
ACCAGCAGTCTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTG
GCAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCATAATAGTTACCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25407
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTACAAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCGTCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTTTGGAAGCTCACCC
ATGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAACCTGGA
GATCAAA
SEQ ID NO: 25408
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG
TTAGCCTGGCAGCCAGGGAAACCTGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCATAATAGTTACCGTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 25409
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQVISSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLKSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPPTFGQGT
RLEIK
SEQ ID NO: 25410
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASGRATGIPDRFSGSGS
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQPFSSPMCSFGQ
GTNLEIK
SEQ ID NO: 25411
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASGRATGIPDRFSGSGS
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQPFSSPMCSFGQ
GTNLEIK
SEQ ID NO: 25412

【図５０－４３１】

1306/4125
FIGURE 50
iPS:434119
21-225_53E6
AA
DIQMTQSPSSLSASVGARVTITCRASQGIDNDLG
WYQQKPGKAPKRLLIYAASNLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDVATYFCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25402
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAATT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGCATAATAGTTACCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25403
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCCTCTGTAGGAGCGCAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAATTT
ACCAGCAGTCTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTG
GCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCATAATAGTTACCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
A
SEQ ID NO: 25404
NA
CAGGTCCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAACGTCTGGATTCACCTTCAGTGACTATGGCAT
CCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
TTCGCCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGTGAGAGAACTGGG
GATGACGTCTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25405
NA
CAGGTCCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGCCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTAT
GAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
ACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTC
ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTG
TATCTGCAGATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGCAGC
TGGTACGTCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
CCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25406
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAG
CAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC
ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGT
GTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGT
ACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25407
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGT
TTTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCACTTT
GCAAAGTGGGGTCATCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTAT
TACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACACT
TTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25408
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCC
TAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTTGCA
AAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG
GATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAATCAGC
AGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTACTAC
TGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACACTTTT
GGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25409

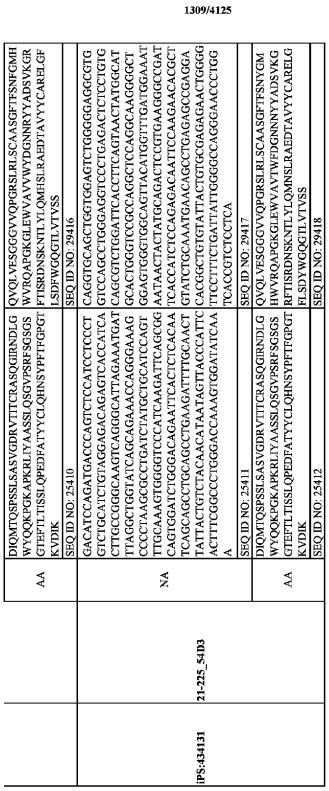
【図５０－４３２】


1307/4125
FIGURE 50
iPS:434123
21-225_53B7
AA
DIQMSQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYFCQQANSFPITFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25405
AA
DIQMSQSPSSVSASVGDRVTITCRASQISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPITFGQGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25406
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRRAARP
GYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 25410
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGCTGAGGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAACGCTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
CCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGTGAGAGAACTGGG
GATGACGTCTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
GGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25411
NA
CAGGTCCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGCCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTAT
GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGCAG
CTGGTACGTCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
CCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25412

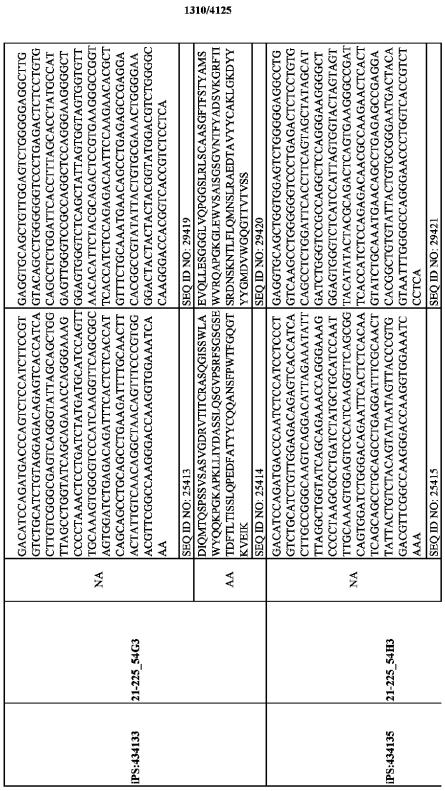
【図５０－４３３】

1308/4125
FIGURE 50
iPS:434127
21-225_53H8
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASGRATGIPDRFSGSGS
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQPFSSPMCSFGQ
GTNLEIK
SEQ ID NO: 25407
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTACAAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCGTCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTTTGGAAGCTCACCC
ATGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAACCTGGA
GATCAAA
SEQ ID NO: 25408
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG
TTAGCCTGGCAGCCAGGGAAACCTGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCATAATAGTTACCGTTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 25409
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGTACAGTAGCGACTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGCATAATAGTTACCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25413
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGT
TTTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCACTTT
GCAAAGTGGGGTCATCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTAT
TACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACACT
TTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25414
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCGGGGAGGTCCCTGAGACTCTCTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGCCAT
GTTCGCCAGGCTCCAGGAAGGGGCTGGAGTGG
GTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGTACATAC
TACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATC
TCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTG
CAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCC
GTATATTACTGTGCGAAAGATAGCAGCTGGTAC
GTCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGT
CACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25415

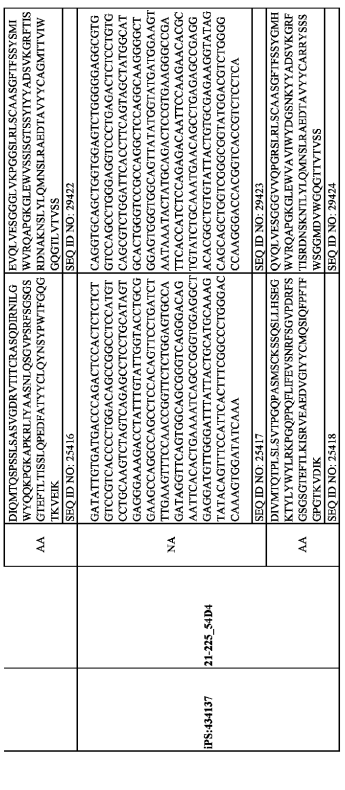
【図５０－４３４】



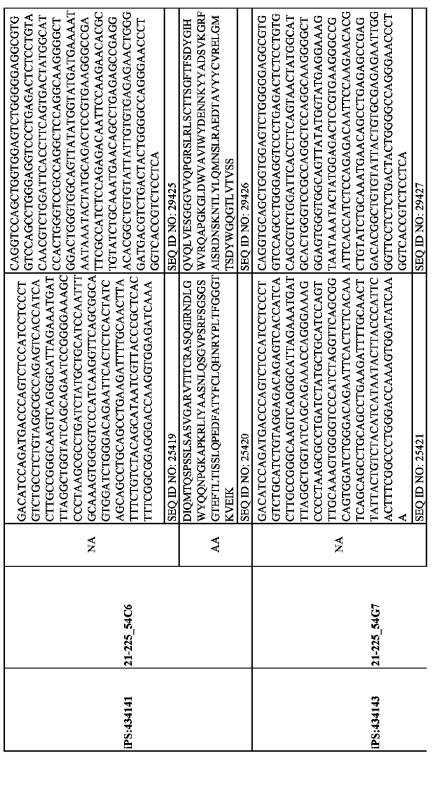
【図５０－４３５】



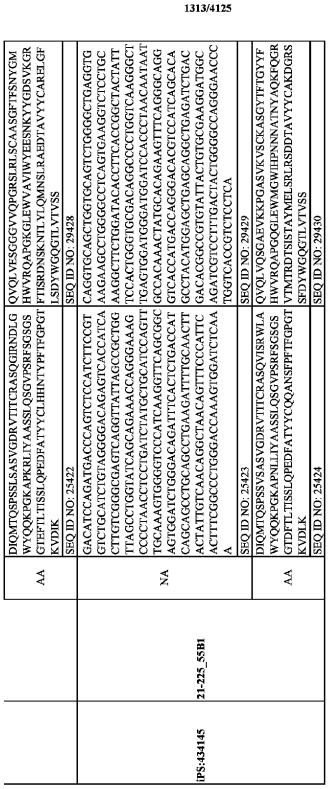
【図５０－４３６】



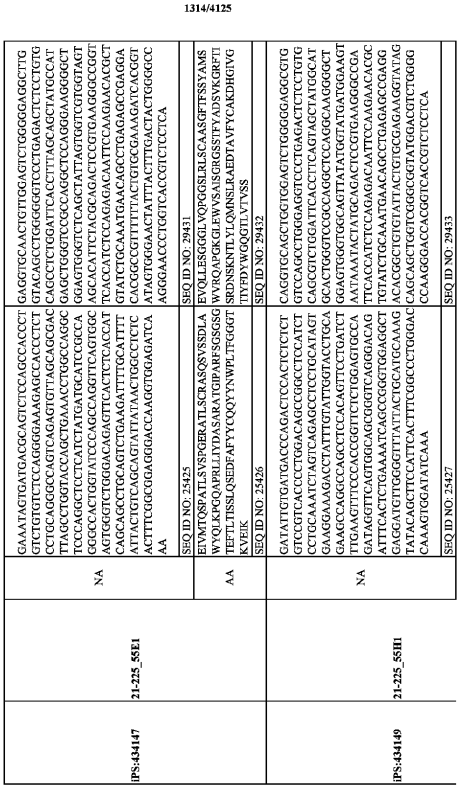
【図５０－４３７】



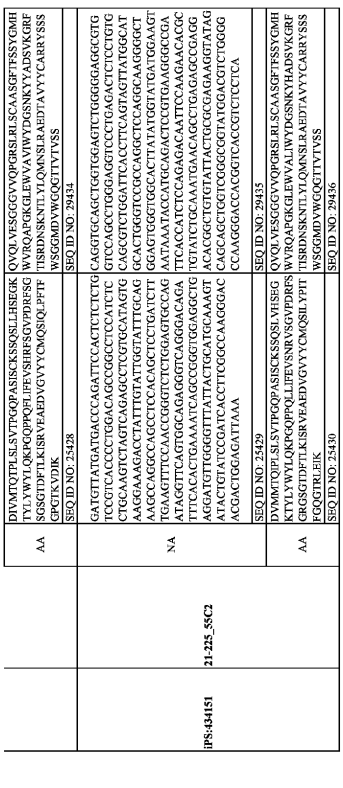
【図５０－４３８】



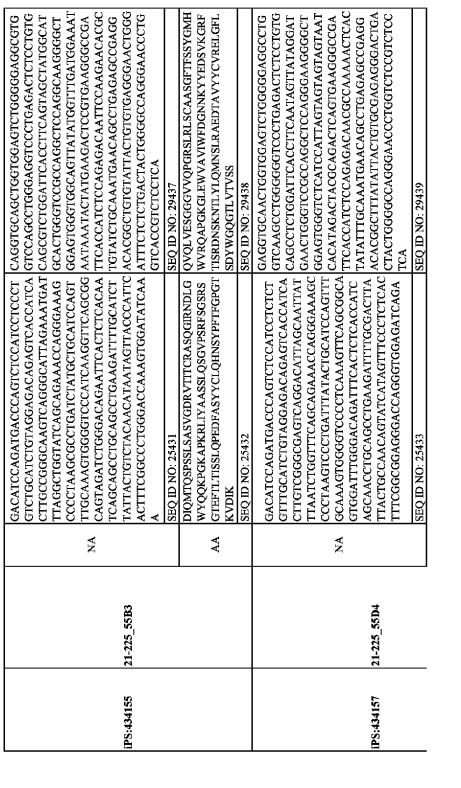
【図５０－４３９】



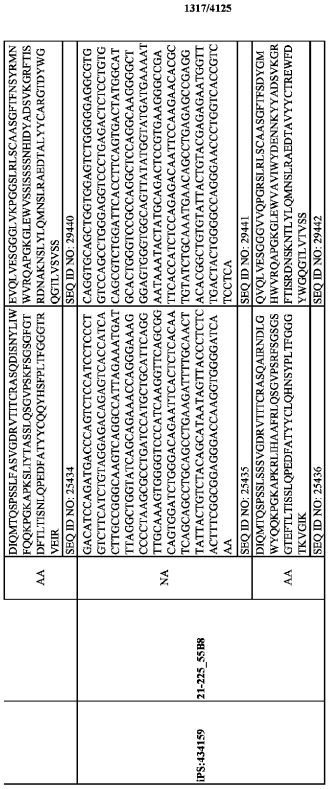
【図５０－４４０】



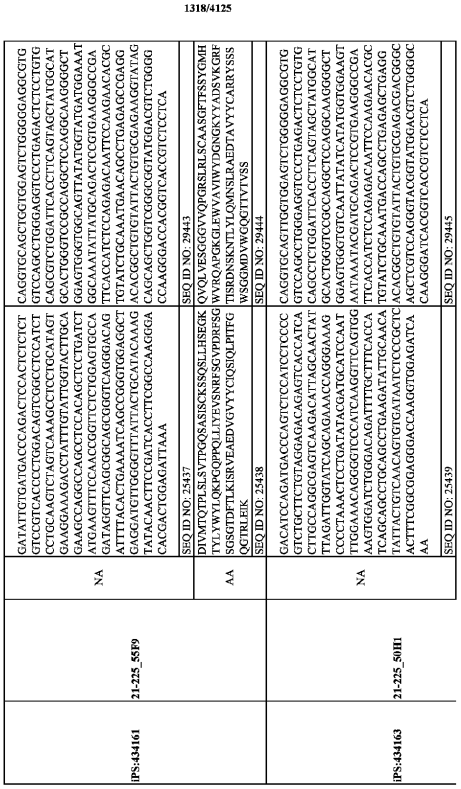
【図５０－４４１】



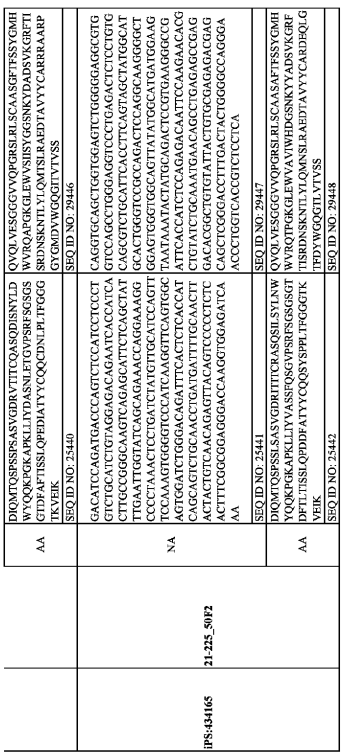
【図５０－４４２】



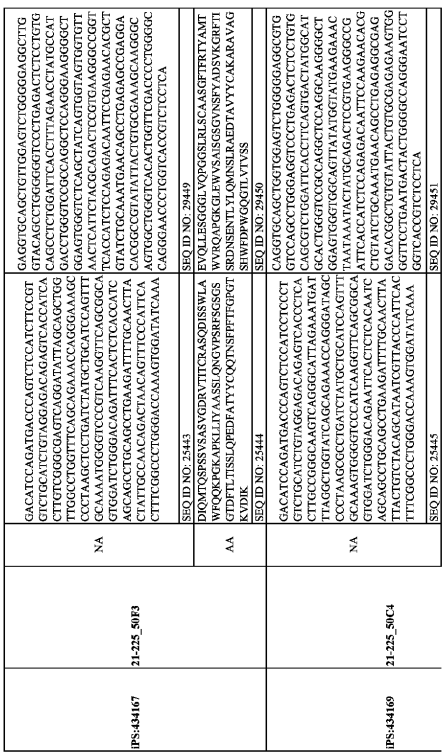
【図５０－４４３】



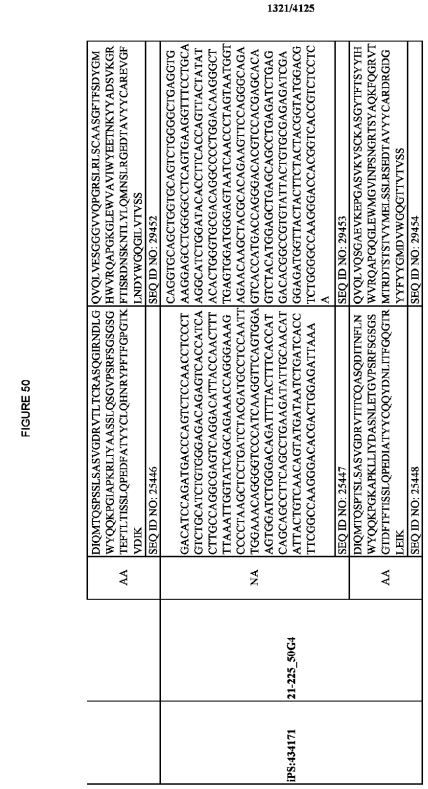
【図５０－４４４】



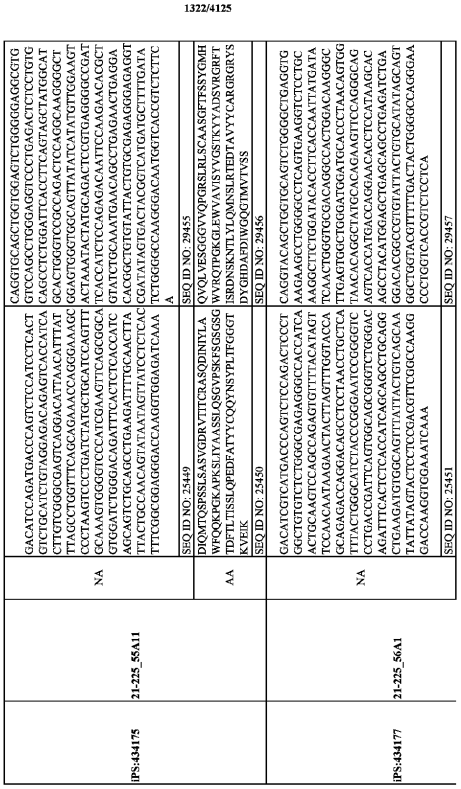
【図５０－４４５】



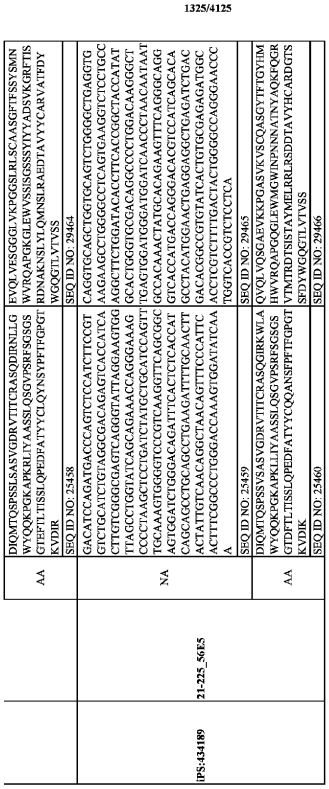
【図５０－４４６】



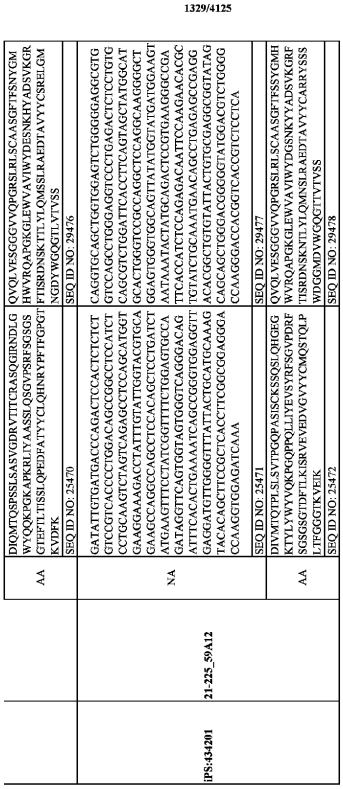
【図５０－４４７】


1322/4125
FIGURE 50
iPS:434171
21-225_50G4
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTLTCRASQGIRNDLG
WYQQKPGIAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNRYPFTFGPGTK
VDIK
SEQ ID NO: 25446
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTTT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCCTCCAATTT
GGAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA
AGTGGATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACAT
ATTACTGTCAACAGTATGATAATCTGATCACC
TTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
SEQ ID NO: 25447
iPS:434175
21-225_55A11
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDINTLA
WYQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25449
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTTATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCGAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTGGA
CGATTATTTTGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAACGT
SEQ ID NO: 25450
iPS:434177
21-225_56A1
AA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGATGGAAGT
ACTAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAACTGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGAGGGT
CGATATAGTGACTACGGTCATGATGCTTTTGATA
TCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTC
A
SEQ ID NO: 29486
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTTATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCGAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTGGA
CGATTATTTTGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAACGT
SEQ ID NO: 29455
iPS:434179
21-225_56F1
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNWLG
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDNSHPFTFGQG
KVEIK
SEQ ID NO: 25453
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNWLG
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDNSHPFTFGQG
KVEIK
SEQ ID NO: 25454
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAGTTTTAGCCACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAACCTCCTGATCTTTGCTGTGATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGTAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTT
ACTTCTGTCAACAGAGTTACCCGATTC
ACTTTTGGCCAGGGGACCAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 25460
iPS:434181
21-225_56B2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSFSHYLN
WYQQKPGKAPKLLIFAVSSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYCQQSYSTPFTFGPGTK
VDIK
SEQ ID NO: 29461
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGTTTATTACTTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCATTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25457
iPS:434183
21-225_56C2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLN
WYQQKPGKAPKLLIYVSSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYCQQYSNIPFTFGPGTK
VDIK
SEQ ID NO: 25461
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGTTTATCCACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCATTAGTTCAGTGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGAGTTACCCTATTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25462
iPS:434185
21-225_56D2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLN
WYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPSRFSGSGS
GTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYDNLPFTFGPGT
KVDFK
SEQ ID NO: 25463
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCATCCAATTT
GGAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTTTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACATA
TTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGTTCACT
TTCGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAGA
SEQ ID NO: 25467
iPS:434187
21-225_56E2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPEKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPDDFATYYCQQYNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25468
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTG
TCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAAGTTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACAC
TTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25469
iPS:434189
21-225_56F2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPPTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25470
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTG
TCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCTCATCAAGTTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCATTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25471
iPS:434191
21-225_56G2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPEKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPDDFATYYCQQYNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25472
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTG
TCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAAGTTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACAC
TTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25473
iPS:434193
21-225_56H2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNWLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDNSYPFTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25474
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCATCCAATTT
GGAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTTTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACATA
TTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGTTCACT
TTCGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAGA
SEQ ID NO: 25475
iPS:434195
21-225_56I2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPEKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPDDFATYYCQQYNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25476
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTG
TCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAAGTTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACAC
TTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25477
iPS:434197
21-225_56J2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25478
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTG
TCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAAGTTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACAC
TTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25479
iPS:434199
21-225_56K2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25480
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTG
TCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGC

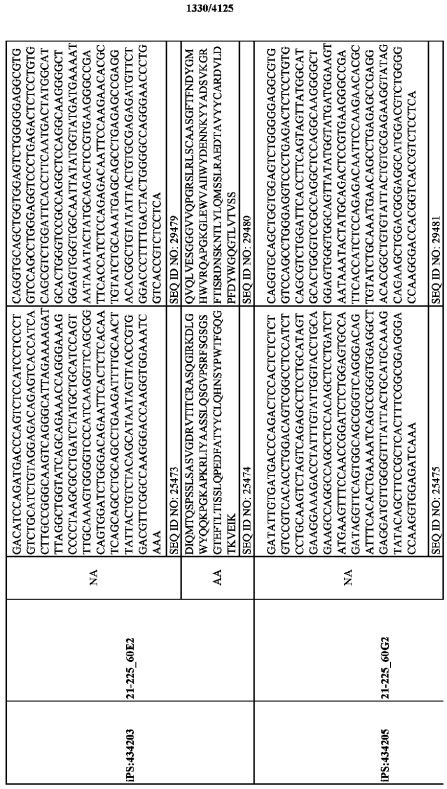
【図５０－４５０】


1325/4125
FIGURE 50
IPS:434189
21-225_56E5
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISKWLA
WYQQKPGKAPKRLIYAASRLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25438
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGGAAGTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATCGTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCGTCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 25439
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGIRWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSG
SGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGP
KVDIK
SEQ ID NO: 25460
FIGURE 50
IPS:434191
21-225_56B6
AA
NA
DIQMTQSPSSLSVSVGDRVTITCRASQSIFRYLN
WYQQKPGRAPKLLIFAASSQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQFTSPPLTFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 25461
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGTATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTTCAGATAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGAAGAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTTTGCATCCACTTT
TCCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGACTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTACAACAGTTTCAGTACCCTT
ACTACTGTCAACAGACTTACAGTCCCCCTCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25462
FIGURE 50
IPS:434193
21-225_56C6
AA
NA
CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGC
TGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AGTACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAGATCTGG
ACCTCGTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25463
【図５０－４５１】
1326/4125
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGTATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGCATTTCAGATAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGAAGAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTTTGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGACTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTACAACAGTTTCAGTACCCTT
ACTACTGTCAACAGACTTACAGTCCCCCTCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25464
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTGT
GTGTGCATATGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGATGAATCAGGATATTAGGAAGTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25465
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQISKWLA
WFQQKPGKAPKLLIYAASGLQSGVPSRFSGSG
SGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGP
KVDIK
SEQ ID NO: 25466
FIGURE 50
IPS:434195
21-225_56F6
AA
NA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKSGNAPKLLIYAASRLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25467
GACATCCAGATGACCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTACAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTTATCCGTG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 25468
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTTATCCGTG
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATTTCAA
A
SEQ ID NO: 25469
【図５０－４５２】
1327/4125
FIGURE 50
IPS:434197
21-225_56C7
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLITYASNLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25470
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACA
GCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGAC
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGTGGC
ACCTCGTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25471
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQG
RVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARDGTS
SFDYWGRGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29470
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQG
RVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARDGTS
SFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29472
【図５０－４５３】
1328/4125
FIGURE 50
IPS:434199
21-225_59F11
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLITYASNLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25467
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
TGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACA
GCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGAC
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATGTGGC
ACCTCGTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25472

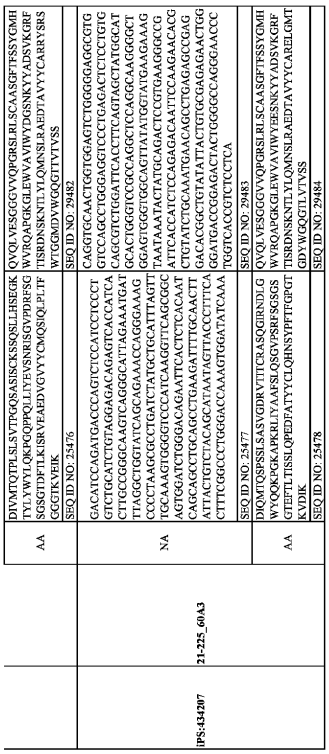
【図５０－４５４】


1329/4125
FIGURE 50
iPS:434201
21-225_59A12
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDNDLG
HWYRQAPGKGLEWVAVIWYDESNKHYADSVKGR
GTEPFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNRYPFTFGPG
KVDFK
SEQ ID NO: 25470
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCAGCATTGT
GAAGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACGTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATTGAAGTTTCCTATCGGTTTTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGTAGTGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TACACAGCTCCGCTCACCTTCGGCGGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25472
iPS:434201
21-225_59A12
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDNDLG
HWYRQAPGKGLEWVAVIWYDESNKHYADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMSSLRAEDTAVYYCSREL
GMDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29476
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGACTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGGAAGG
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGT
CGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGCGGTAG
CAGCAGCTGGGACGACGCTTTGATATCTGGGGC
CAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTTCA
SEQ ID NO: 29478
iPS:434201
21-225_59A12
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDNDLG
HWYRQAPGKGLEWVAVIWYDESNKHYADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMSSLRAEDTAVYYCGRDS
WDGGMDYWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 29477
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCAGCATTGT
GAAGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACGTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATTGAAGTTTCCTATCGGTTTTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGTAGTGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TACACAGCTCCGCTCACCTTCGGCGGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25472

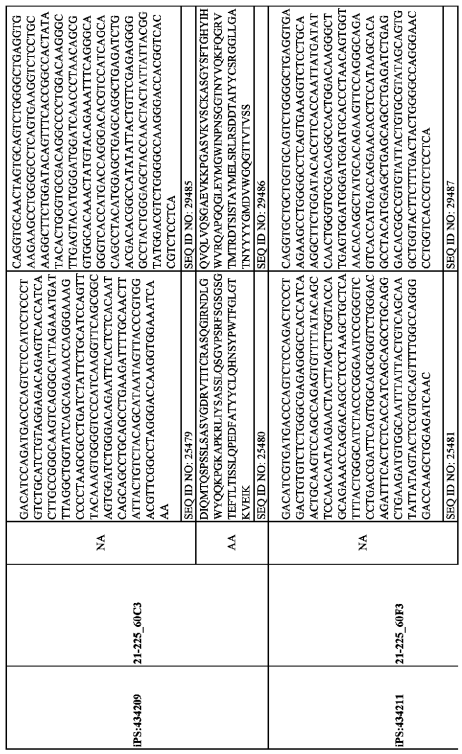
【図５０－４５５】


1330/4125
FIGURE 50
iPS:434203
21-225_60E2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDKDLG
HWWRQAPGKARKLITASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEPTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25474
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCAGCATTAT
GAAGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACGTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGATCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TACACAGCTCCGCTCACCTTCGGCGGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25475
iPS:434205
21-225_60G2
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDKDLG
HWWRQAPGKGLEWVAIIWYDENKKYTADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMSSLRAEDTAVYYCAMDVLD
PFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29480
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCC
ATGCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGC
GCACTGGGTTTCAGTTATTGGATATGATGGAAT
AAAAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTATTATTGTGCGAGAGATGTTCT
GGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 29481

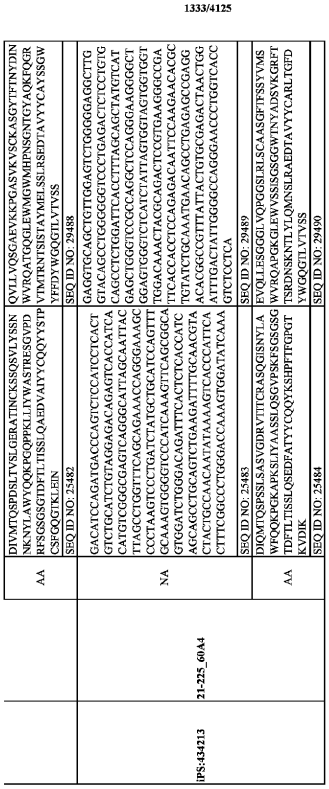
【図５０－４５６】


1331/4125
FIGURE 50
iPS:434207
21-225_60A3
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLITAASLQSGVPSRFSGSGS
GTEPTLTISSLQPEDFATYYCLQDNSYPFTFGPG
KVDIK
SEQ ID NO: 25478
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATTTAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCTTTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 25477
iPS:434207
21-225_60A3
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLITAASLQSGVPSRFSGSGS
GTEPTLTISSLQPEDFATYYCLQDNSYPFTFGPG
KVDIK
SEQ ID NO: 29484
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATTTAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCGTTTCG
GCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25481

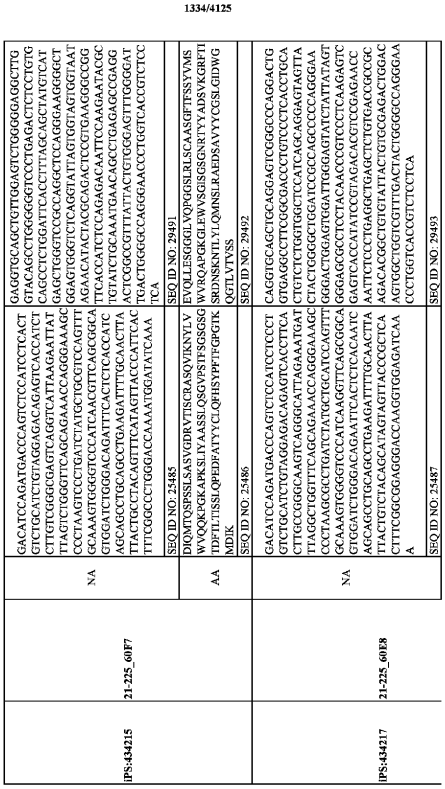
【図５０－４５７】



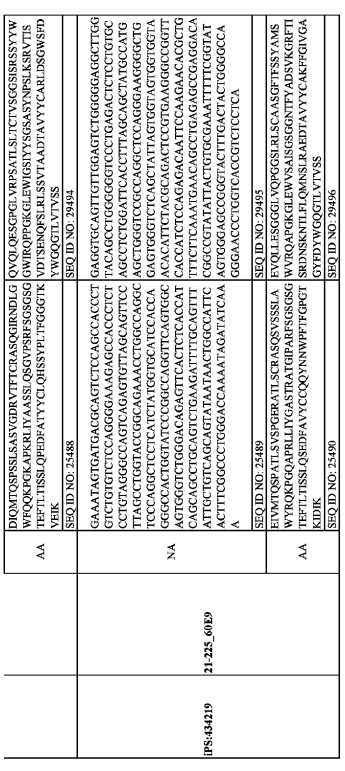
【図５０－４５８】



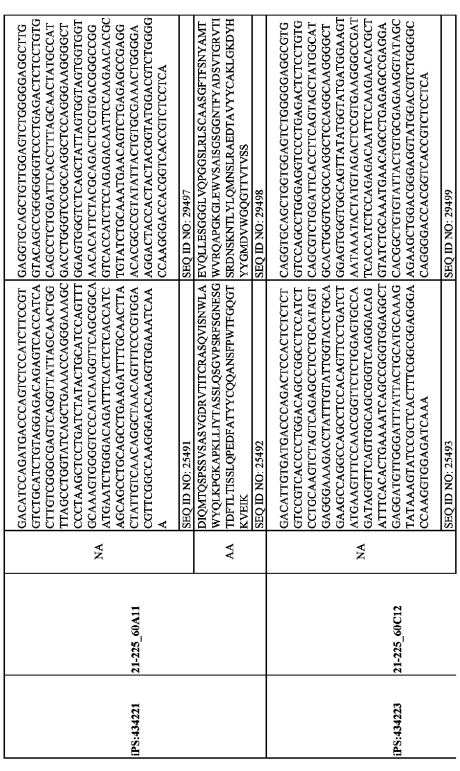
【図５０－４５９】



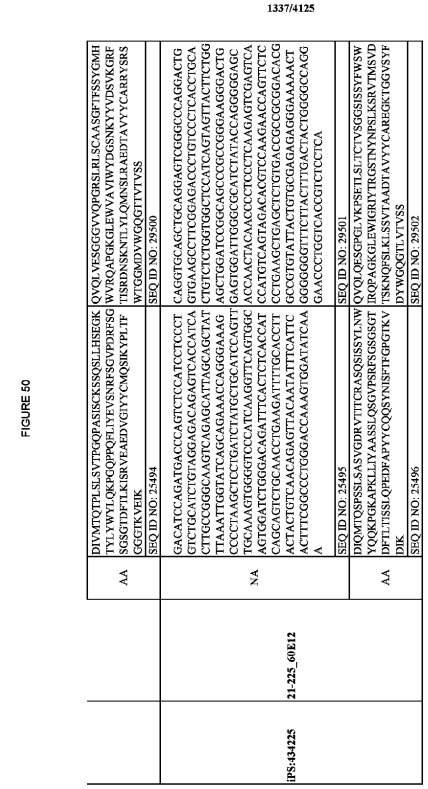
【図５０－４６０】



【図５０－４６１】

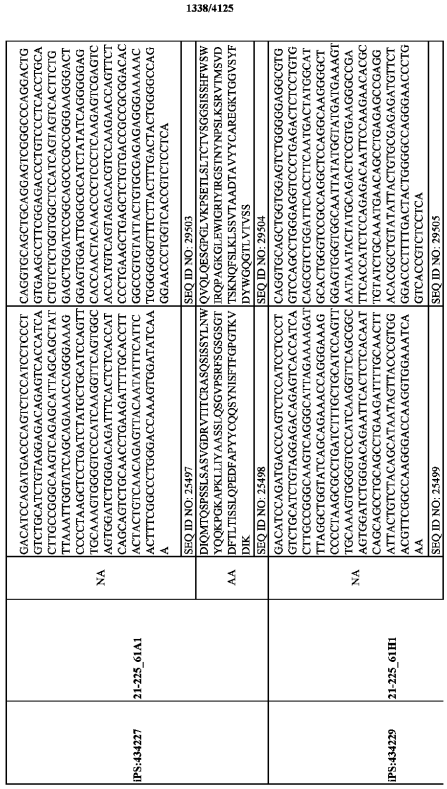


【図５０－４６２】



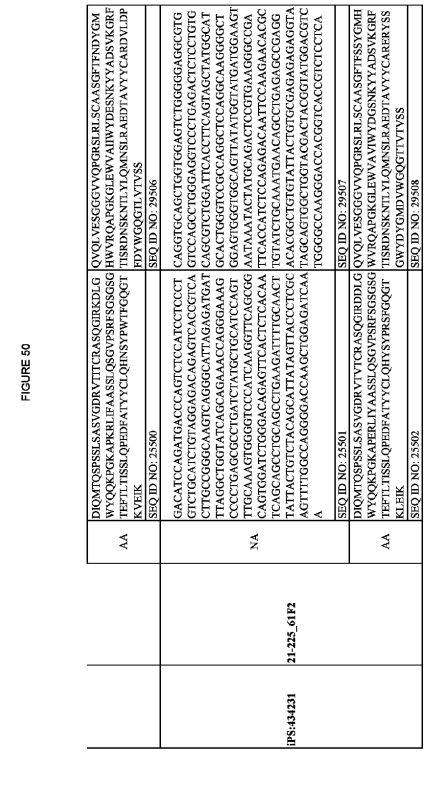
		AA	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSEGK TYLYWYLQKPGQPPQFLIYEVSNRFSGVPDRFSG SGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQSIKYPLTF GGGTKVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYVDSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRYSRS WTGGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25494	SEQ ID NO: 29500
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAGCTAT TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT ACTACTGTCAACAGAGTTACAATATTTCATTC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAGCTAT TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT ACTACTGTCAACAGAGTTACAATATTTCATTC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG GTGAAGCCTTGGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTTCTGG GCGCCGTGATTACTGTGCGAGAGGGGAAAAACT GAAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25495	SEQ ID NO: 29501
	iPS:434225	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPFGPGTKV DIK	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYFWSW IRQPAGKGLEWIGRIYTSGSTNYNPSLKSRVTMSVD TSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGKTGGVSYF DYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25496	SEQ ID NO: 29502

【図５０－４６３】



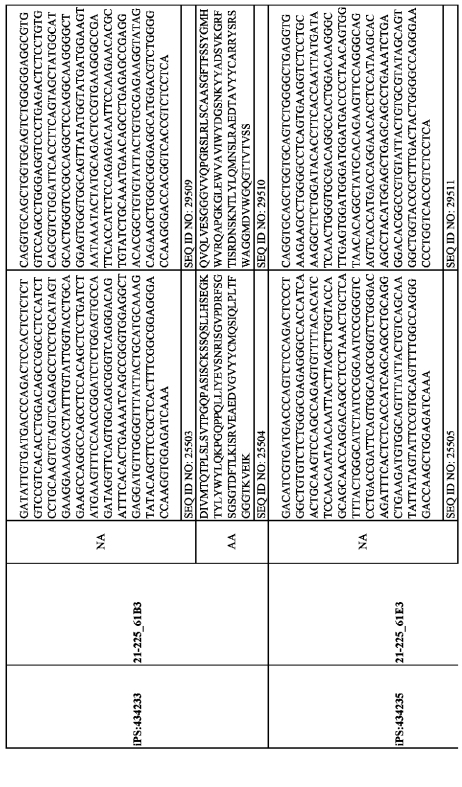
		AA	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSEGK TYLYWYLQKPGQPPQFLIYEVSNRFSGVPDRFSG SGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQSIKYPLTF GGGTKVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYVDSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRYSRS WTGGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25499	SEQ ID NO: 29505
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAGCTAT TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT ACTACTGTCAACAGAGTTACAATATTTCATTC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG GTGAAGCCTTGGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTTCTGG GCGCCGTGATTACTGTGCGAGAGGGGAAAAACT GAAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25497	SEQ ID NO: 29503
	iPS:434227	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPFGPGTKV DIK	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYFWSW IRQPAGKGLEWIGRIYTSGSTNYNPSLKSRVTMSVD TSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGKTGGVSYF DYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25498	SEQ ID NO: 29504
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAGCTAT TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT ACTACTGTCAACAGAGTTACAATATTTCATTC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG GTGAAGCCTTGGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTTCTGG GCGCCGTGATTACTGTGCGAGAGGGGAAAAACT GAAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25499	SEQ ID NO: 29505

【図５０－４６４】



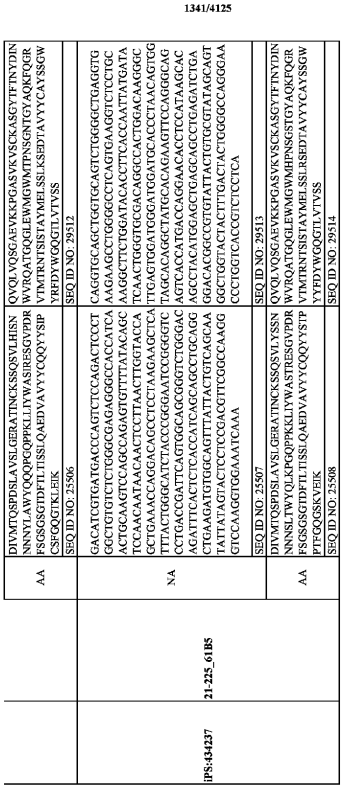
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQRIDDYLG WYQQKPGKAPKRLIFAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPRSFGQGT KVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYSS GWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25501	SEQ ID NO: 29507
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT GTCCGTCACACCTGGAGAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGT GAAGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT ATYAAATACTTCCAACCGGATCTCTGGAGTCCCA GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGG TATACAAGCTTCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGA CCAAGGTGGAGATCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG GGCTGGAGTGGGTGGCAATTATATGGTATGAAGT AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGTTA CGATTTTTGGAGTGGTTATTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTC TCCTCA
	iPS:434231	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRDDLG WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDYNYPRTFGQGT KLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYSS GWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25502	SEQ ID NO: 29508

【図５０－４６５】

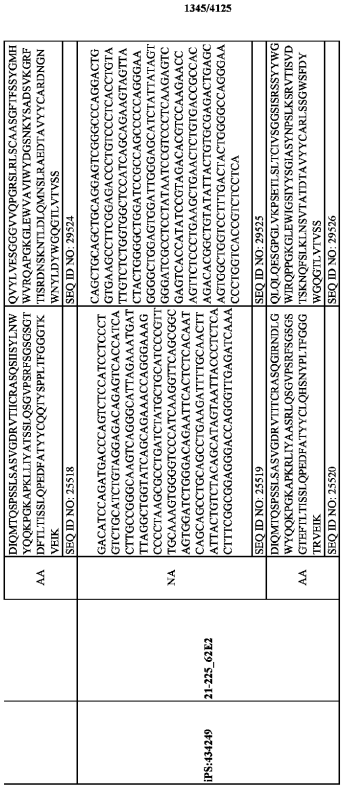


		AA	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSEGK TYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFSG SGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQLPLTF GGGTKVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRYSRS WAGGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25503	SEQ ID NO: 29509
		NA	GACATCGTGATGACCCAGACTCCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA AGCATCCAGTGGAACAGCCTCAGAGCCAGCAG ACTGCAAGTCCAGCCAGATGTTTACACATC TCCACAATTACAATTACTTAGCTGGTACCA GCAGCAACCAGGAGACCCCTAAACTGCTCA TTTACTGGGCATCTATCCGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA CTGAAGATTCCTTCGGCCAAGGGACCAAGGT GGACATCAAACGTGAGGCTGATGCTGCACCA ACTGTATCCATCTTCCCACCATCCAGTGAGC AGTTAACATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAA TCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAG CAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCA GCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAG TCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCA CAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG	GACATCGTGATGACCCAGACTCCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA AGCATCCAGTGGAACAGCCTCAGAGCCAGCAG ACTGCAAGTCCAGCCAGATGTTTACACATC TCCACAATTACAATTACTTAGCTGGTACCA GCAGCAACCAGGAGACCCCTAAACTGCTCA TTTACTGGGCATCTATCCGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA CTGAAGATTCCTTCGGCCAAGGGACCAAGGT GGACATCAAACGTGAGGCTGATGCTGCACCA ACTGTATCCATCTTCCCACCATCCAGTGAGC AGTTAACATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAA TCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAG CAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCA GCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAG TCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCA CAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG GGCTGGAGTGGGTGGCAATTATATGGTATGAAGT AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGTTA CGATTTTTGGAGTGGTTATTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTC TCCTCA
	iPS:434235	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQRIDDYLG WYQQKPGKAPKRLIFAASSLQSGVPSRFSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDYNYPRTFGQGT KLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYSS GWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25505	SEQ ID NO: 29511
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT GTCCGTCACACCTGGAGAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGT GAAGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT ATYAAATACTTCCAACCGGATCTCTGGAGTCCCA GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGG TATACAAGCTTCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGA CCAAGGTGGAGATCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG GGCTGGAGTGGGTGGCAATTATATGGTATGAAGT AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGTTA CGATTTTTGGAGTGGTTATTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTC TCCTCA
			SEQ ID NO: 25511	SEQ ID NO: 29511

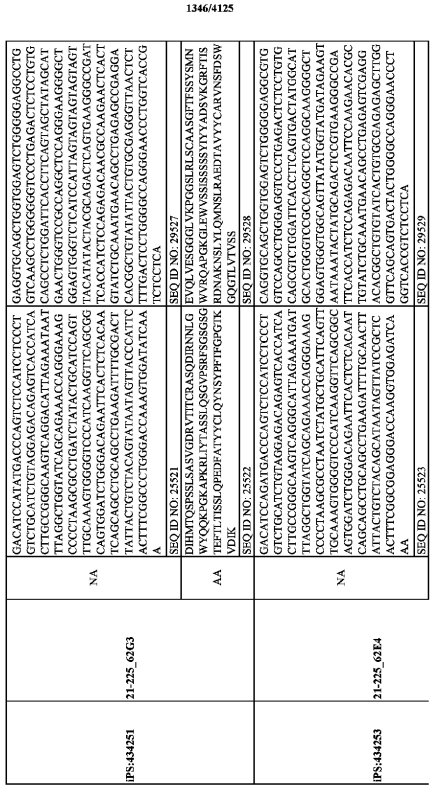
【図５０－４６６】


1341/4125
FIGURE 50
iPS:434237
21-225_61B5
AA
NA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHISN
NNNYLAWYQQQPGQPPKLLIYWASIRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQQYYSIP
CSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 25506
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
NNSLLTWYQLKPGQPPKGLLYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQQYYSTP
PTFGQGSKVEIK
SEQ ID NO: 25508
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMTPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLKSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29512
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMTPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29514
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25509
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSITNFLN
WYQQKPGKAPKLLIFAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPWTFGQ
KVEIK
SEQ ID NO: 25510
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGSGSTSYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKRGVYG
DFDAFDIWGQGTMVTVSS
SEQ ID NO: 29516
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25511
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTTCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
GAGTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTACTGGTGGTGGT
AACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATTTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAACGGGGGG
TCTACGGTGACTTTGATATCTGGGGCCAAGGGAC
AATGGTCACCGTCTCTTCA
SEQ ID NO: 29517
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGACATTACCAACTTT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25513
DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGY
NYLDWYLQKPGQSPQLLIYLVSNRASGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVGAEDVGVYFCLQGLQTPLT
FGQGTRLEIK
SEQ ID NO: 25514
QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARFDWGQ
GTLVTVSS
SEQ ID NO: 25520
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25517
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG
GAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCCCC
GCGTGCTACTGGGGCCAGGGGACCCTGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29523
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG
GAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCCCC
GCGTGCTACTGGGGCCAGGGGACCCTGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29524
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25515
DIQMTQSPSSLSATVGDRVTITCRASQNIFSYLN
WYQQKPGKAPKVLIYAVSSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25516
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGQGLEWMAIIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPRTS
CSDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29522
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTA
TTTACAGAAAACCAGGGAAAGTTCCTAAGCTCC
TGATCTATGCTGCATCCACTTTGCAATCAGGGG
TCCCATCTCGGCTTCAGTGGCAGTGGATCTGGG
ACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAG
CCTGAAGATGTTGCAACTTATTACTGTCAACAG
AGTTACAGTACCCCTCGGACGTTCGGCCAAGGG
ACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25519
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARFDWGQ
GTLVTVSS
SEQ ID NO: 25520
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25521
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAATCACCATCA
CTTGCCAGGGATTAGCAATTATTTAGCCTGGTA
TCAGCAGAAACCAGGGAAAGTTCCTAAGCTCC
TGATCTATGCTGCATCCACTTTGCAATCAGGGG
TCCCATCTCGGCTTCAGTGGCAGTGGATCTGGG
ACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAG
CCTGAAGATGTTGCAACTTATTACTGTCAACAG
AGTTACAGTACCCCTCGGACGTTCGGCCAAGGG
ACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25523
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25525
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25527
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25529
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25531
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25533
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25535
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25537
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25539
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25541
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25543
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25545
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25547
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25549
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25551
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25553
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25555
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25557
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25559
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25561
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25563
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25565
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25567
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25569
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25571
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25573
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25575
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25577
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25579
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25581
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25583
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25585
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25587
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25589
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25591
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25593
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25595
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25597
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25599
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCGTTG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 25601
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGAACATTTTCAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAAGTCCTGATCTTCGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTT

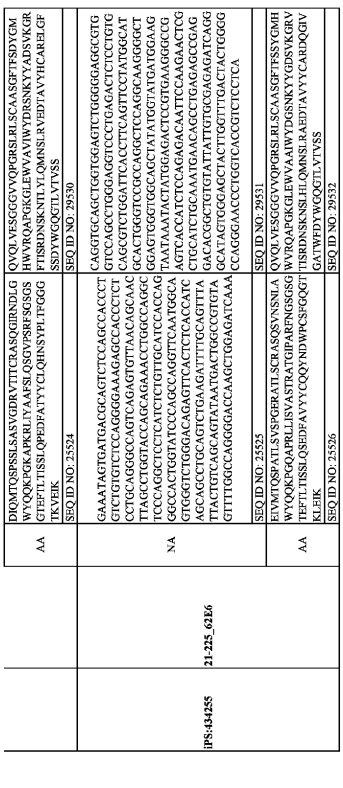
【図５０－４７０】



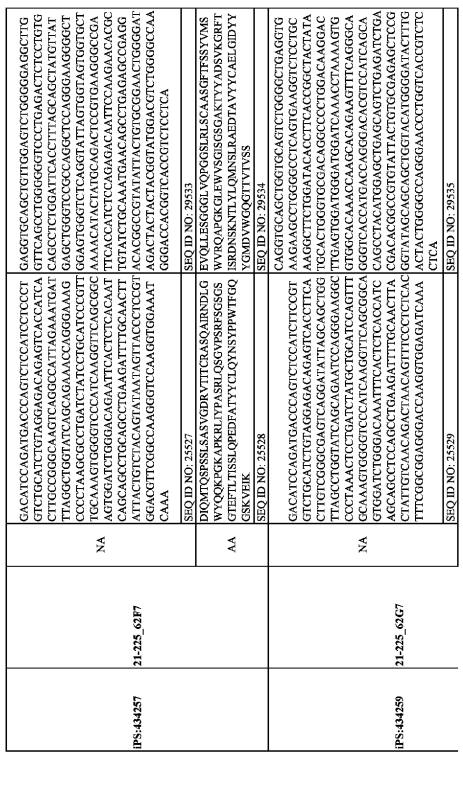
【図５０－４７１】



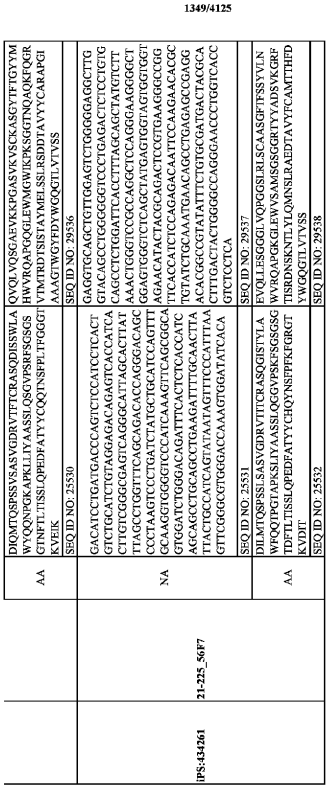
【図５０－４７２】



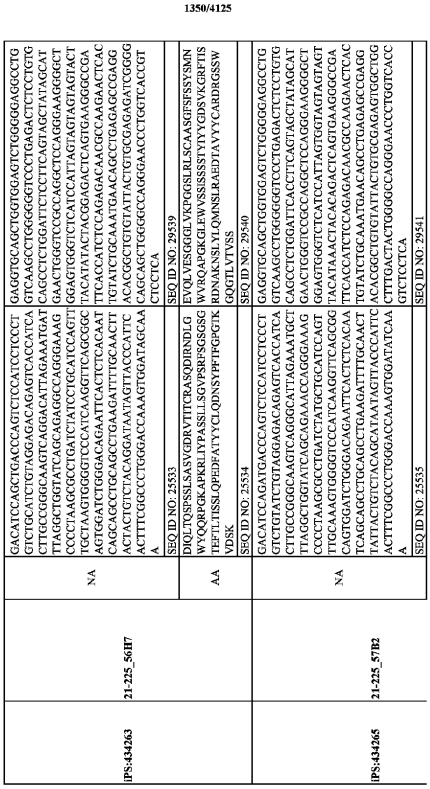
【図５０－４７３】



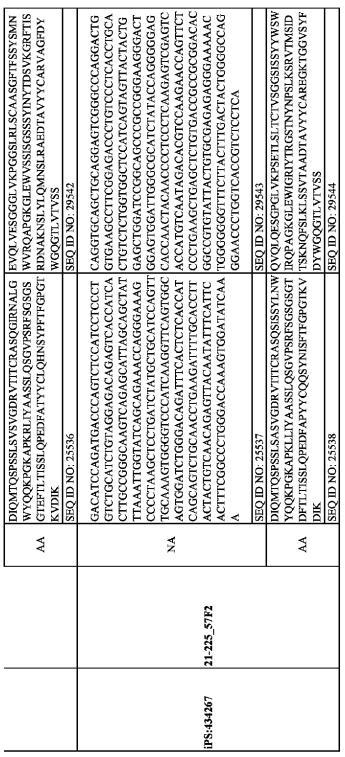
【図５０－４７４】



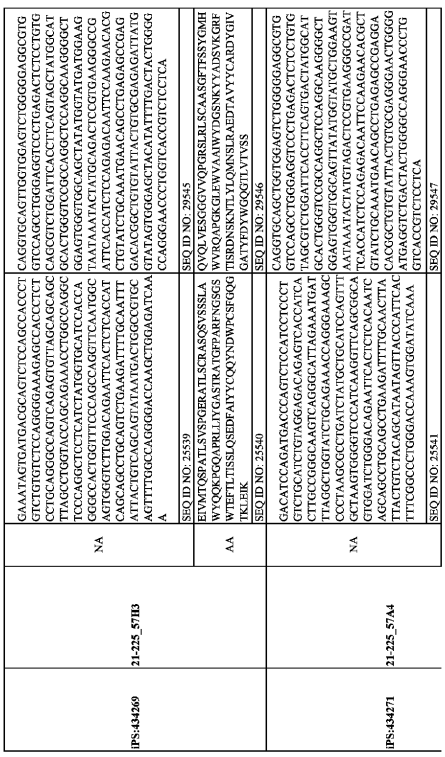
【図５０－４７５】



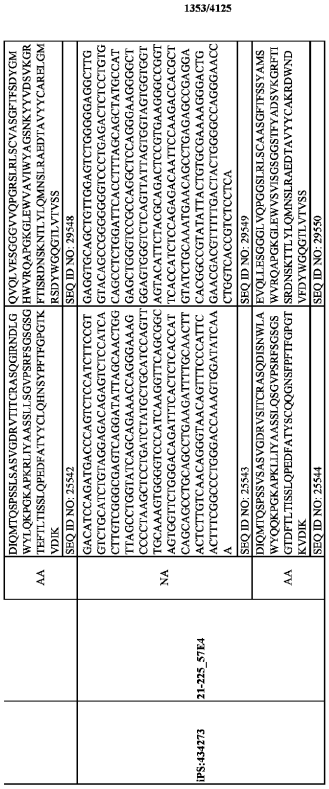
【図５０－４７６】



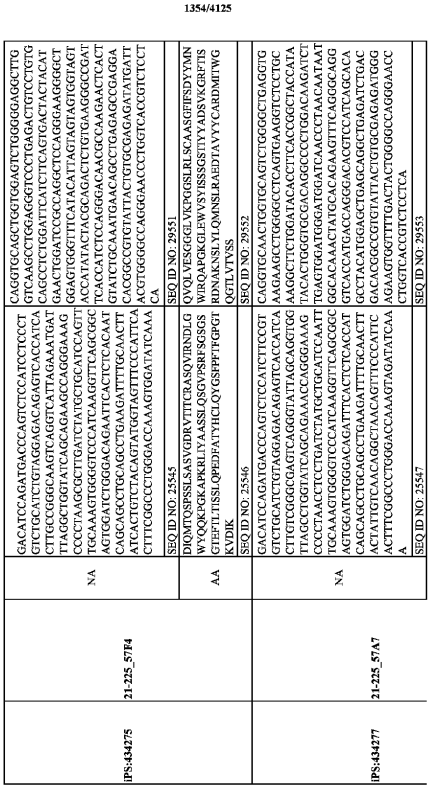
【図５０－４７７】



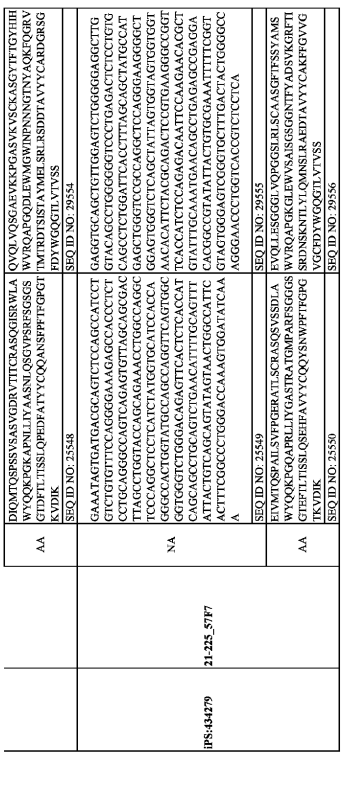
【図５０－４７８】



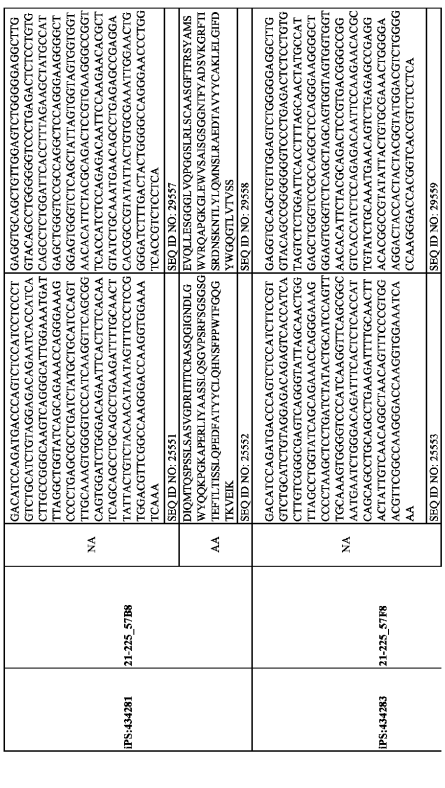
【図５０－４７９】



【図５０－４８０】



【図５０－４８１】



10

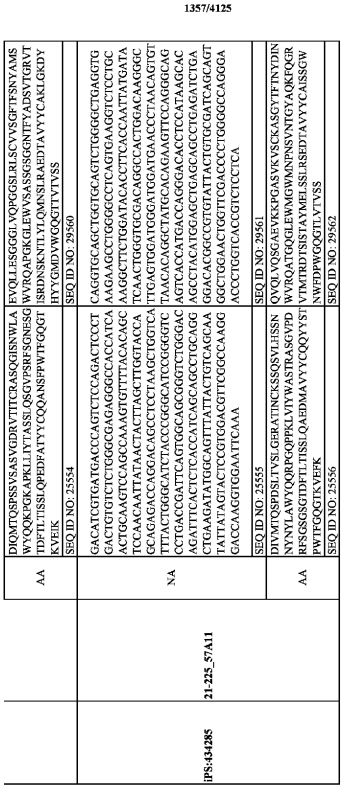
20

30

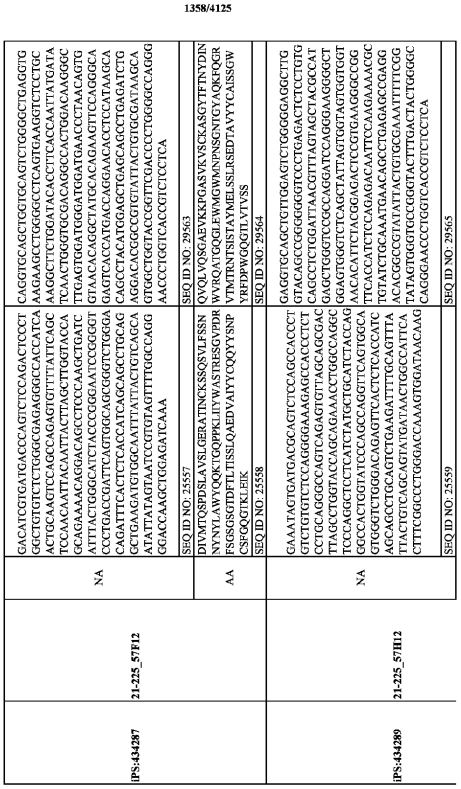
40

50

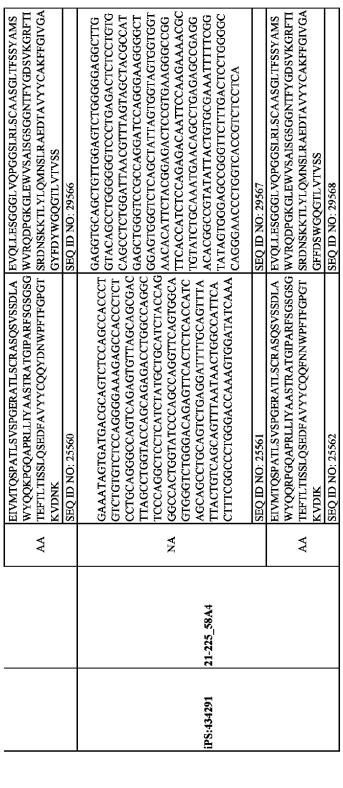
【図５０－４８２】



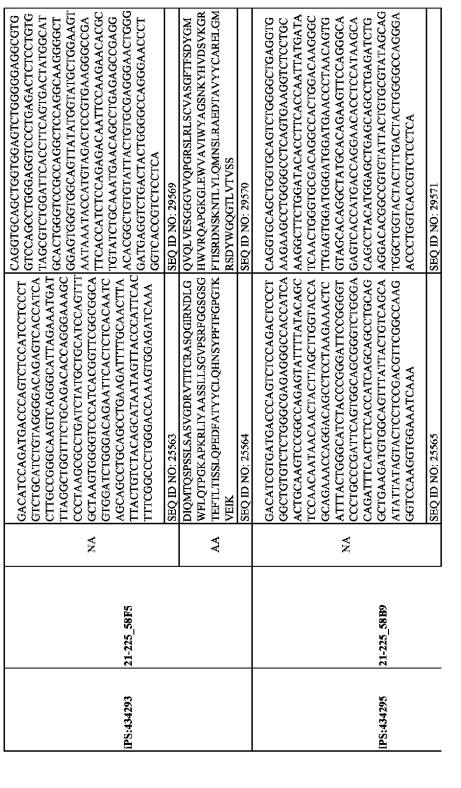
【図５０－４８３】



【図５０－４８４】



【図５０－４８５】



10

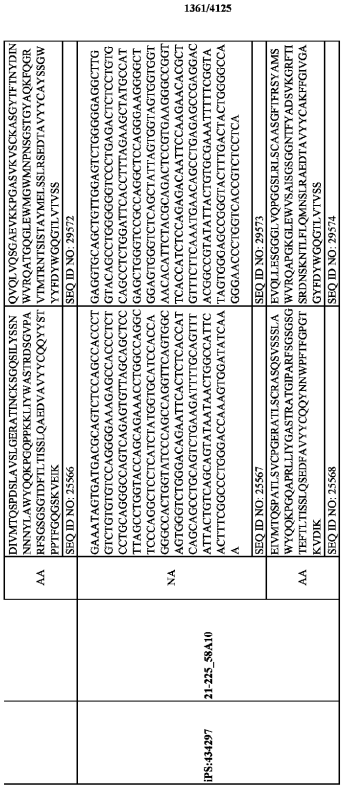
20

30

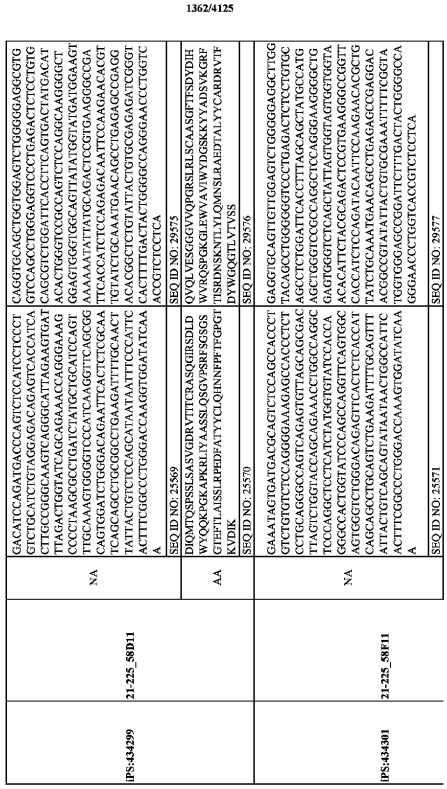
40

50

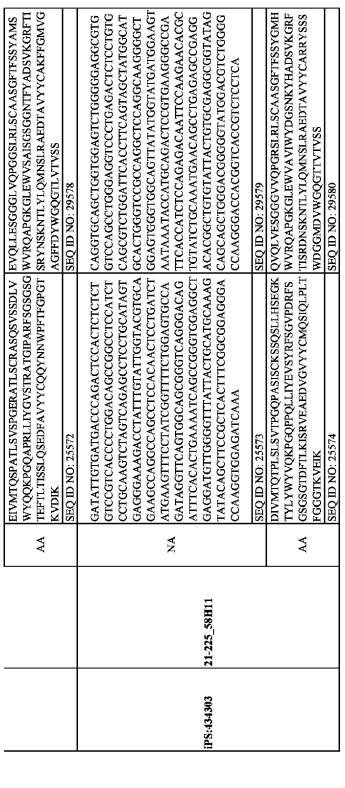
【図５０－４８６】



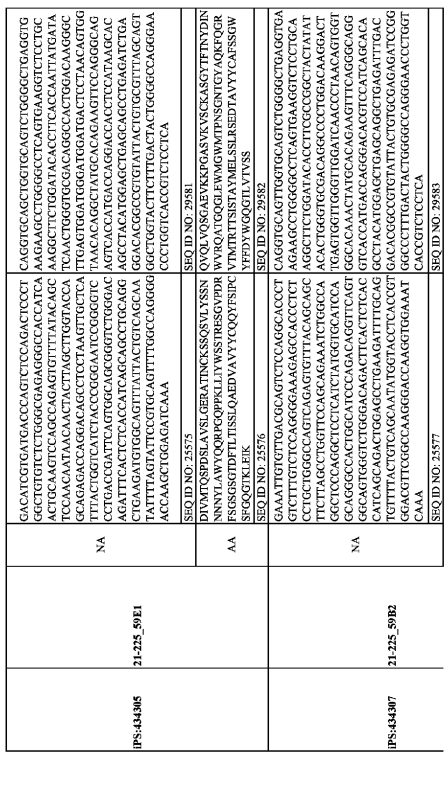
【図５０－４８７】



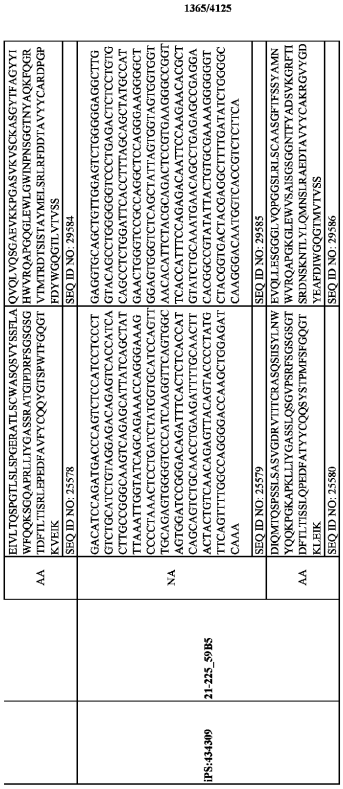
【図５０－４８８】


1363/4125
FIGURE 50
iPS:434303
21-225_58H11
AA
NA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSDLV WYQQKPGQAPRLLIYGVSTRATGIPARFSGSGSG TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPFTFGPGT KVDIK
SEQ ID NO: 25572
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT GTCCGTCACCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGT GAGGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACGTGCA GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAACTCCTGATCT ATGGAAGTTTCCTATCGGTTTTCTGGAGTGCCA GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG TATACAGCTTCCGCTCACTTCGGCGGAGGGA CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25573
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSDLV WYQQKPGQAPRLLIYGVSTRATGIPARFSGSGSG TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPFTFGPGT KVDIK
SEQ ID NO: 29579
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGK QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH TYLYWYQQKPGQPPQLLIYEVSTRFSGVPDRFS GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQLPLT FGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 29580
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATACAGC TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAGACCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTA TTTACTGGTCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTTTAGTATTCCGTGGACGTTCGGCCAAGG AACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25575
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATACAGC TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAGACCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTA TTTACTGGTCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTTTAGTATTCCGTGGACGTTCGGCCAAGG AACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 29581
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWSSTRESGVPDR FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYTSIP PPTFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 29582
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTTTACTGTCAGCAAATATGGTACCTCACCGT GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT CAAA
SEQ ID NO: 29583
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTGACTATGCAT GCACTATCTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTC ACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29584
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTGACTATGCAT GCACTATCTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTC ACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29585
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTGACTATGCAT GCACTATCTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTC ACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29586
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTGACTATGCAT GCACTATCTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTC ACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29587

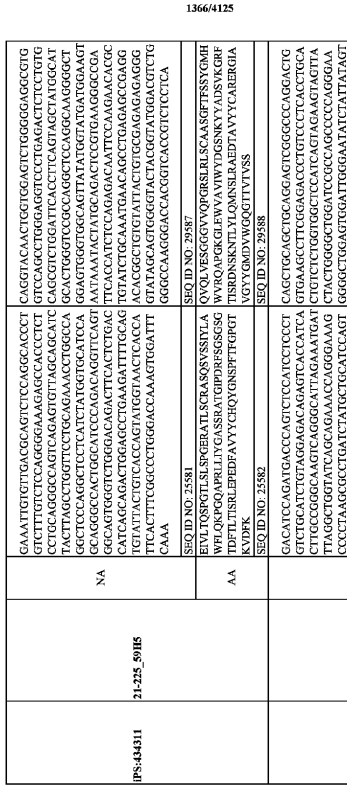
【図５０－４８９】



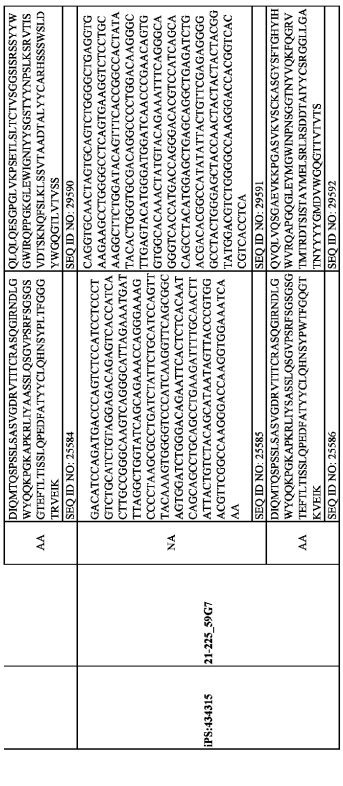
【図５０－４９０】



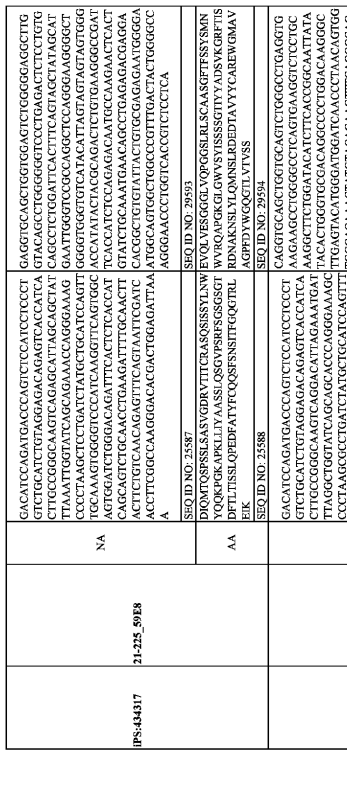
【図５０－４９１】



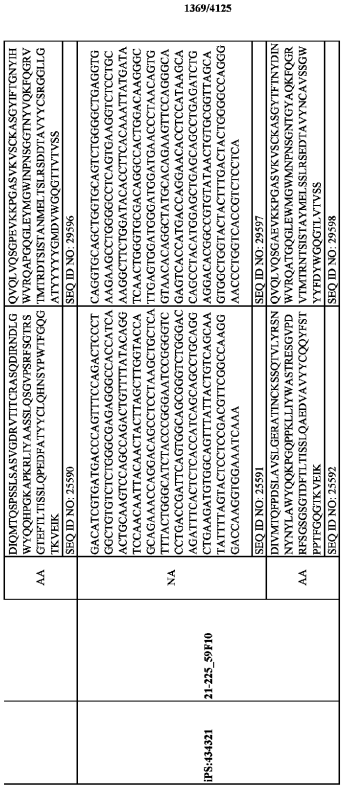
【図５０－４９２】



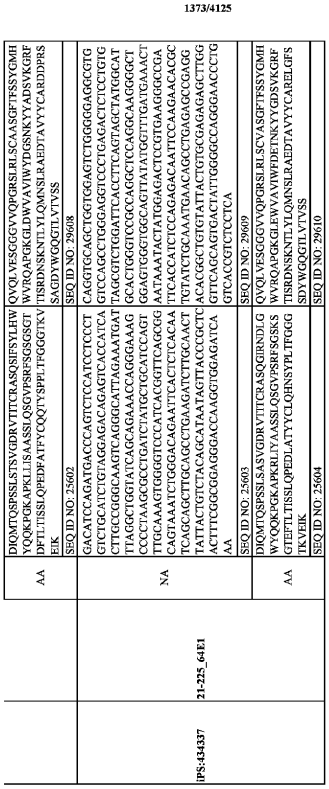
【図５０－４９３】



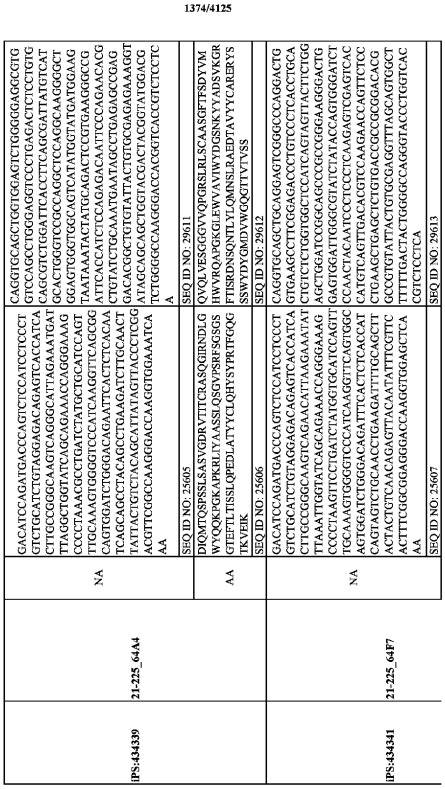
【図５０－４９４】


1369/4125
FIGURE 50
iPS:434321
21-225_59F10
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIFSYLNW
YQVKPGKAPKLLIYDTSTLQTGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLQPEDFATYYCQQSYGIPITFGQGTRL
EIQ
SEQ ID NO: 25596
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCAT
CAGGTTCCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTGGCACAACAGCTTTGCAGGGCAGAGTCACCA
TGACCAGGGACACGTCCATAAGCACAGCCTACA
TGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGG
CCGTGTATTACTGTGCGAGAGATAGTGGGAGCT
ACGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
TCTCCTCA
SEQ ID NO: 25597
iPS:434331
21-225_63H8
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNW
YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCQQTHSTPPTFGPG
TKVDIR
SEQ ID NO: 25598
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCACCATT
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGAGTTACCGTCCTCCTCA
CTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25599
iPS:434333
21-225_63C9
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPGKAPNLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQVNSFPLTFGGG
KVAIK
SEQ ID NO: 25600
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCGTCCTCCGT
GTCTACATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCAAGTCAGGACATTTTCAGCTAT
TTACATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTT
CTACTGTCAACAGACTTACAGTCCCCCTCTCA
CTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25601
iPS:434335
21-225_63C10
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNW
YQVKPGKAPKLLIYDTSTLQTGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLQPEDFATYYCQQPSHSTPPTFGPG
TKVDIR
SEQ ID NO: 25602
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTAGC
ACTTACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTC
ACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACTG
TATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAGACTACGTAAA
TTTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25603
iPS:434331
21-225_63H8
AA
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYNMN
WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYADSVKGRF
TISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDSLG
YQVKPGKAPKLLIYDTSTLQTGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLQPEDFATYYCQQTHSTPPTFGPG
TKVDIR
SEQ ID NO: 25597
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCACCATT
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGAGTTACCGTCCTCCTCA
CTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25599
iPS:434333
21-225_63C9
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPGKAPNLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQVNSFPLTFGGG
KVAIK
SEQ ID NO: 25600
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCGTCCTCCGT
GTCTACATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTC

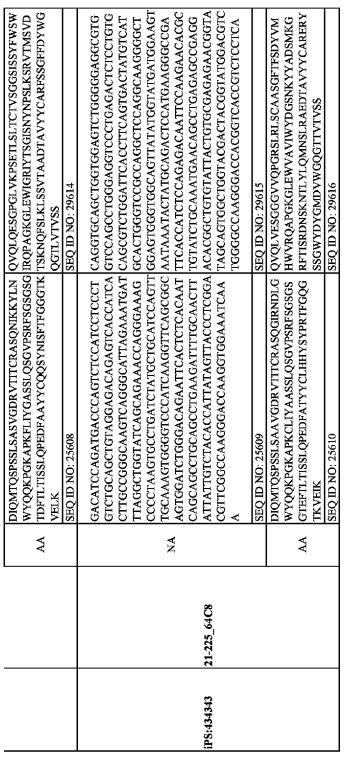
【図５０－４９８】



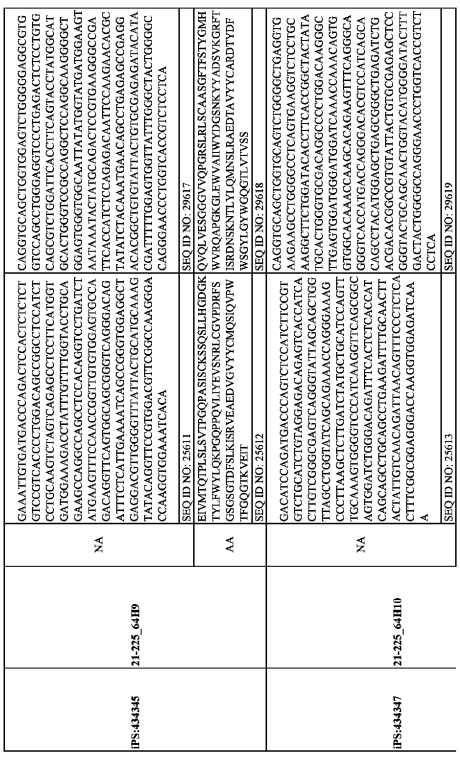
【図５０－４９９】



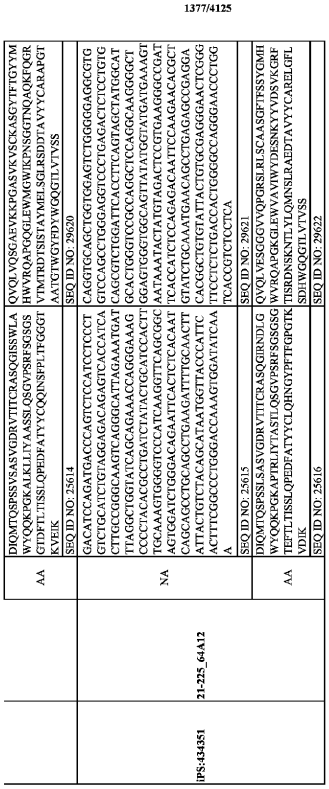
【図５０－５００】



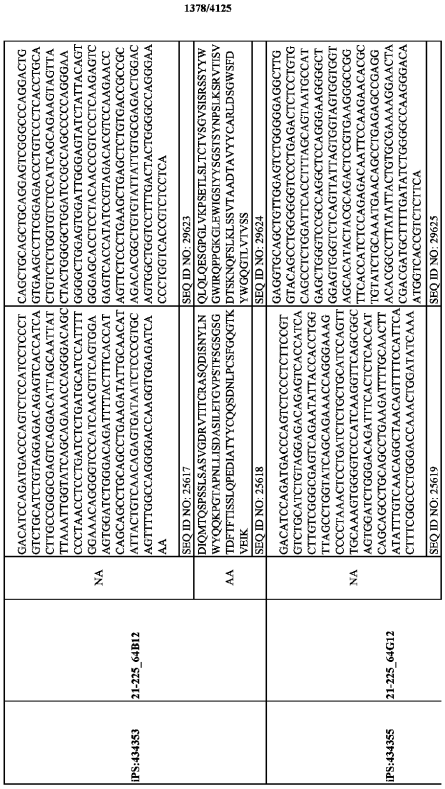
【図５０－５０１】



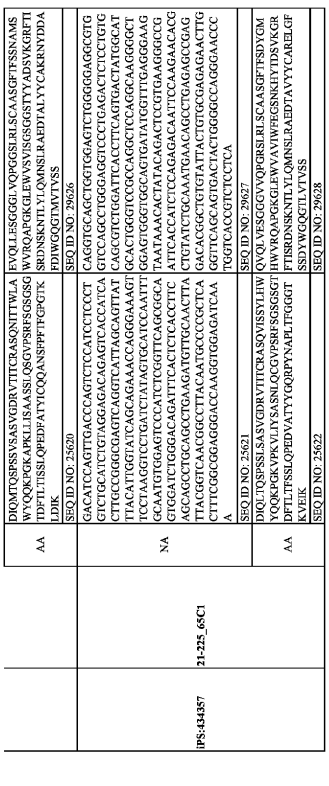
【図５０－５０２】



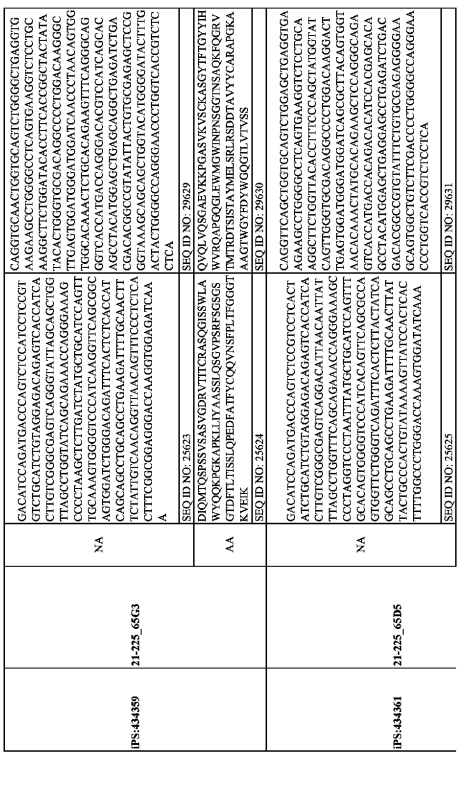
【図５０－５０３】



【図５０－５０４】



【図５０－５０５】



10

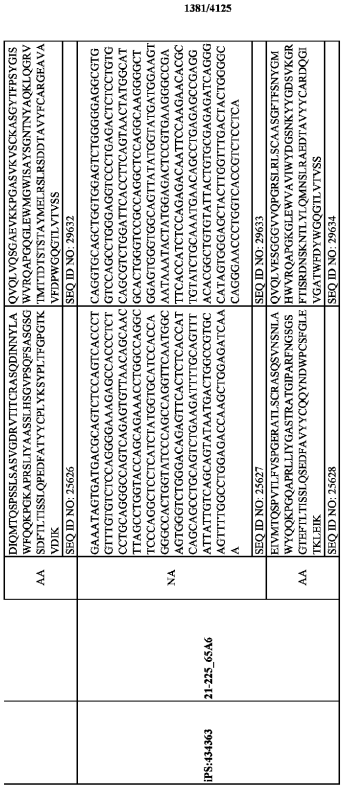
20

30

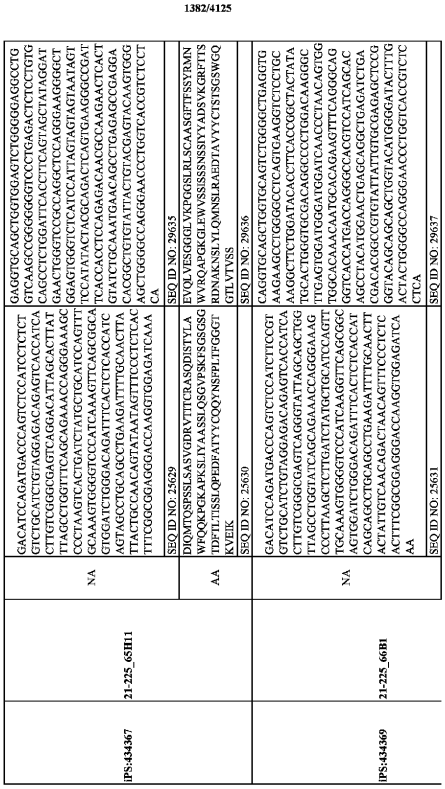
40

50

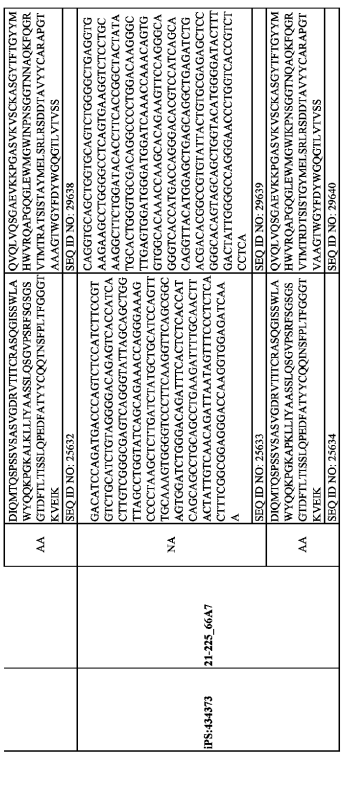
【図５０－５０６】



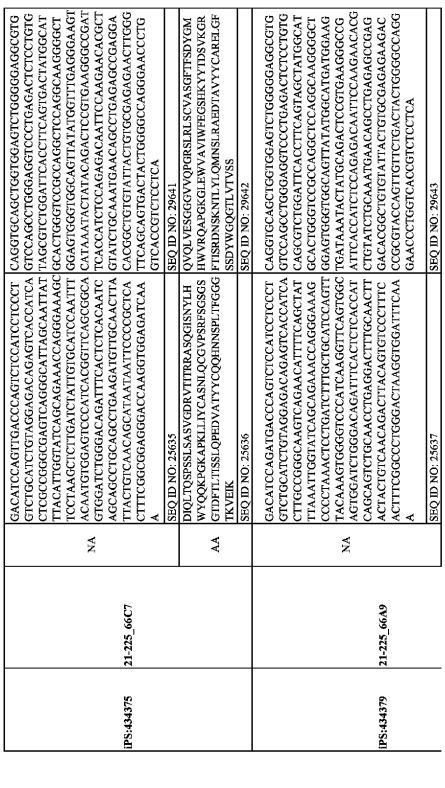
【図５０－５０７】



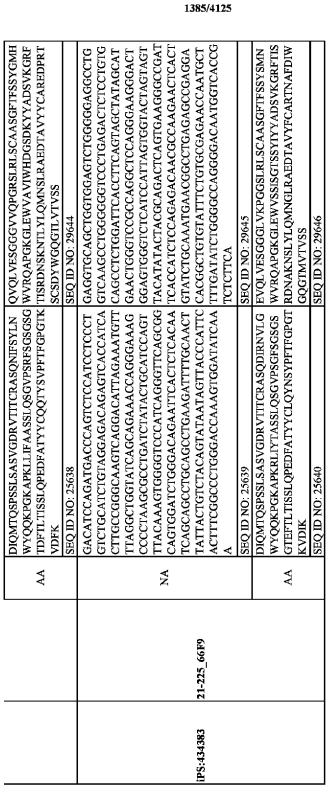
【図５０－５０８】



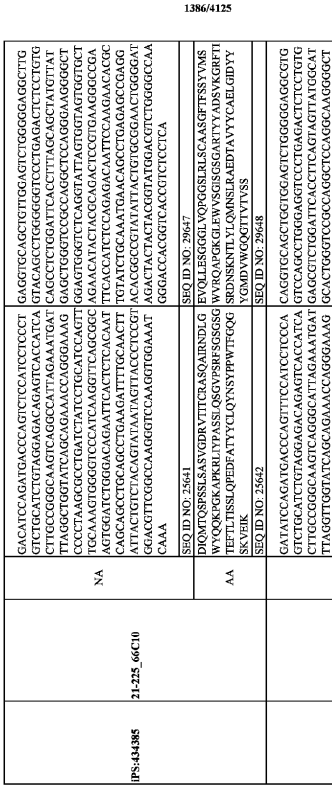
【図５０－５０９】



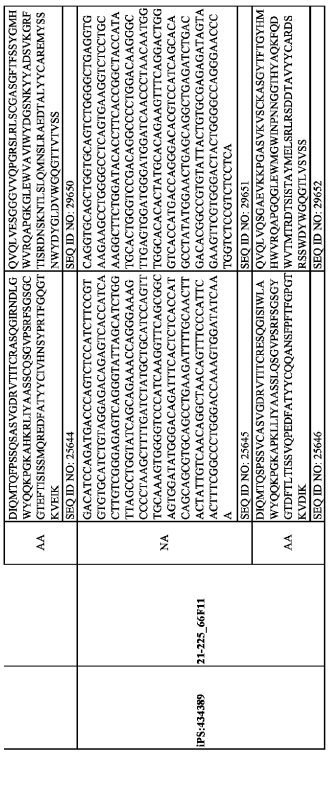
【図５０－５１０】



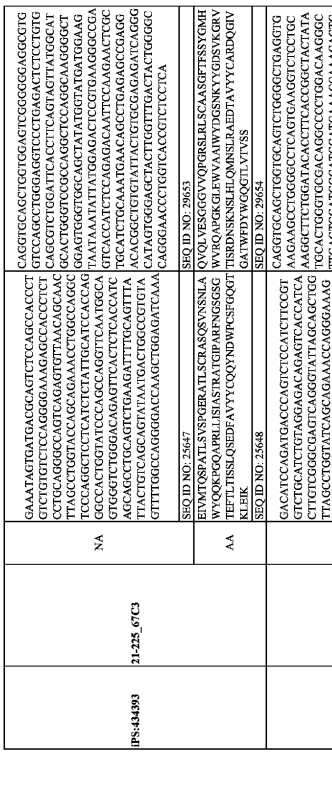
【図５０－５１１】



【図５０－５１２】



【図５０－５１３】



10

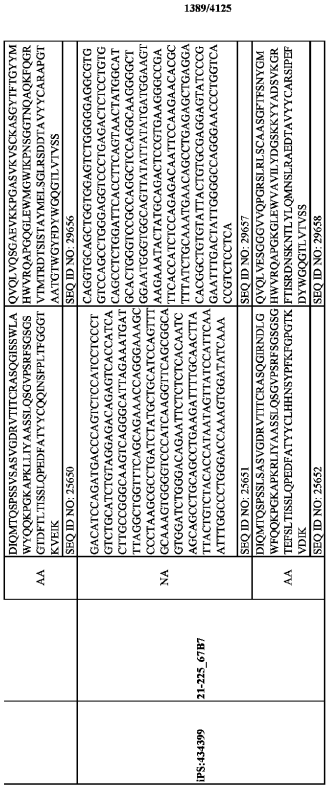
20

30

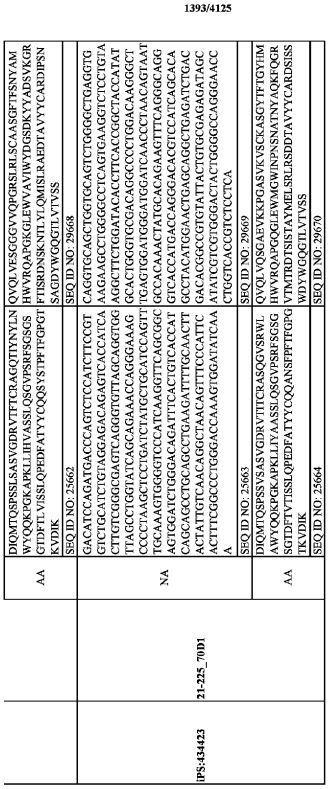
40

50

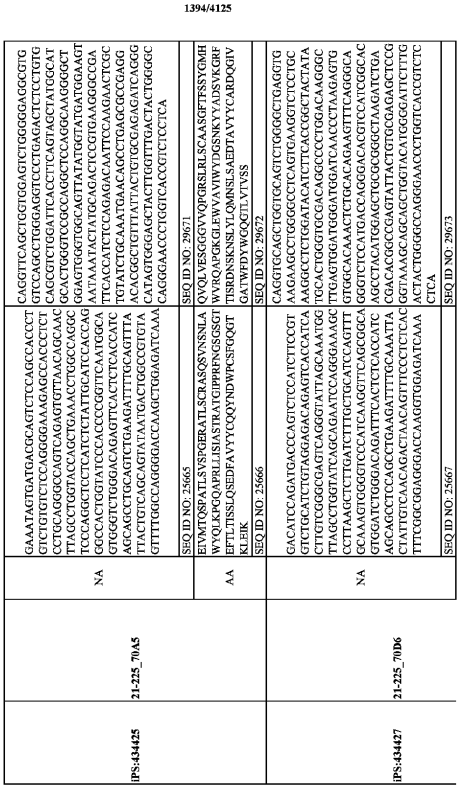
【図５０－５１４】


1389/4125
FIGURE 50
IPS:434399
21-225_67B7
AA
NA
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQYNSYPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 25630
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25632
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25633
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVMGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAPGT
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25634
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCACTGGGTTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAATGGGTTGGCAGTTATATATGATGGAAGT
AAGAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TTTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGA
CACGGCTGTATTACTGTGCGAGGAGTATCCCG
GAATTTGACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCA
CCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25635
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWIKPNSGGTNQAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSGLRSDDTAVYYCARAPGT
AATGTWGYDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25636
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25637
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25638
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVMGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAPGT
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25639
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25640
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
A
SEQ ID NO: 25641
CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGAAGTAGTTA
CTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAA
GGGGCTGGAGTGGATTGGGAATATCTATTATAGT
GGGAGCACCTATTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTCACCATATCCGTAGACACGTCCAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGACCTCTGTGACCGCCGC
AGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGACATAGC
ACCCACGCTCGTGGAGGACAAGGTGGACATCG
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25642
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCC
GGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTA
GCTGGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25643
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
ACAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATGATAGTTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAG
AA
SEQ ID NO: 25644
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTAAGTAGCTTTGGCAT
GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCAATTAGTAGAAGTAGTAGT
CACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCAC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25645
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAACATTAGTAGAAGT
AGTAGTACATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCT
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25646
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAACATTAGTAGAAGT
AGTAGTACATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCT
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25647
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25648
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAPGT
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25649
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAACATTAGTAGAAGT
AGTAGTACATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCT
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25650
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCC
GGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTA
GCTGGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25651
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25652
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAPGT
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25653
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAACATTAGTAGAAGT
AGTAGTACATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCT
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25654
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25655
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTAAGTAGCTTTGGCAT
GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCAATTAGTAGAAGTAGTAGT
CACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCAC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25656
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25657
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25658
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVMGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAPGT
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25659
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAACATTAGTAGAAGT
AGTAGTACATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCT
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25660
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
A
SEQ ID NO: 25661
CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGAAGTAGTTA
CTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAA
GGGGCTGGAGTGGATTGGGAATATCTATTATAGT
GGGAGCACCTATTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTCACCATATCCGTAGACACGTCCAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGACCTCTGTGACCGCCGC
AGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGACATAGC
ACCCACGCTCGTGGAGGACAAGGTGGACATCG
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25662
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25663
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25664
EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVMGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAPGT
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25665
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAACATTAGTAGAAGT
AGTAGTACATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCT
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25666
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAACATTAGTAGAAGT
AGTAGTACATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCT
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25667
CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGAAGTAGTTA
CTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAA
GGGGCTGGAGTGGATTGGGAATATCTATTATAGT
GGGAGCACCTATTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTCACCATATCCGTAGACACGTCCAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGACCTCTGTGACCGCCGC
AGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGACATAGC
ACCCACGCTCGTGGAGGACAAGGTGGACATCG
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25668
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTAAGTAGCTTTGGCAT
GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCAATTAGTAGAAGTAGTAGT
CACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCAC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25669
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACTATTAT
TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAGAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCTCATCAACATTAGTAGAAGT
AGTAGTACATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCT
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25670
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25671
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTAAGTAGCTTTGGCAT
GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCAATTAGTAGAAGTAGTAGT
CACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCAC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25672
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTAAGTAGCTTTGGCAT
GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCAATTAGTAGAAGTAGTAGT
CACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCAC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGCGTCTCTAGTCGA
GAGCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25673
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25674
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25675
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25676
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25677
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25678
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25679
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25680
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25681
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25682
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25683
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25684
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTATG
AGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATAGTAGCT
GGTACGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25685
GAAGGTGCAGC

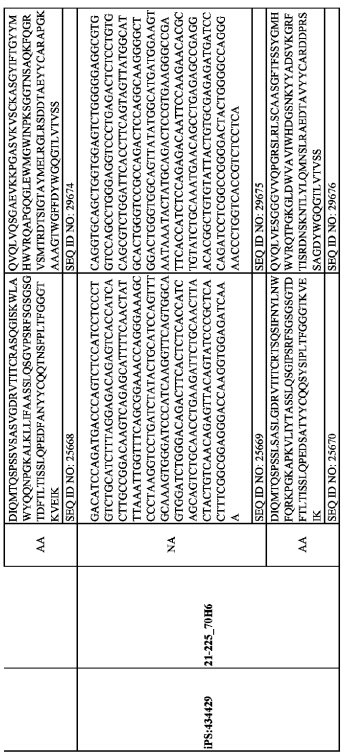
【図５０－５１８】



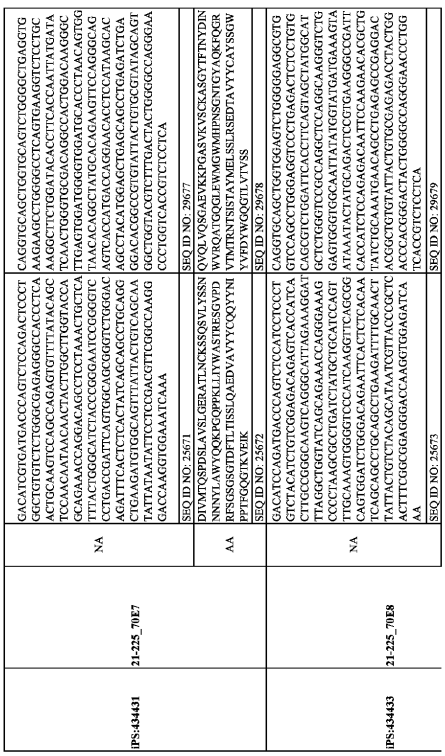
【図５０－５１９】



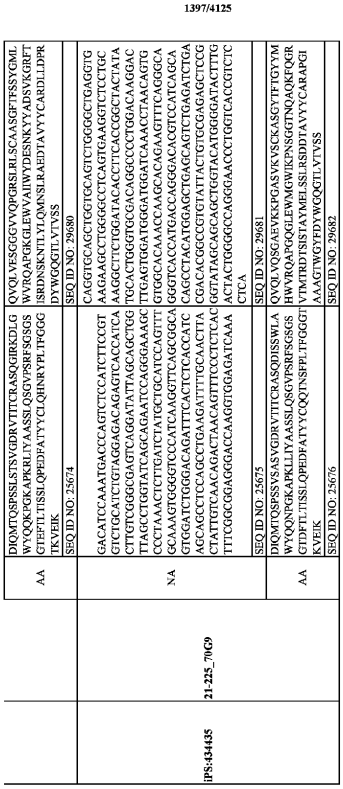
【図５０－５２０】



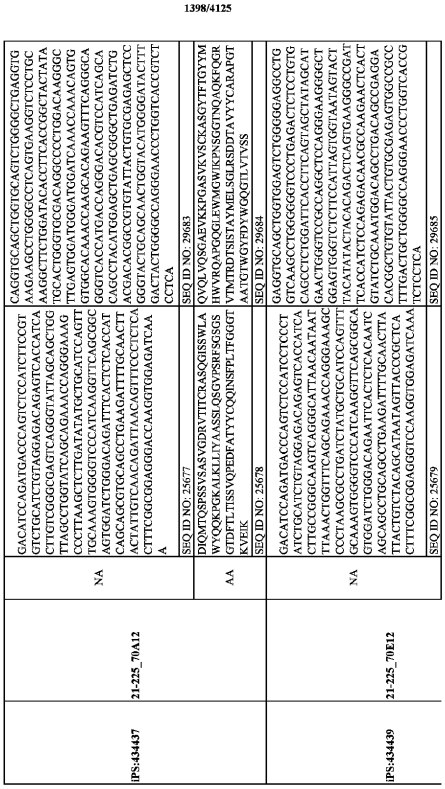
【図５０－５２１】



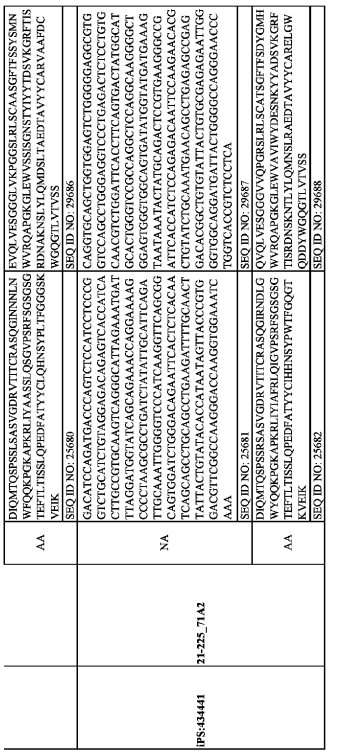
【図５０－５２２】


1397/4125
FIGURE 50
iPS:434435
21-225_70G9
AA
NA
AA
NA
DIQMTQSPSSLSTSVGDRVTITCRASQGIRKDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNRYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25674
GACATCCAAATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGATTATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGAAAGC
CCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTCCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTATTGTCAACAGACTAACAGTTTCCCTCTCAC
TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25676
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDYNYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25675
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGATTATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTATTGTCAACAGACTAACAGTTTCCTCTCAC
TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25676
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGML
WVRQAPGKGLEWVAIIWYDESNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLLDPR
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29680
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTGGCACAAACCAAGCACAGAAGTTTCAGGGCA
GGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGTCTGAGATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGCTCCG
GGTATAGCAGCAGCTGGTACATGGGGATACTTTG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 29681
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWIKPNSGGTNQAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCARAPGI
AAAGTWGYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29682

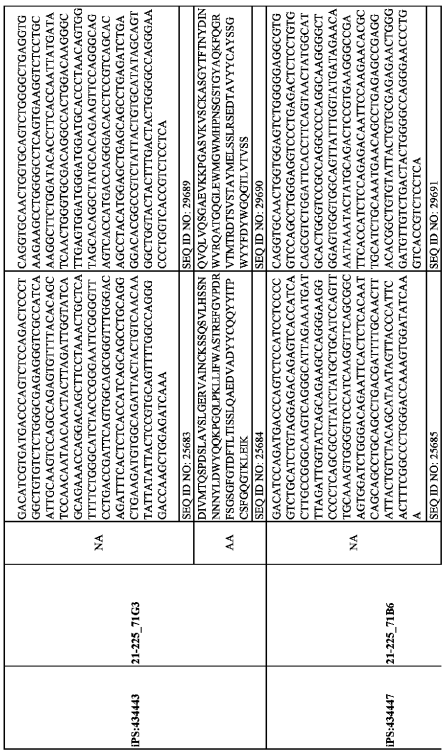
【図５０－５２３】


1398/4125
FIGURE 50
iPS:434437
21-225_70A12
AA
NA
AA
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTGGCACAAACCAAGCACAGAAGTTTCAGGGCA
GGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGCTCCG
GGGTACTCGCAGCAACTGGTACATGGGGATACTTT
GACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCT
CCTCA
SEQ ID NO: 29683
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWIKPNSGGTNQAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCARAPGT
AATGTWGYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29684
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGATTATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGACTAACAGTTTCCCTCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 25677
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25678
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
ATCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGATTAACAATAGT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCAACCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTCGATCTGGGCAGATTACACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCTCTTC
GGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25679
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWIKPNSGGTNQAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCARAPGT
AATGTWGYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29685

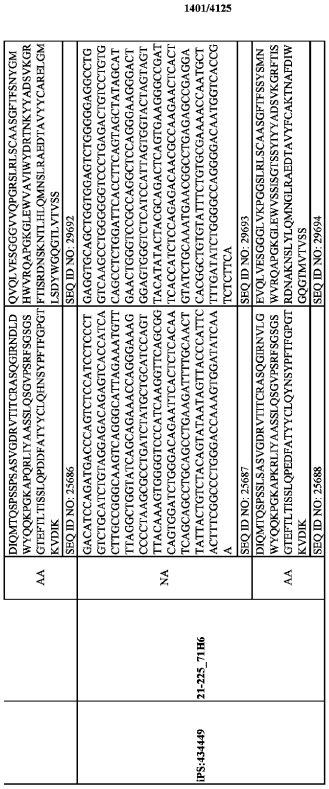
【図５０－５２４】


1399/4125
FIGURE 50
iPS:434441
21-225_71A2
AA
NA
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAPKLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCHHLNSYPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25681
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCATSGFTFSDYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDESNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLGW
QDDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25682
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNWLA
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCQRFNSYPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25680
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCG
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCGAGTCAGGATTACCTTTAGCT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAATTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCTATAATAGTTACCCGTG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 25683
DIVMTQSPDSLAVSLGERVAINCKSSQSVLHSSN
NNYLDWYQQKPGQPPKLLIFWASTREFGVPDR
FSGSGFGTDFTLTISSLQAEDVAIYYCQQYYTTP
CSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 25684
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGATTGGTATCAGCAGAAGCCAGGGAAAG
CCCCTCAGCGCCTTATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 25685
CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGTCCTCGGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCACATTTAGCAGCTATGCTATCAGTT
GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAG
TGGATGGGATGGATCAGCGCTTACAATGGTAAC
ACAAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGTC
ACCATGACCACAGACACATCCACGAGCACAGCC
TACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGAC
ACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGTCCC
TATTACTATGGTTCGGGGAGTTATTACGACTAC
TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACC
ACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29686
CAGGTCCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGC
AAGGCATCCGGATACACCTTCACCGGCTATTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTGGCACAAACCAAGCACAGAAGTTTCAGGGCA
GGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGCTCCG
GGGTACTCGCAGCAACTGGTACTTCGATCTCTGG
GGCCGTGGCACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29687
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCATSGFTFSDYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDFDY
QDDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29688

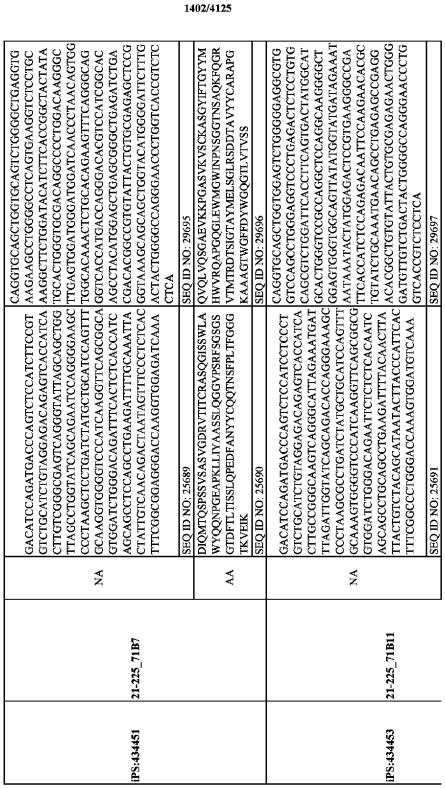
【図５０－５２５】


1400/4125
FIGURE 50
iPS:434443
21-225_71G3
AA
NA
AA
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCA
ATTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA
TTTTCTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTT
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGATTACTACTGTCACAACA
TTATTATTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 29689
DIVMTQSPDSLAVSLGERVAINCKSSQSVLHSSN
NNYLDWYQQKPGQPPKLLIFWASTREFGVPDR
FSGSGFGTDFTLTISSLQAEDVAIYYCQQYYTTP
CSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 29690
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGATTGGTATCAGCAGAAGCCAGGGAAAG
CCCCTCAGCGCCTTATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 29691
CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGTCCTCGGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCACATTTAGCAGCTATGCTATCAGTT
GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAG
TGGATGGGATGGATCAGCGCTTACAATGGTAAC
ACAAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGTC
ACCATGACCACAGACACATCCACGAGCACAGCC
TACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGAC
ACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGTCCC
TATTACTATGGTTCGGGGAGTTATTACGACTAC
TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACC
ACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29692

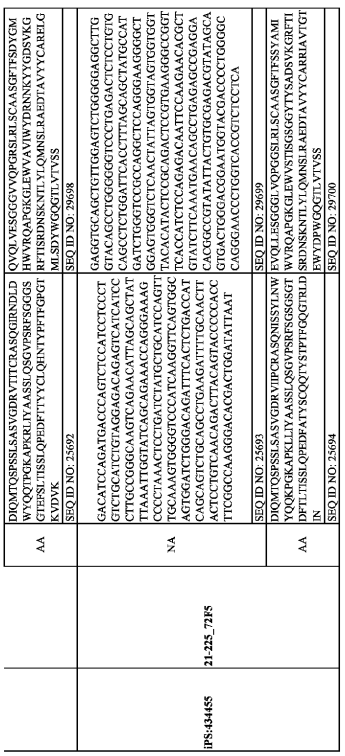
【図５０－５２６】



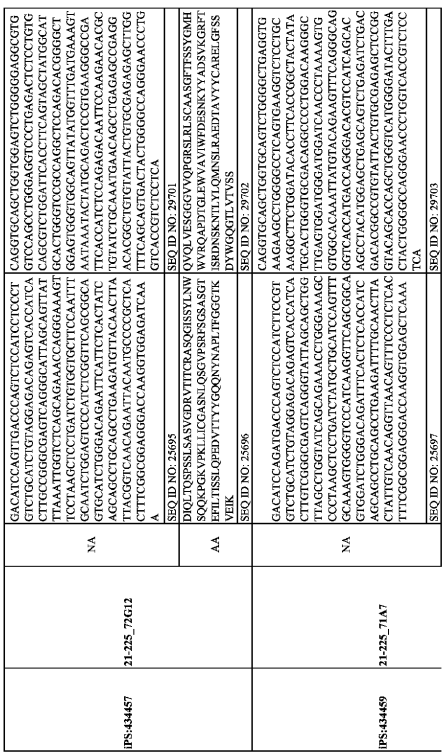
【図５０－５２７】



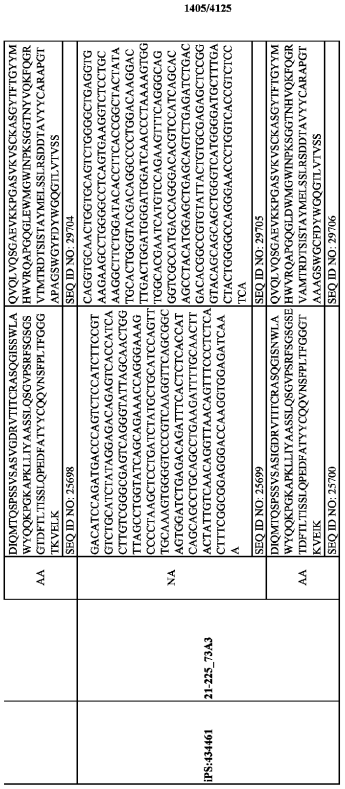
【図５０－５２８】



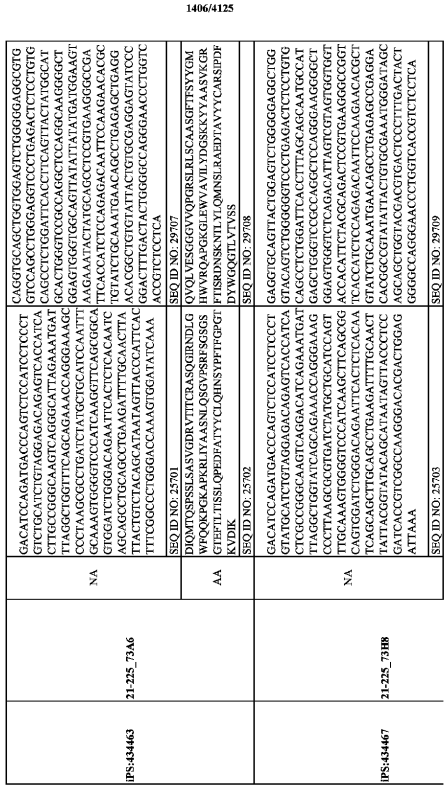
【図５０－５２９】



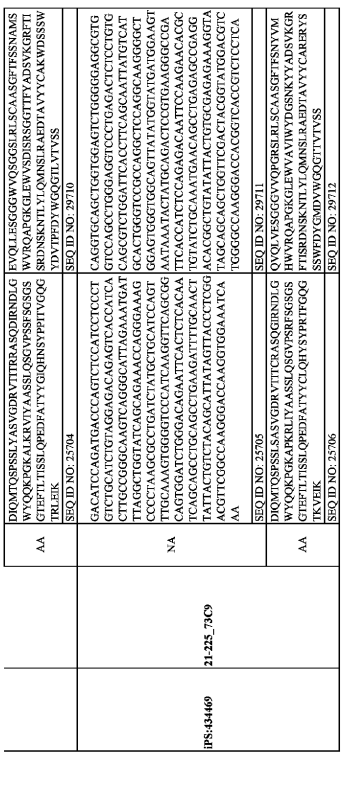
【図５０－５３０】



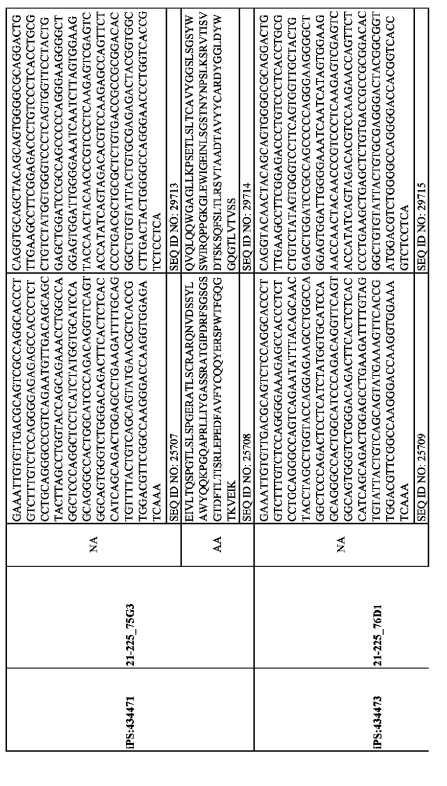
【図５０－５３１】



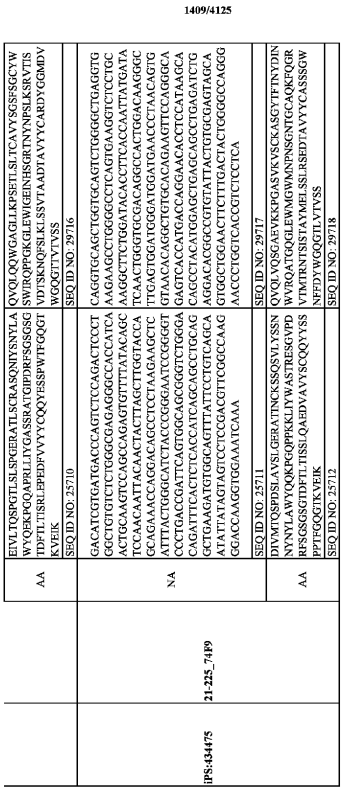
【図５０－５３２】



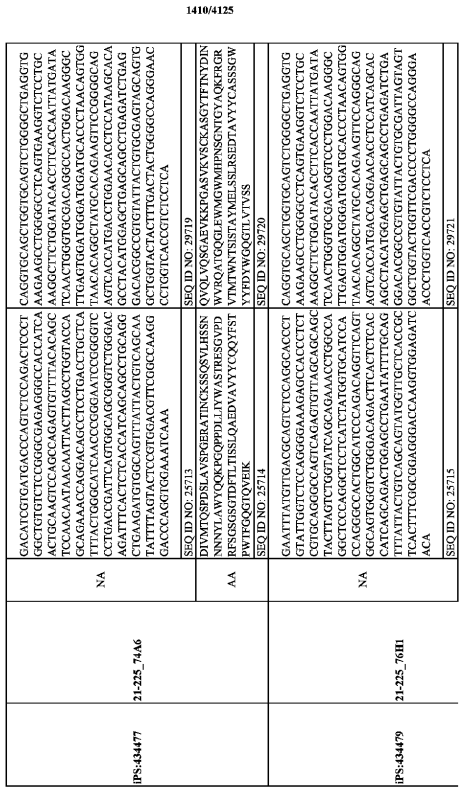
【図５０－５３３】



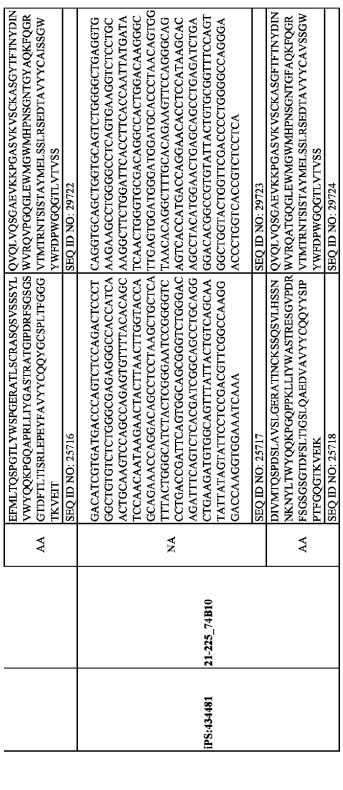
【図５０－５３４】



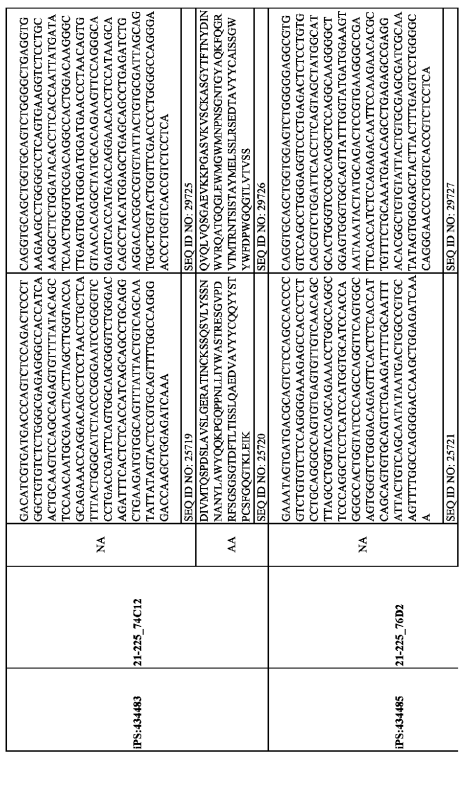
【図５０－５３５】



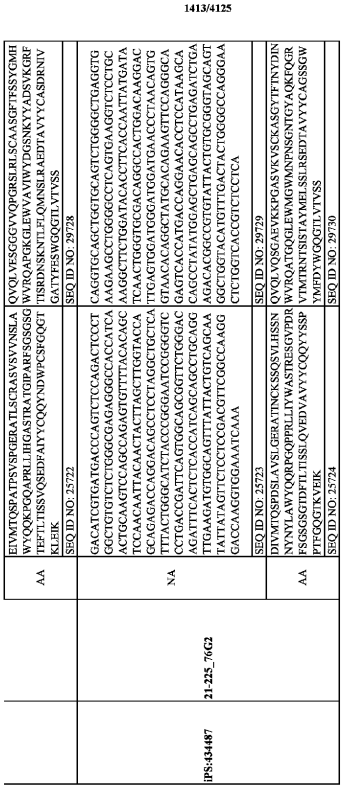
【図５０－５３６】



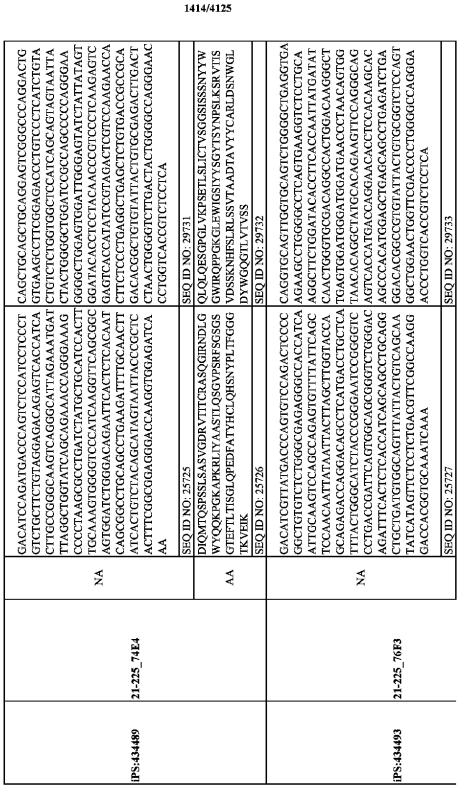
【図５０－５３７】



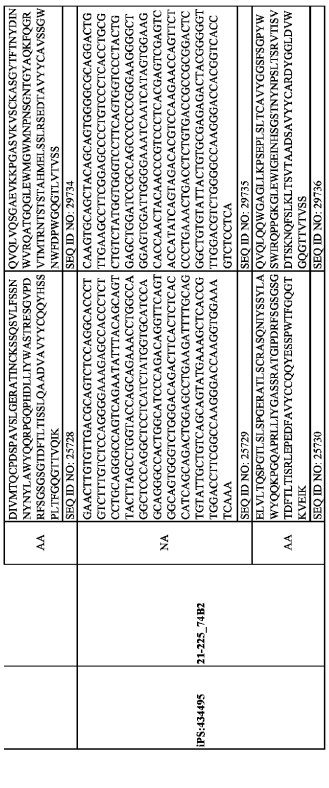
【図５０－５３８】


1413/4125
FIGURE 50
iPS:434487
21-225_76G2
AA
EIVMTQSPATPSVSPGERATLSCRASVSVVNSLA
WYQQKPGQAPRLLIHGASTRATGIPARFSGSGSG
TEFTLTISSVQSEDFAIYYCQQYNDWPCSFGQGT
KLEIK
SEQ ID NO: 25722
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATTACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAGACCAGGACAGCCTCCTAGTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGTTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
TTGAAGATGTTGGCACTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTTCTCCTCCGACGTTCGGCCAAGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25723
iPS:434487
21-225_76G2
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NYNYLAWYQQRPGQPPKLLIYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQPYSSP
PTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 25724
NA
GACATCGATATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCACTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATCACTGTCTTACAGCATTAGTAATTCCCCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 25725
iPS:434489
21-225_74E4
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASTLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYHCLQHSNYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25726
NA
CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTG
CTGTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTAATTA
CTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATATTATAGT
GGATACACCTCCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTCACCATATCCGTAGACACGTCCAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCA
GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGACCCTGA
CCTGGTTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 25727
iPS:434489
21-225_74E4
AA
QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSNYYW
GWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYSPSLKSRVTIS
VDSSKNHFSLRLSSVTAADTAVYYCARLDSNWGL
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 25732
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTATTAC
TGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG
CACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC
ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT
CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC
ATGGCAGTGTATTACTGTGCGAGGGACTACGGCGGT
GACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCT
CCTCA
SEQ ID NO: 25733
iPS:434493
21-225_76F3
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLFLQMNSLRAEDTAVYYCASDRNIV
GATYFESWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29728
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
CTCTGGTCAACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 29729
iPS:434487
21-225_76G2
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGSSW
YWFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29730

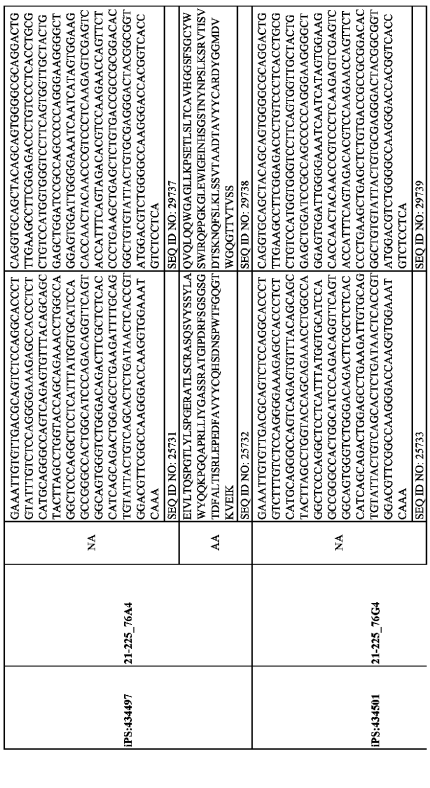
【図５０－５３９】



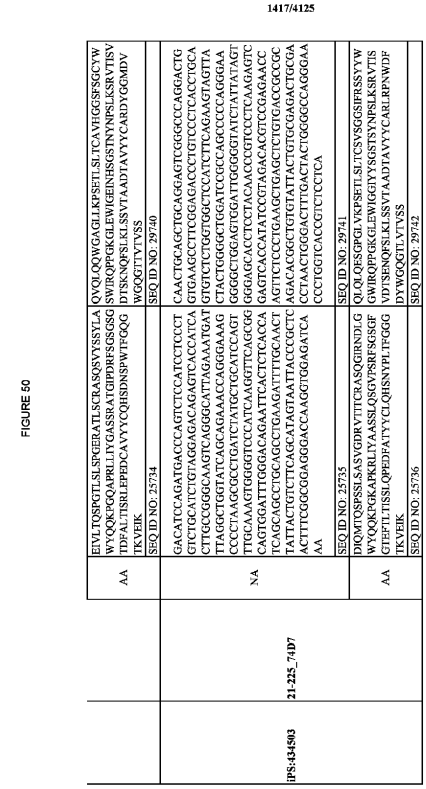
【図５０－５４０】


1415/4125
FIGURE 50
iPS:434495
21-225_74B2
AA
DIVMTQCPDSPAVSLGERATINCKSSQSVLFSSN
NYNYLAWYQQPQPHDLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAADVAVYYCQQYYSS
PLTFGQGTTVQIK
SEQ ID NO: 25728
NA
GAACTTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAAATATTTACAGCAGT
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGACCAGTCGGCATCCCAGACAGGTTC
AGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
ACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTATTGTCAGCAGTATGGAAAGCTCACCG
TGGACCTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 25729
iPS:434495
21-225_74B2
AA
FLVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQNVSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYESSPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25730
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTAC
TGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG
CACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC
ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT
CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC
ATGGCAGTGTATTACTGTGCGAGGGACTACGGCGGT
GACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCT
CCTCA
SEQ ID NO: 25731
iPS:434497
21-225_76A4
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVYSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFALTISRLEPEDFAVYYCQHSDNSPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25732
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CATGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTACAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATTTATGGTGCATCCA
GCCGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGTGCAG
TGTATTACTGTCAGCACTATGGTAGCTCACCG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
CAAA
SEQ ID NO: 25733
iPS:434497
21-225_76A4
AA
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYW
SWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNYNPSLKSRVTIS
VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGGMDV
WGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 29734
NA
CAAGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTAC
TGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG
CACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC
ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT
CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC
ATGGCAGTGTATTACTGTGCGAGGGACTACGGCGGT
GACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCT
CCTCA
SEQ ID NO: 29735
iPS:434501
21-225_76G4
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSITSTAHMELSSLRSEDTAVYYCARVSSGW
YWFDPWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 29736

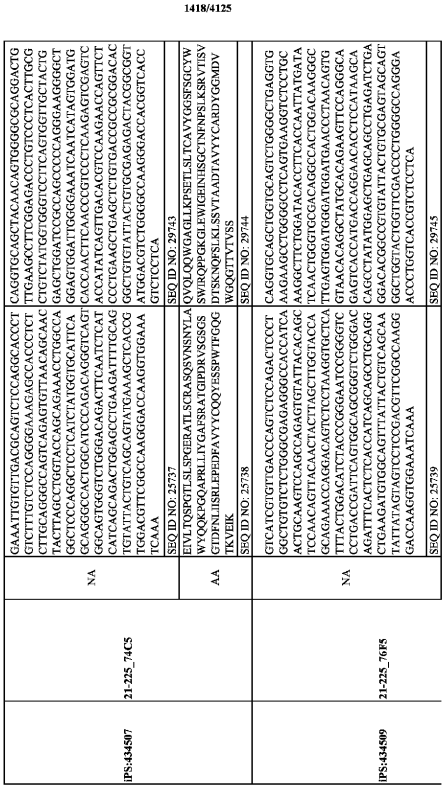
【図５０－５４１】



【図５０－５４２】



【図５０－５４３】



【図５０－５４４】

【図５０－５４５】

10

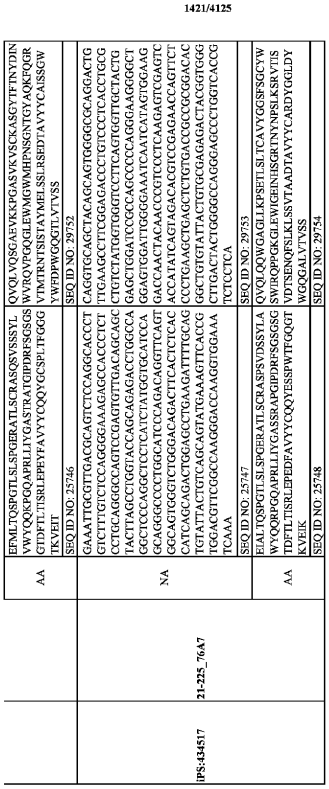
20

30

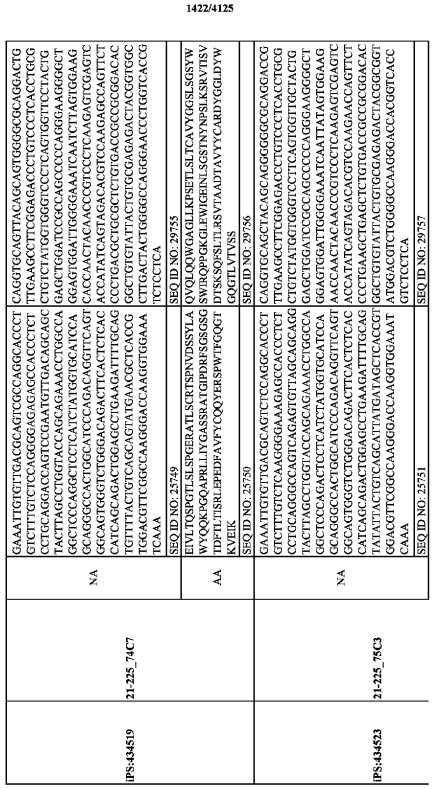
40

50

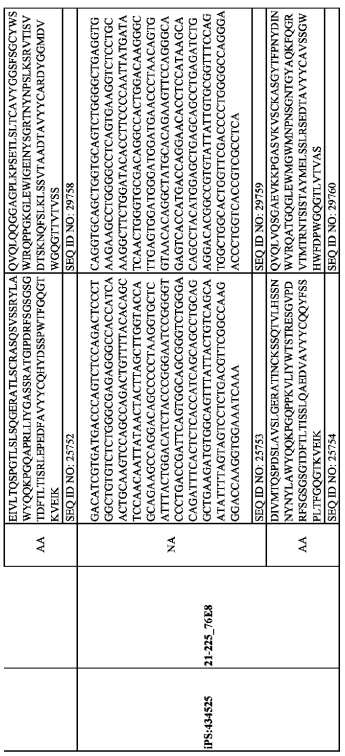
【図５０－５４６】



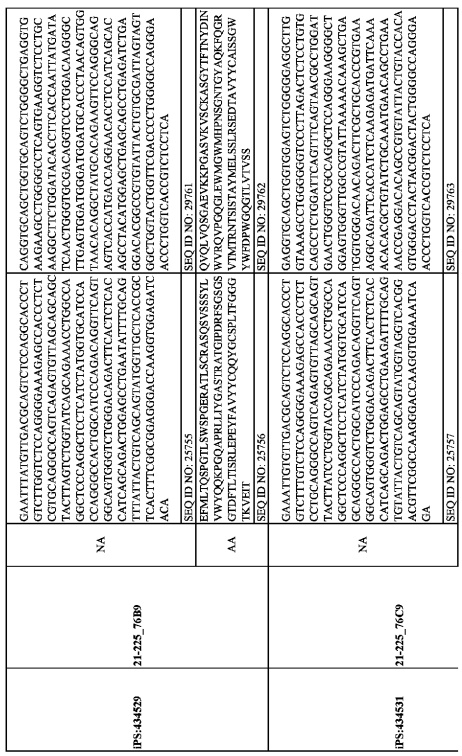
【図５０－５４７】



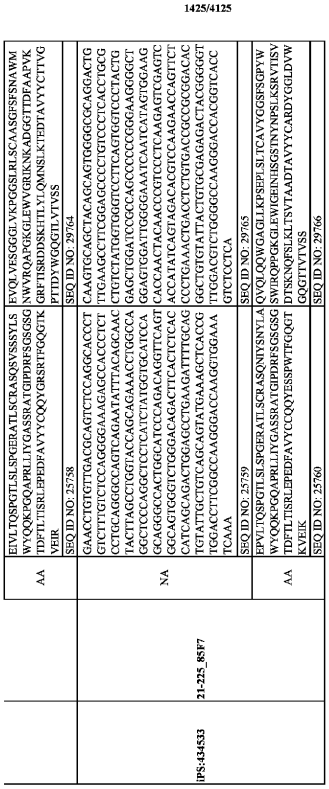
【図５０－５４８】



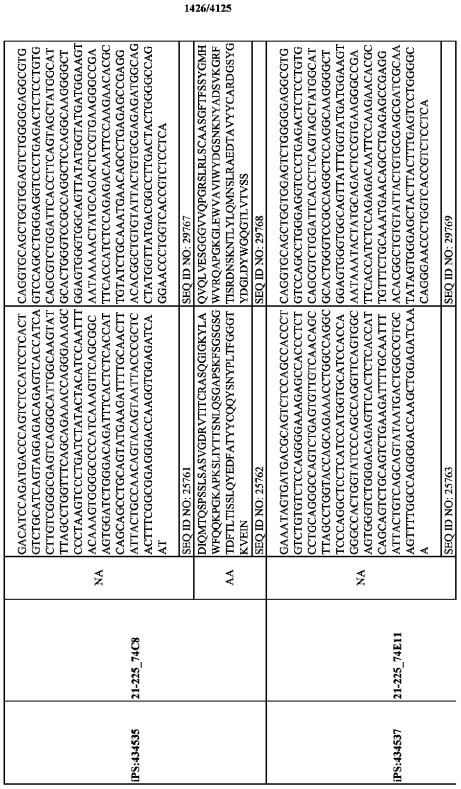
【図５０－５４９】



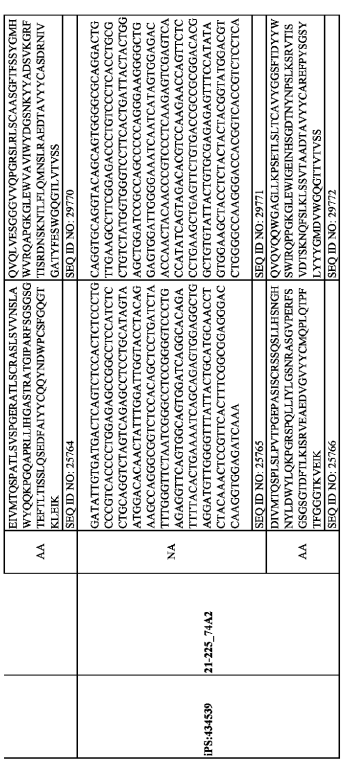
【図５０－５５０】



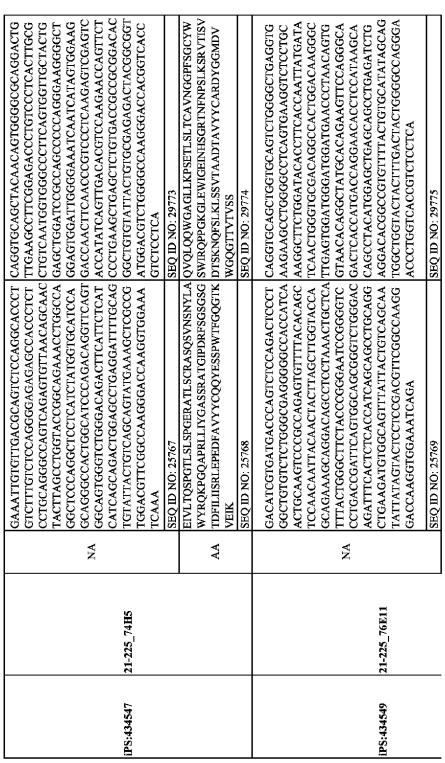
【図５０－５５１】



【図５０－５５２】



【図５０－５５３】



10

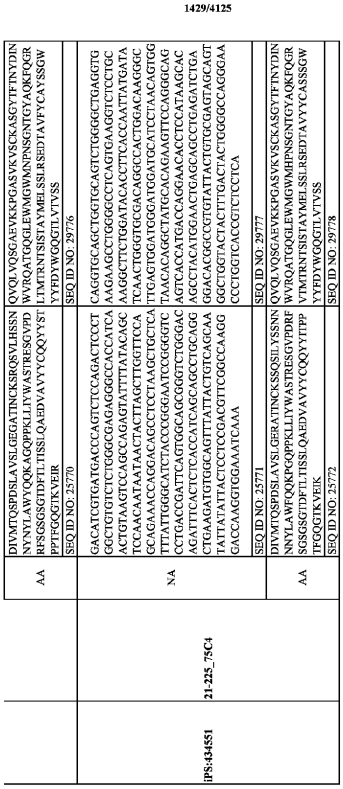
20

30

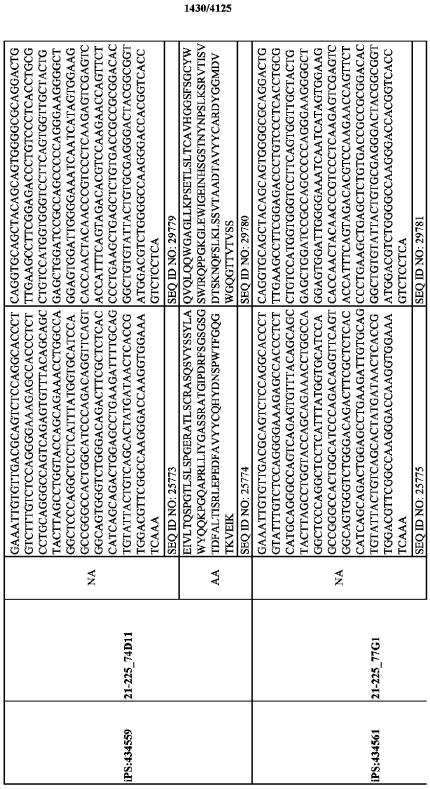
40

50

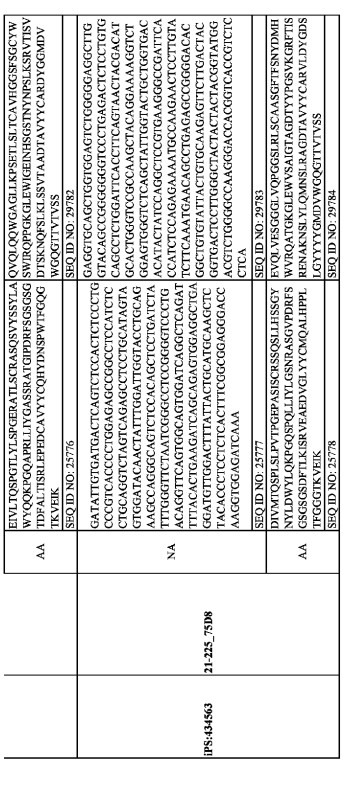
【図５０－５５４】



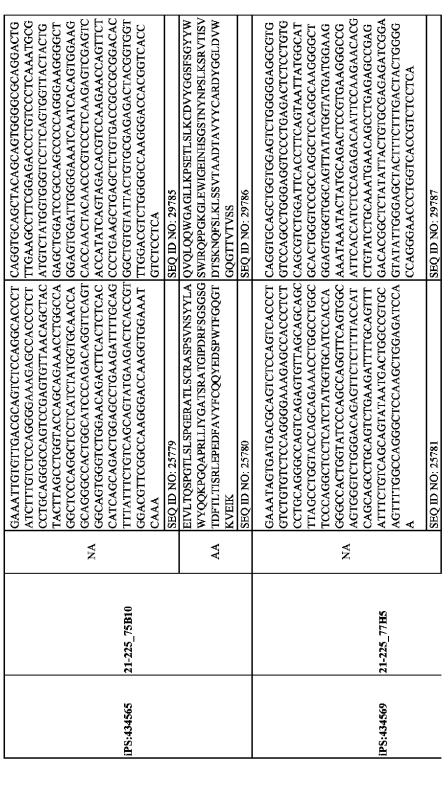
【図５０－５５５】



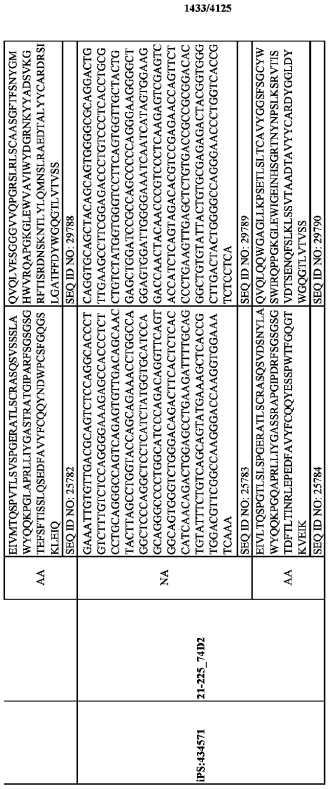
【図５０－５５６】



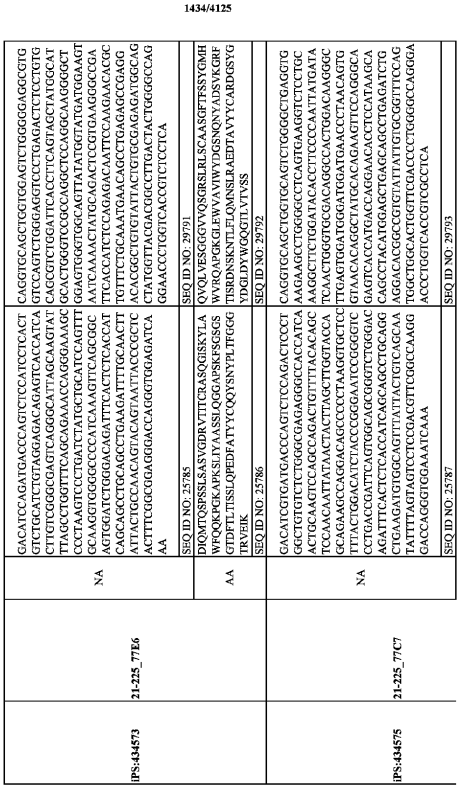
【図５０－５５７】



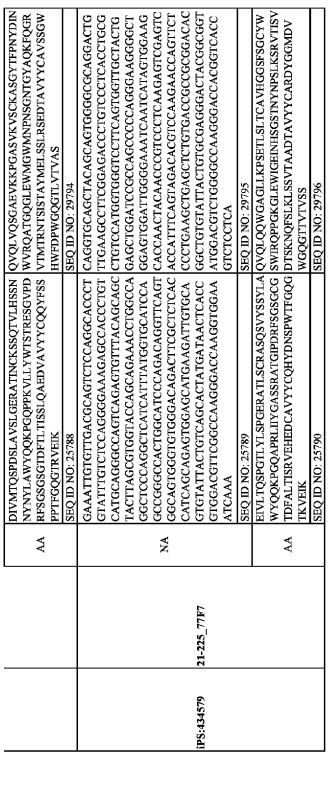
【図５０－５５８】



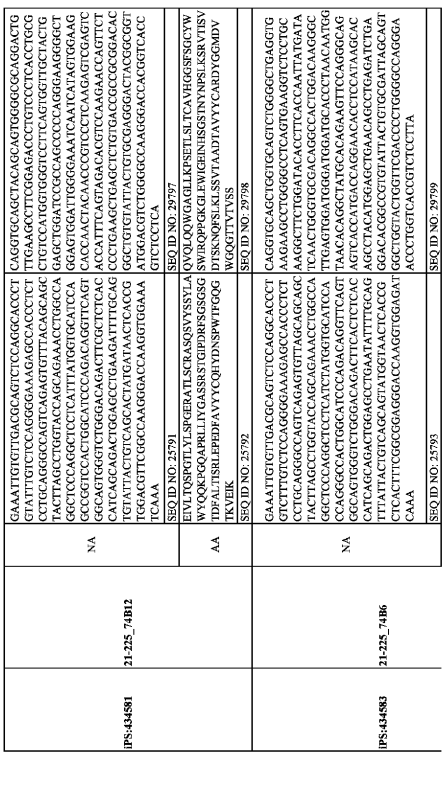
【図５０－５５９】



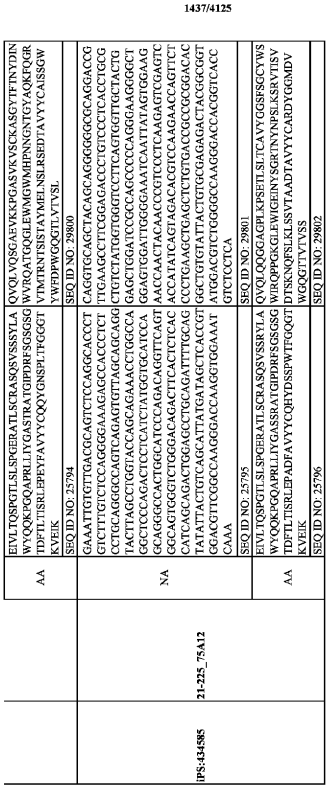
【図５０－５６０】



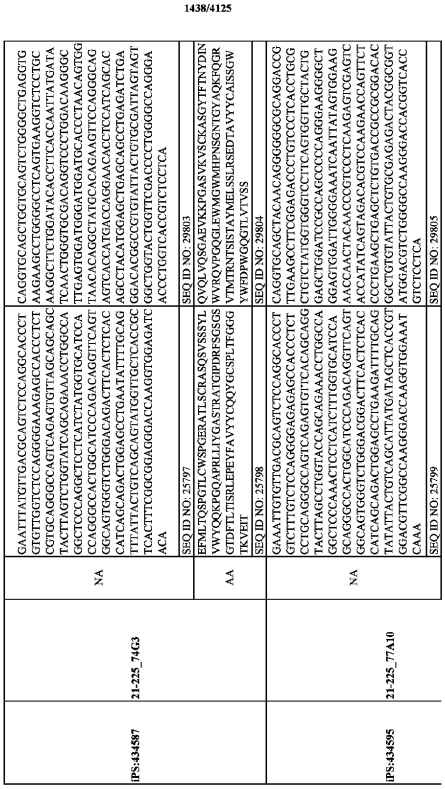
【図５０－５６１】



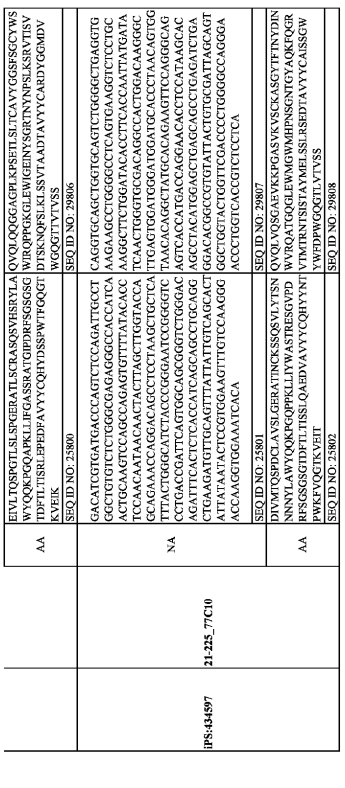
【図５０－５６２】



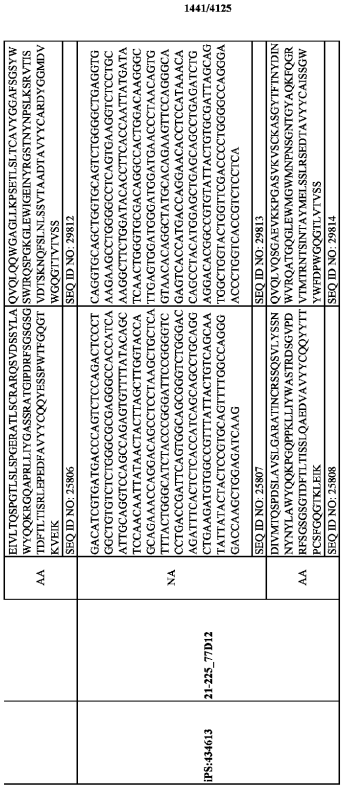
【図５０－５６３】



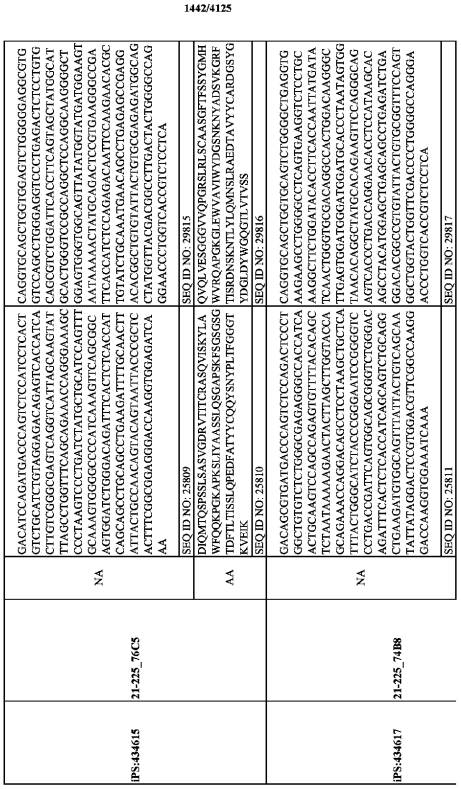
【図５０－５６４】


1439/4125
FIGURE 50
IPS:434597
21-225_77C10
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPDRFSGSGSG TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNSPLTFGGGT KVEIK
SEQ ID NO: 25800
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPDRFSGSGSG TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWTFGQGT KVEIK
SEQ ID NO: 25801
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPDRFSGSGSG TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQHYDSPWTFGQGT KVEIK
SEQ ID NO: 25804
NA
GAATTTATGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CTCAGTCTCCAGCCACCCTCAGCGTCAGCCGTCTCCTTCCCAGCCACCATCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAGGGCCACTGGATCCCAGACAGATTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25805
NA
GAATTTATGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CTCAGTCTCCAGCCACCCTCAGCGTCAGCCGTCTCCTTCCCAGCCACCATCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAGGGCCACTGGATCCCAGACAGATTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25811
NA
GAATTTATGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CTCAGTCTCCAGCCACCCTCAGCGTCAGCCGTCTCCTTCCCAGCCACCATCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAGGGCCACTGGATCCCAGACAGATTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25810
NA
GAATTTATGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CTCAGTCTCCAGCCACCCTCAGCGTCAGCCGTCTCCTTCCCAGCCACCATCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAGGGCCACTGGATCCCAGACAGATTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25812
NA
GAATTTATGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CTCAGTCTCCAGCCACCCTCAGCGTCAGCCGTCTCCTTCCCAGCCACCATCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAGGG

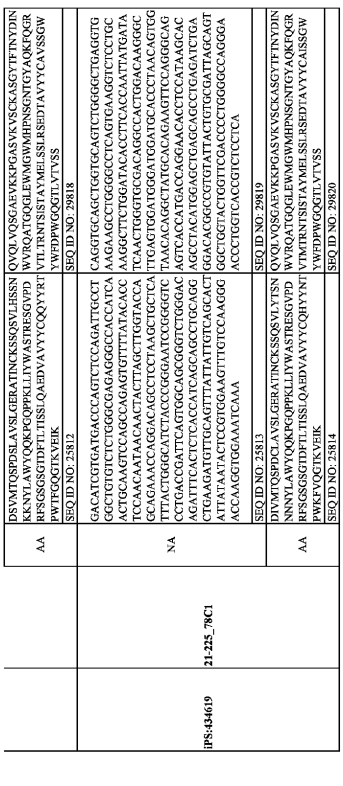
【図５０－５６６】



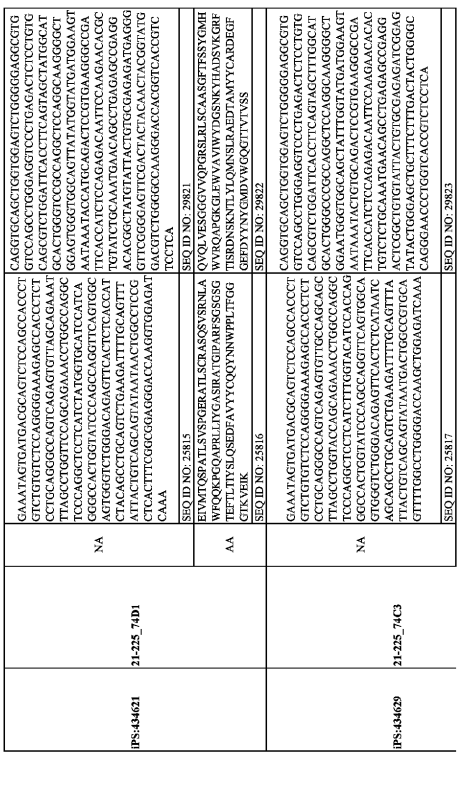
【図５０－５６７】



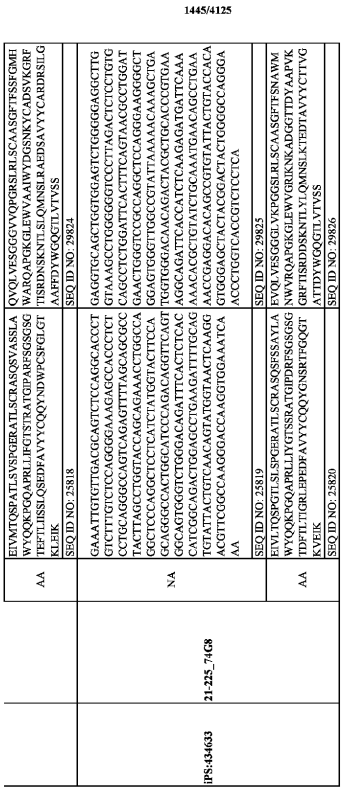
【図５０－５６８】



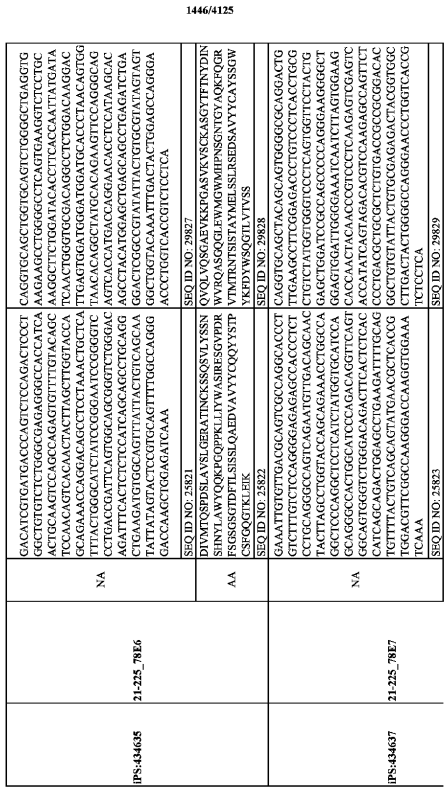
【図５０－５６９】



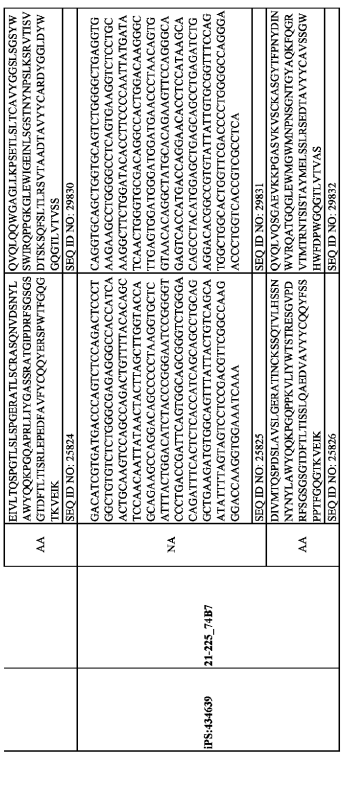
【図５０－５７０】



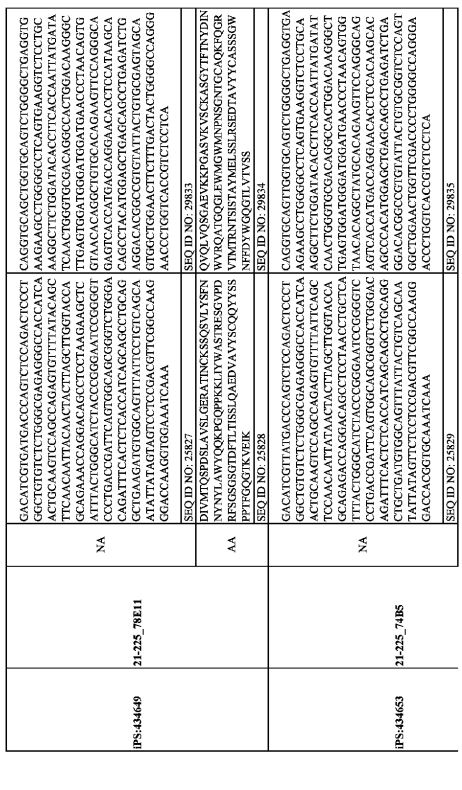
【図５０－５７１】



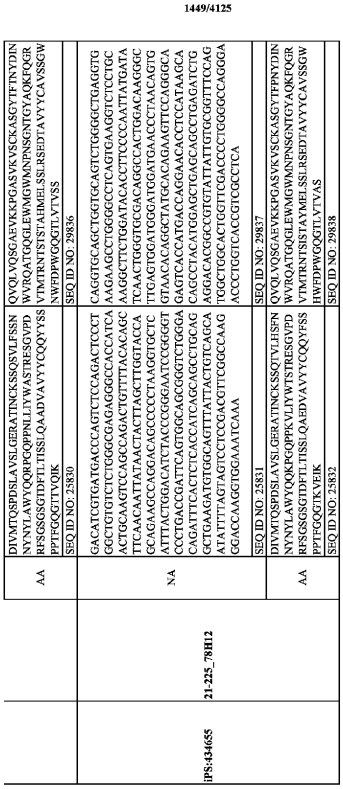
【図５０－５７２】



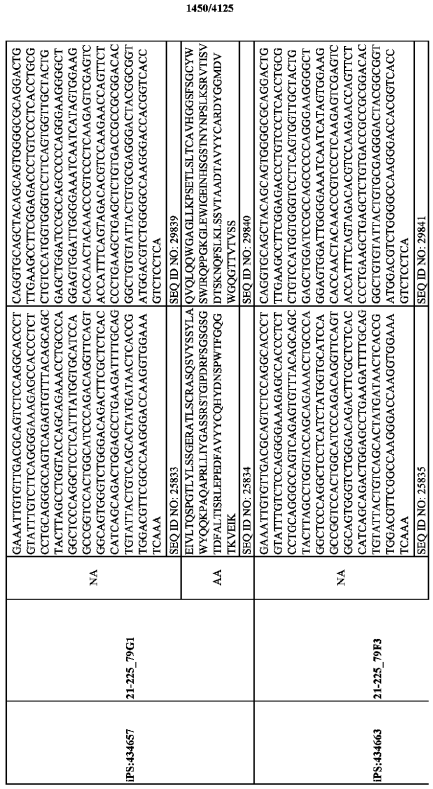
【図５０－５７３】



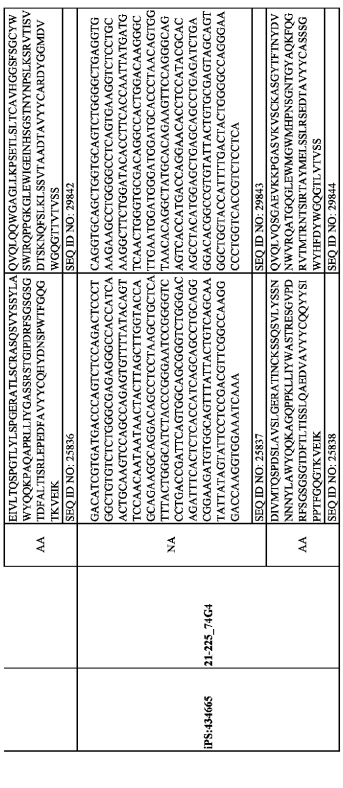
【図５０－５７４】



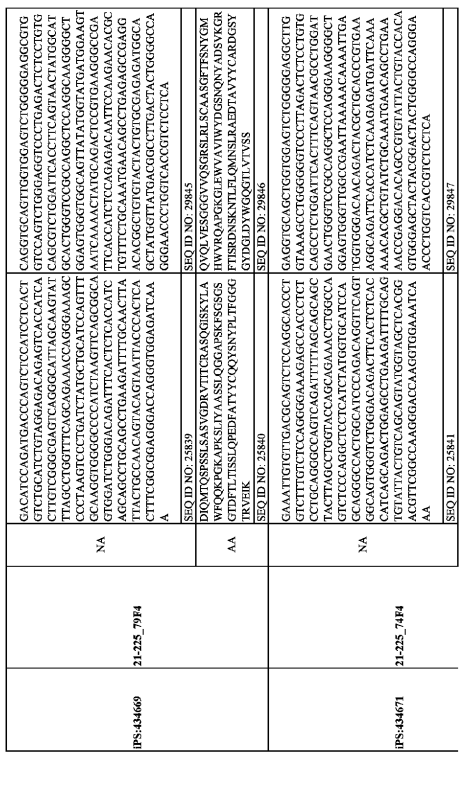
【図５０－５７５】



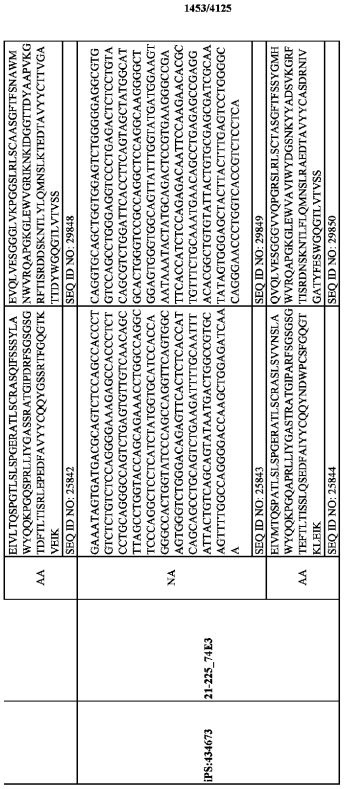
【図５０－５７６】



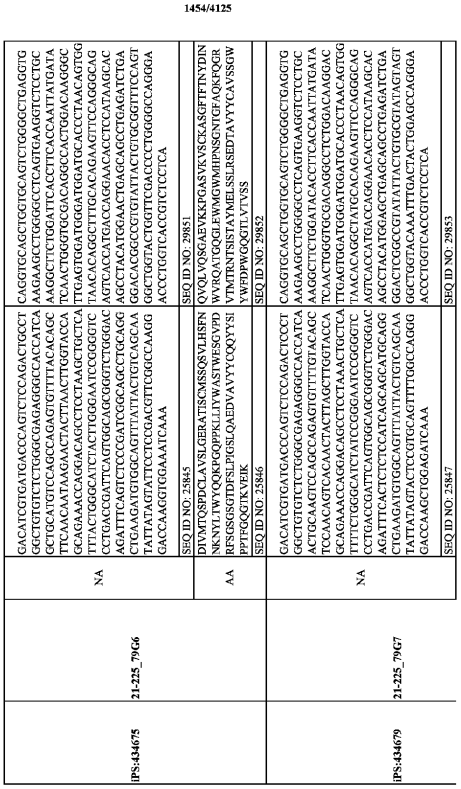
【図５０－５７７】



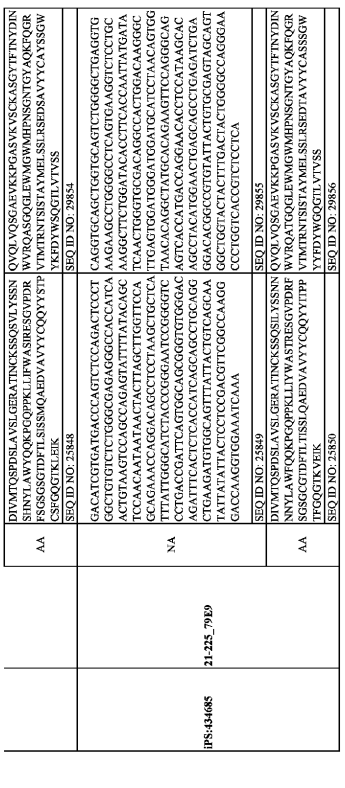
【図５０－５７８】



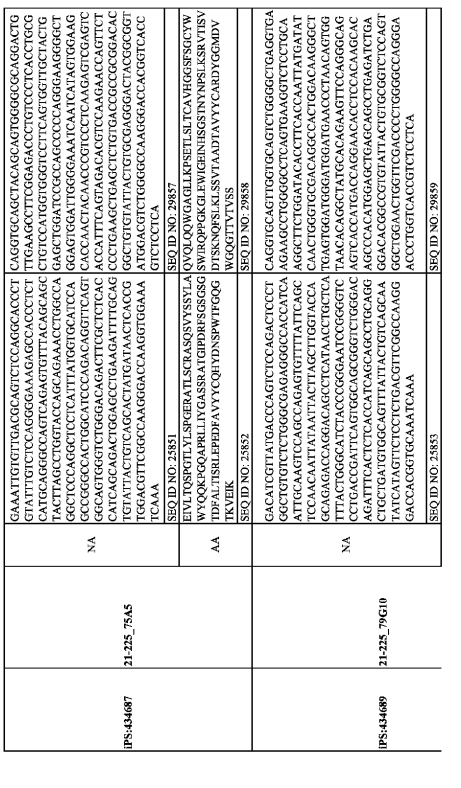
【図５０－５７９】



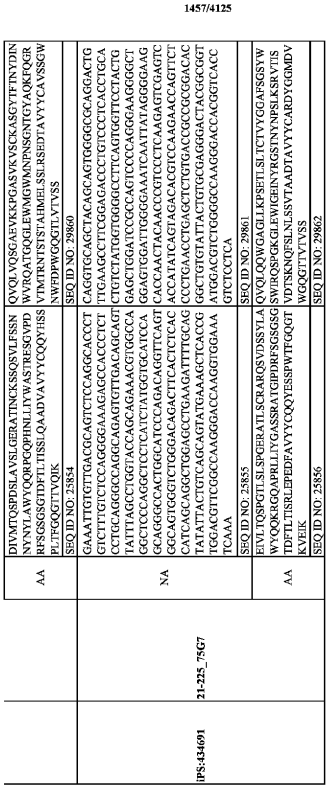
【図５０－５８０】



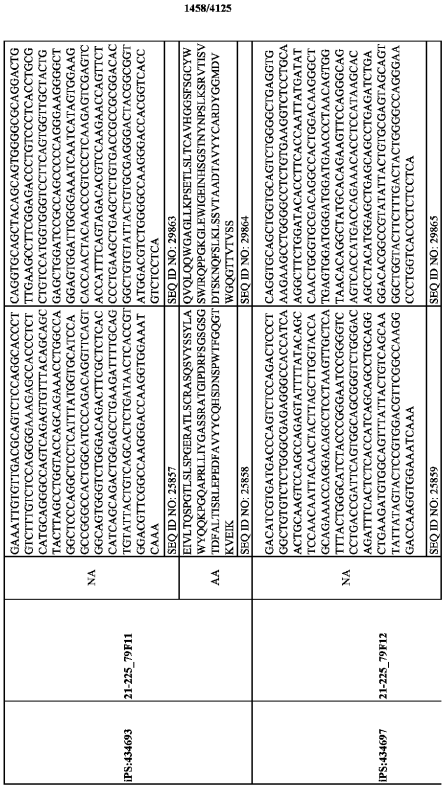
【図５０－５８１】



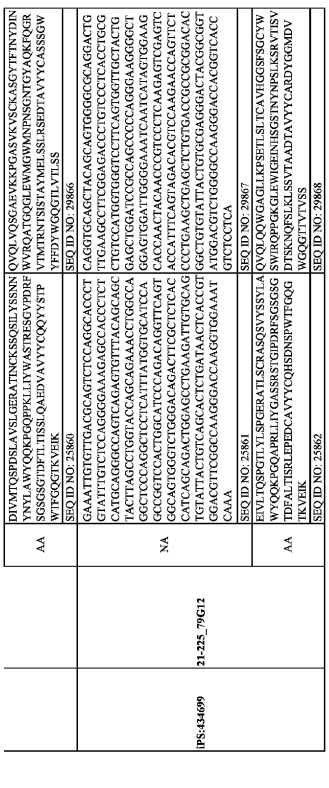
【図５０－５８２】



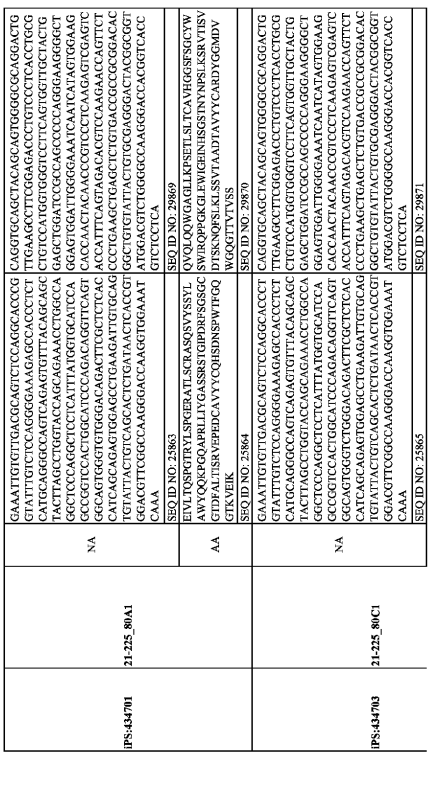
【図５０－５８３】



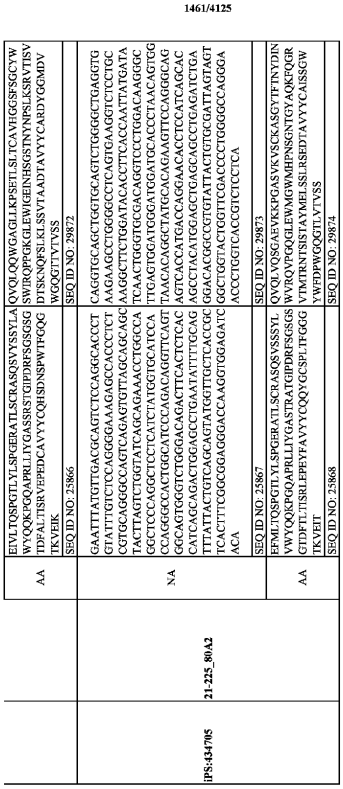
【図５０－５８４】



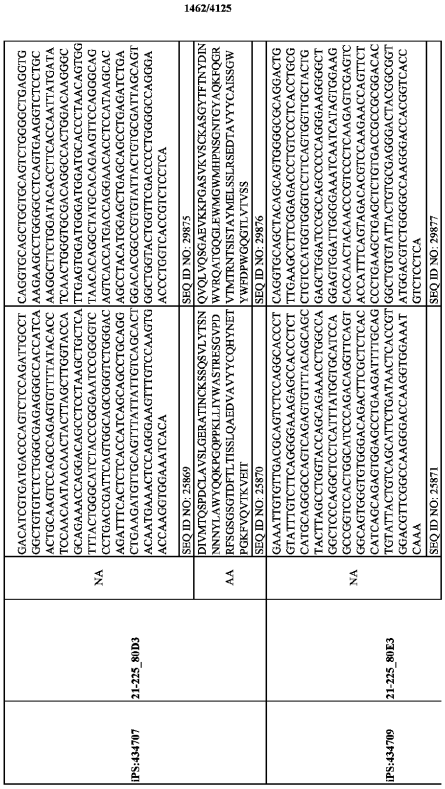
【図５０－５８５】



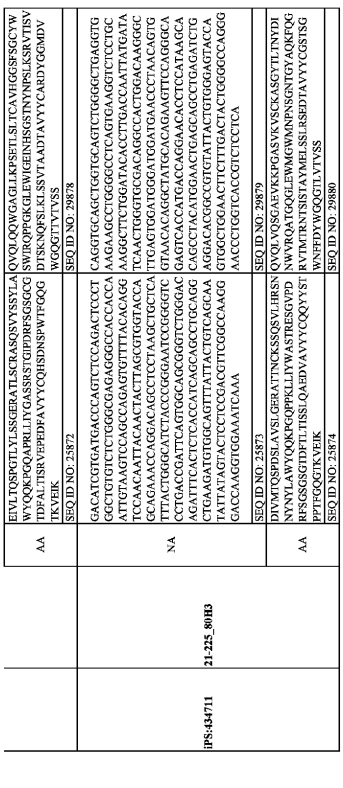
【図５０－５８６】



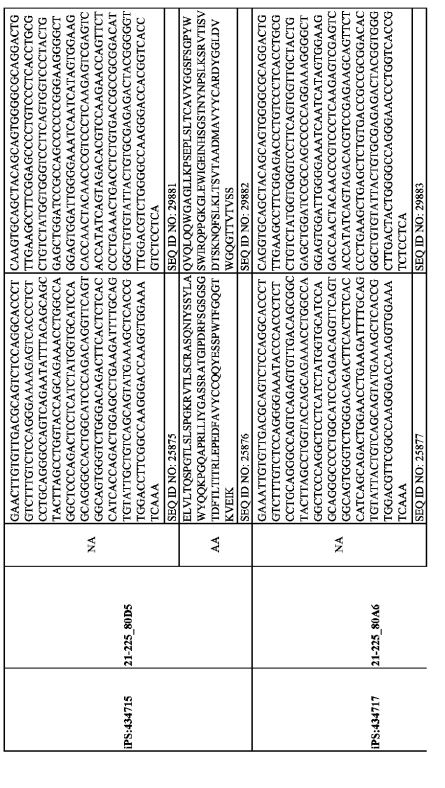
【図５０－５８７】



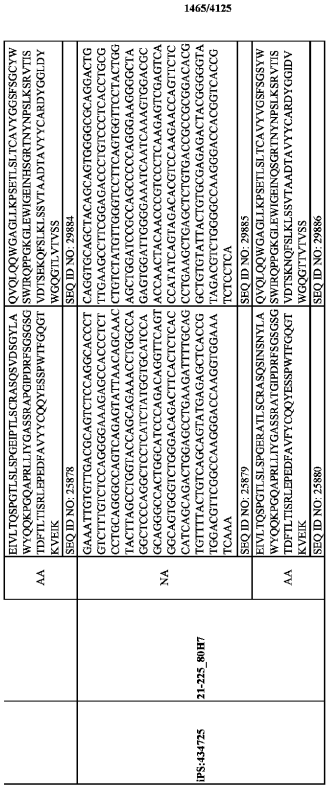
【図５０－５８８】



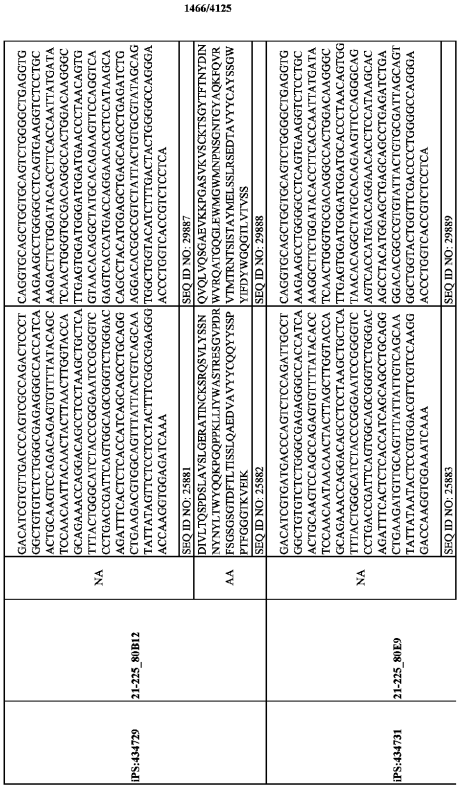
【図５０－５８９】



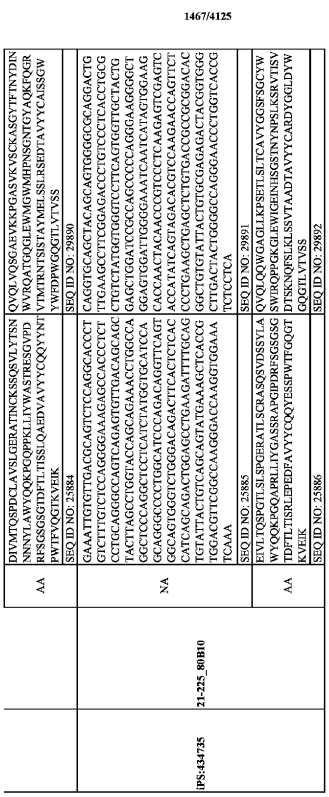
【図５０－５９０】



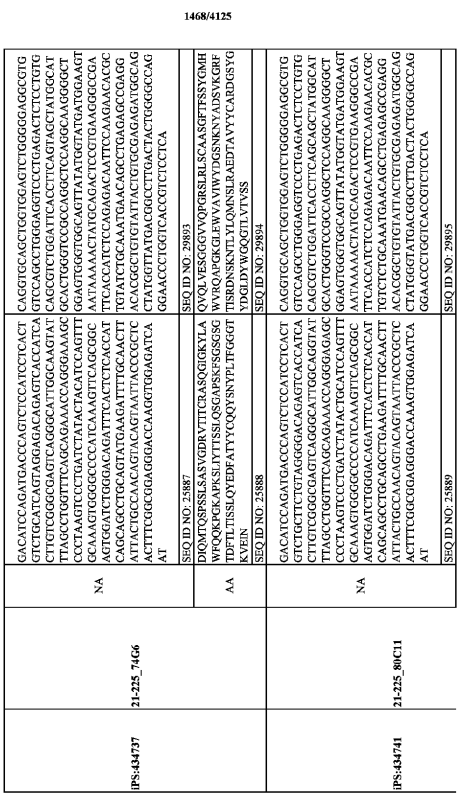
【図５０－５９１】



【図５０－５９２】



【図５０－５９３】



10

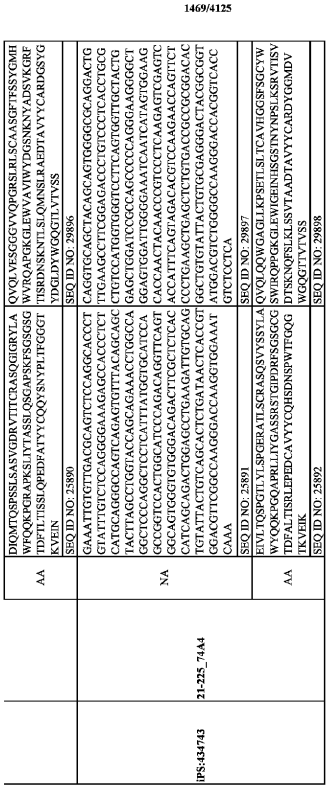
20

30

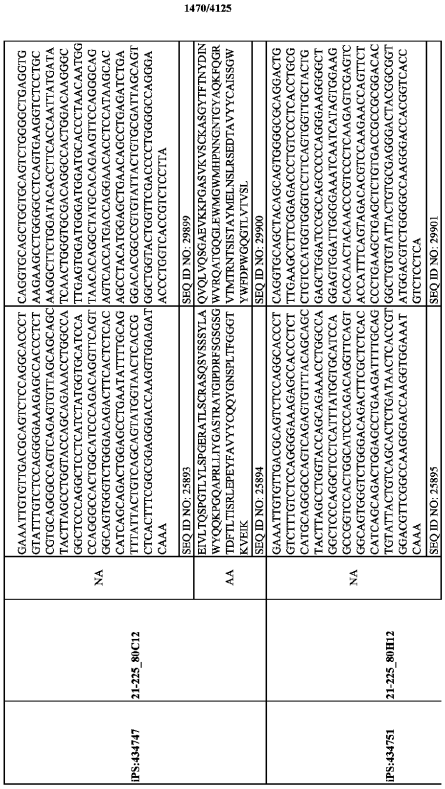
40

50

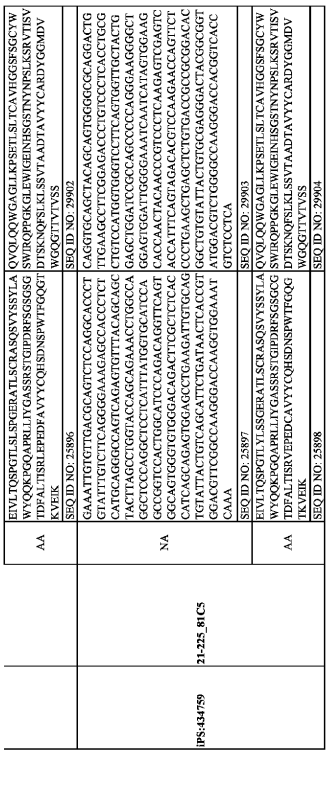
【図５０－５９４】



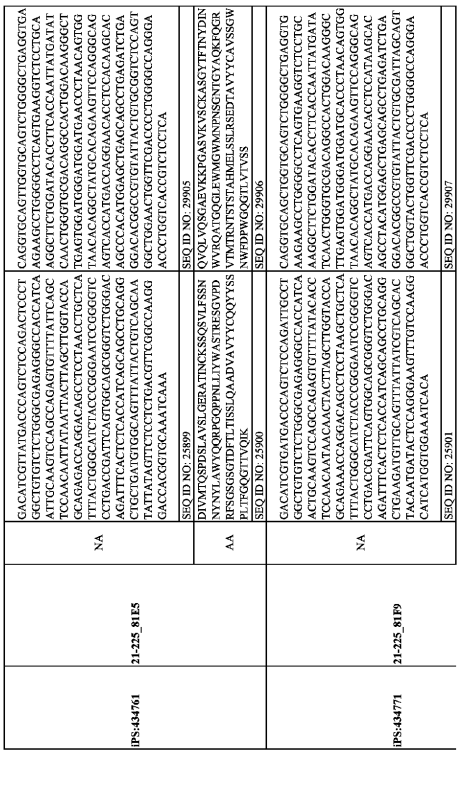
【図５０－５９５】



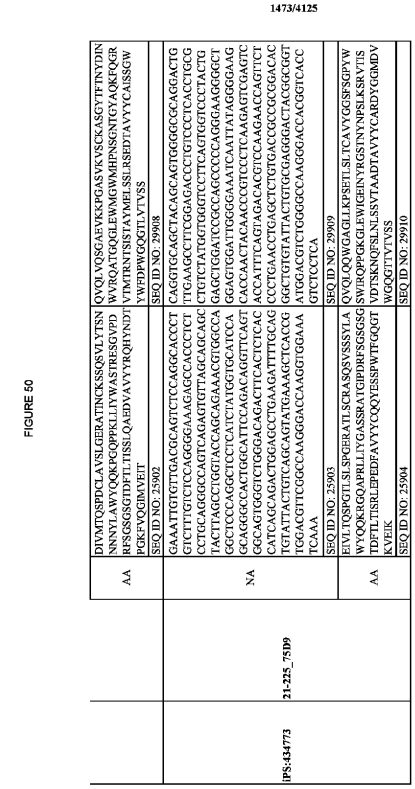
【図５０－５９６】



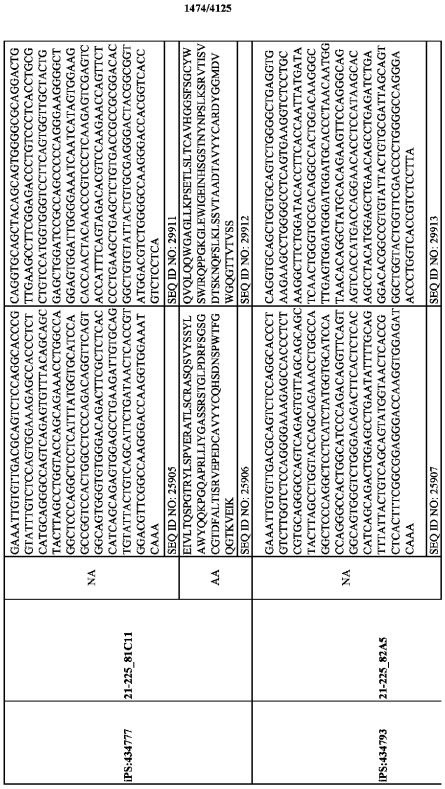
【図５０－５９７】



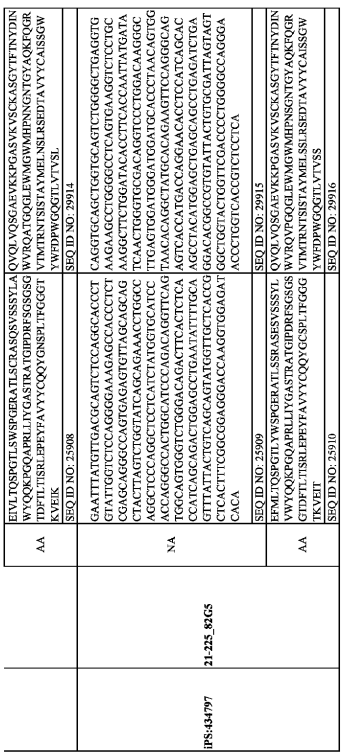
【図５０－５９８】



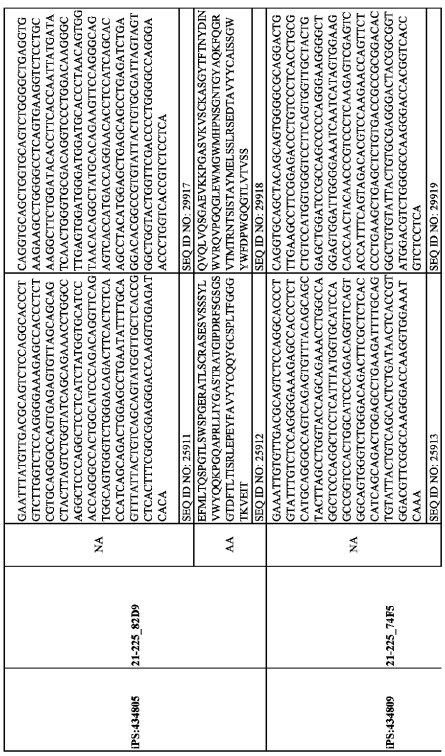
【図５０－５９９】



【図５０－６００】



【図５０－６０１】



10

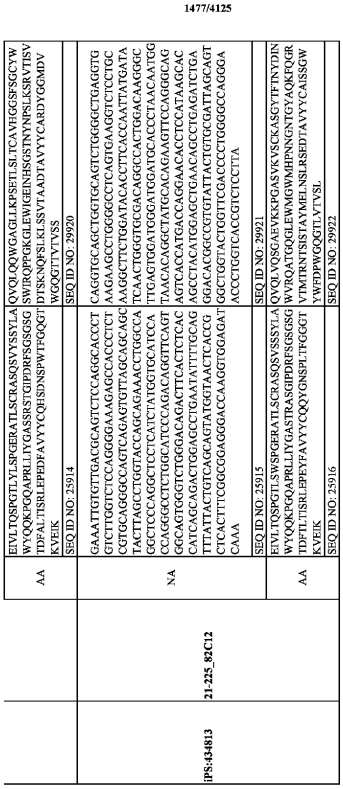
20

30

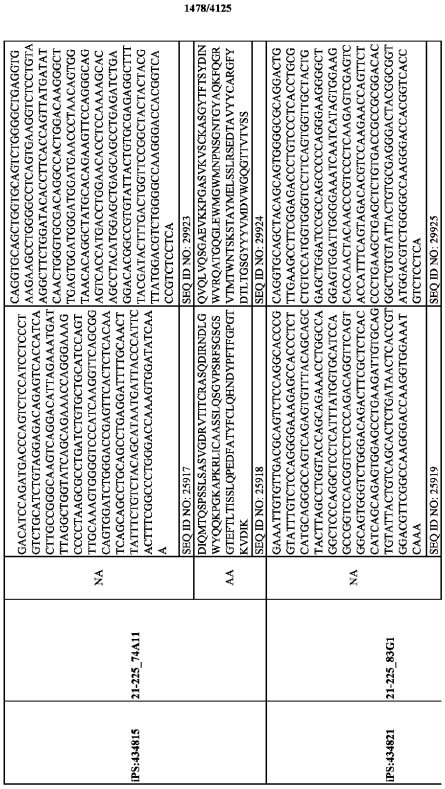
40

50

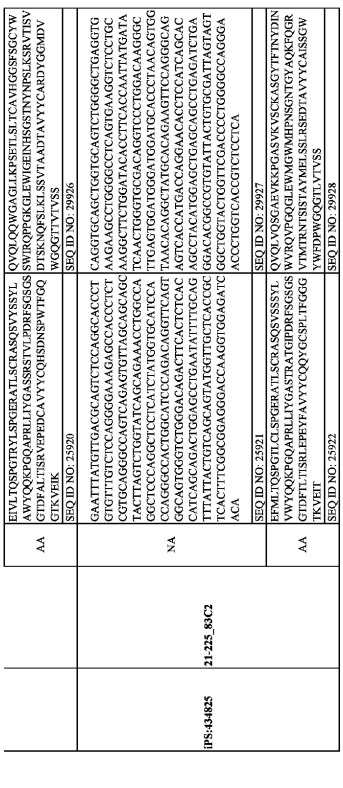
【図５０－６０２】



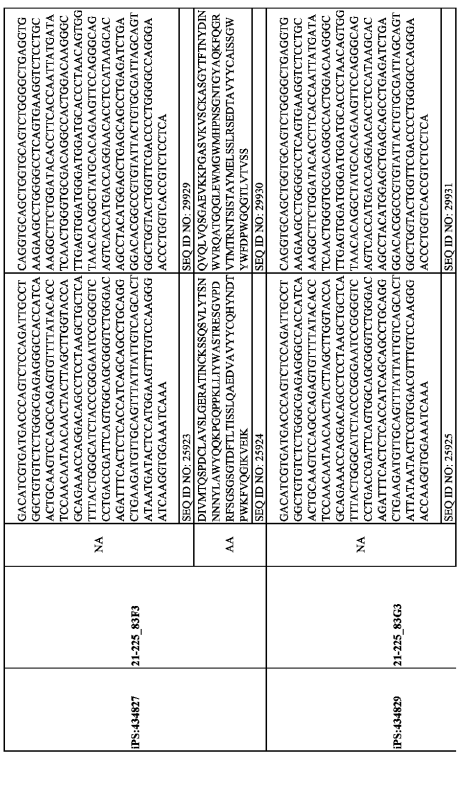
【図５０－６０３】



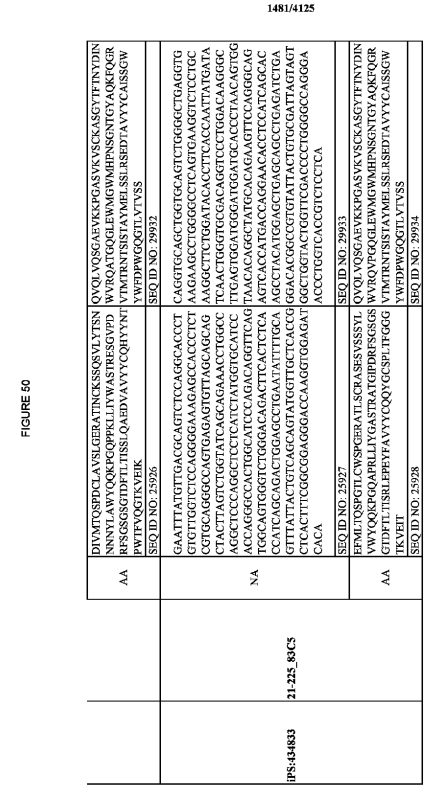
【図５０－６０４】



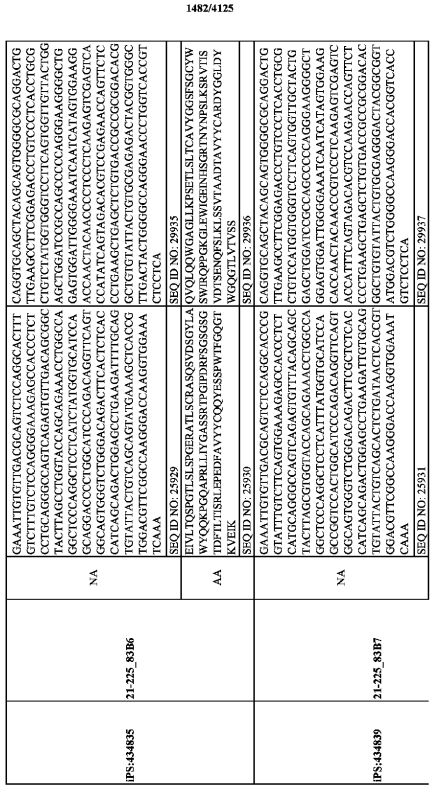
【図５０－６０５】



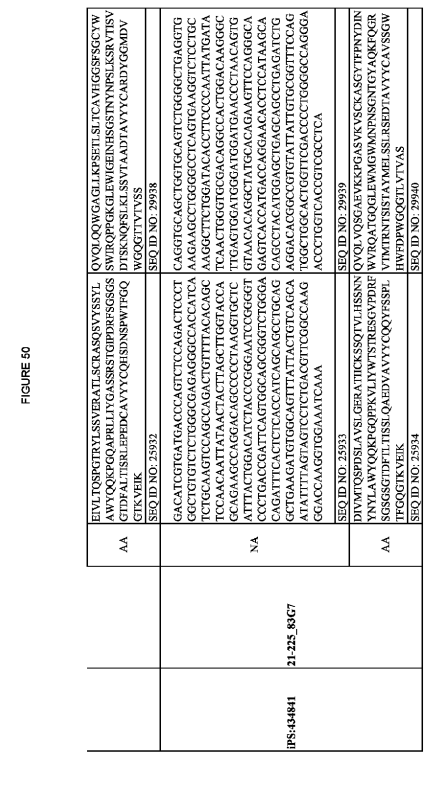
【図５０－６０６】


1481/4125
FIGURE 50
iPS:434833
21-225_83C5
AA
DIVMTQSPDCLAVSLGERATINCKSSQSVLYTSN
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQHYYNT
PWTFVQGTKVEIK
SEQ ID NO: 25926
NA
GAATTTATGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCCGTTAGCAGCTACTTA
GCCTAGTGGTCCTCGGCCAGACACAGTGATC
AGCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTG
CAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCA
CCGTGCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25927
iPS:434839
21-225_83B7
AA
EFMLTQSPGTLCWSPGERATLSCRASQSVSSSYL
VWYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPDRFSGSG
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLITFGG
GTKVEIK
SEQ ID NO: 25928
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGTTACTG
AAGCTGGATCCGCCACGCCCCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAAG
GCACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATATCAGTAGACAAGTCCGAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGGGC
TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 25929
iPS:434835
21-225_83B6
AA
EVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQG
KVEIK
SEQ ID NO: 25930
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
GTCTTTGTCTCCAGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTA
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT
CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGG
CCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTG
GGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAG
ACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGT
CAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGGACGTTCGGCC
AAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25931
iPS:434841
21-225_83G7
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVYSSYL
AWYQQKPGQAPRLLIYGASSRSTGIPDRFSGSG
GTDFALTISRLEPEDCAVYYCQHSDNSPWTFGQ
GTKVEIK
SEQ ID NO: 25932
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
TCTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACAGCAGC
TCCAACAATTATAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAGCCAGGACAGCCCCCTAAGGTGCTC
ATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGT
CCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGA
CAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAG
GCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCA
ATATTTTAGTAGTCCTCGACGTTCGGCCAAG
GGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25933
iPS:434841
21-225_83G7
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSNN
YNYLAWYQQKPGQPPKVLIYWTSTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYFSSPL
ITFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 25934
NA
GTCAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCT
GGAATTGGATTATCATCCATAGTGGAAGCACCAA
CTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATA
TCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTG
AAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCT
GTGTATTACTGTGCGAGAGGACTACGGTGGGGAC
TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 25935
iPS:434849
21-225_83C10
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASPSVHSNYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYSSPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25936
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTA
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT
CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGG
CCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTG
GGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAG
ACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGT
CAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGGACGTTCGGCC
AAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25937
iPS:434851
21-225_75A6
AA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCGCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
TCCAACAATTACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTGCAACTCCTC
ATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
ACGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTCCTACTTTCGGCGGAGG
GACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25938
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCT
GGAATTGGATTATCATCCATAGTGGAAGCACCAA
CTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATA
TCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTG
AAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCT
GTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGGGGAC
TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 25939
iPS:434841
21-225_83G7
AA
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVHGGSFSGCYW
SWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNYNPSLKSRVTISV
DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGGMDV
WGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 25940
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCT
GGAATTGGATTATCATCCATAGTGGAAGCACCAA
CTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATA
TCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTG
AAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCT
GTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGGGGAC
TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 25941
iPS:434849
21-225_83C10
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASPSVHSNYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYSSPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25942
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCGCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
TCCAACAATTACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTGCAACTCCTC
ATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTCCTACTTTCGGCGGAGG
GACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25943

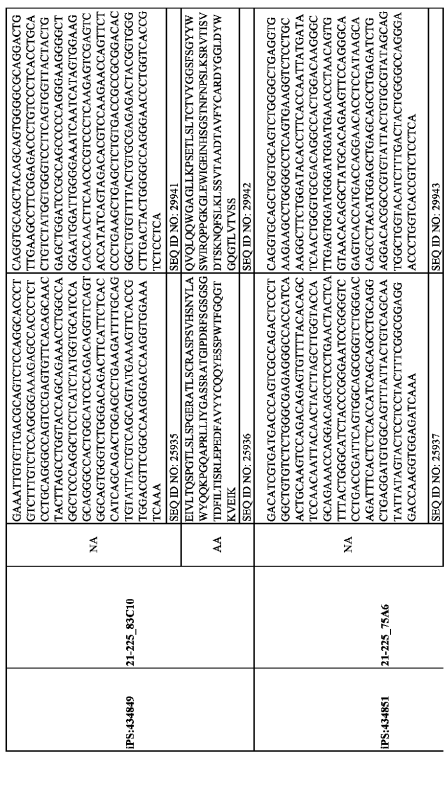
【図５０－６０７】


1482/4125
FIGURE 50
iPS:434835
21-225_83B6
AA
EVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQG
KVEIK
SEQ ID NO: 25929
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
GTCTTTGTCTCCAGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTA
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT
CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGG
CCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTG
GGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAG
CTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGT
CAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGGACGTTCGGCC
AAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25930
iPS:434839
21-225_83B7
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 25931
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
GTCTTTGTCTCCAGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTA
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT
CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGG
CCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTG
GGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAG
CTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGT
CAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGGACGTTCGGCC
AAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25932
iPS:434833
21-225_83C5
AA
DIVMTQSPDCLAVSLGERATINCKSSQSVLYTSN
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQHYYNT
PWTFVQGTKVEIK
SEQ ID NO: 25926
NA
GAATTTATGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCCGTTAGCAGCTACTTA
GCCTAGTGGTCCTCGGCCAGACACAGTGATC
AGCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTG
CAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCA
CCGTGCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 25927
iPS:434833
21-225_83C5
AA
EFMLTQSPGTLCWSPGERATLSCRASQSVSSSYL
VWYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPDRFSGSG
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLITFGG
GTKVEIK
SEQ ID NO: 25928
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGTTACTG
AAGCTGGATCCGCCACGCCCCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAAG
GCACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATATCAGTAGACAAGTCCGAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGGGC
TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 25933
iPS:434841
21-225_83G7
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSNN
YNYLAWYQQKPGQPPKVLIYWTSTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYFSSPL
ITFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 25934
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCT
GGAATTGGATTATCATCCATAGTGGAAGCACCAA
CTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATA
TCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTG
AAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCT
GTGTATTACTGTGCGAGAGGACTACGGTGGGGAC
TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 25935
iPS:434849
21-225_83C10
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASPSVHSNYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYSSPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25936
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTA
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT
CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGG
CCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTG
GGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAG
ACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGT
CAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGGACGTTCGGCC
AAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25937
iPS:434851
21-225_75A6
AA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCGCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
TCCAACAATTACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTGCAACTCCTC
ATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
ACGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTCCTACTTTCGGCGGAGG
GACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25938
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCT
GGAATTGGATTATCATCCATAGTGGAAGCACCAA
CTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATA
TCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTG
AAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCT
GTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGGGGAC
TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 25939
iPS:434841
21-225_83G7
AA
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVHGGSFSGCYW
SWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNYNPSLKSRVTISV
DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGGMDV
WGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 25940
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCT
GGAATTGGATTATCATCCATAGTGGAAGCACCAA
CTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATA
TCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTG
AAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCT
GTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGGGGAC
TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 25941
iPS:434849
21-225_83C10
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASPSVHSNYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYSSPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 25942
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCGCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
TCCAACAATTACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTGCAACTCCTC
ATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
ACGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTCCTACTTTCGGCGGAGG
GACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 25943

【図５０－６０８】



【図５０－６０９】



10

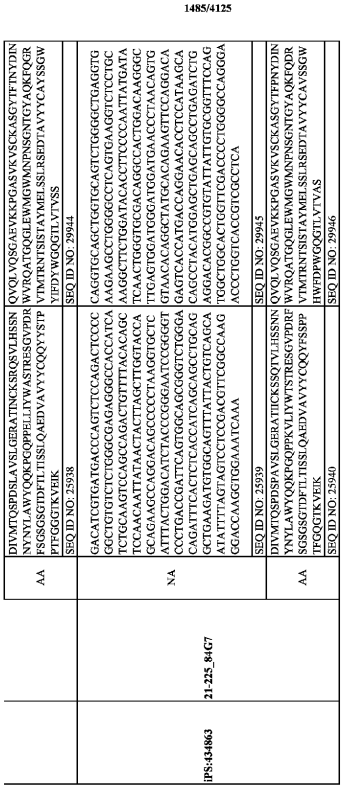
20

30

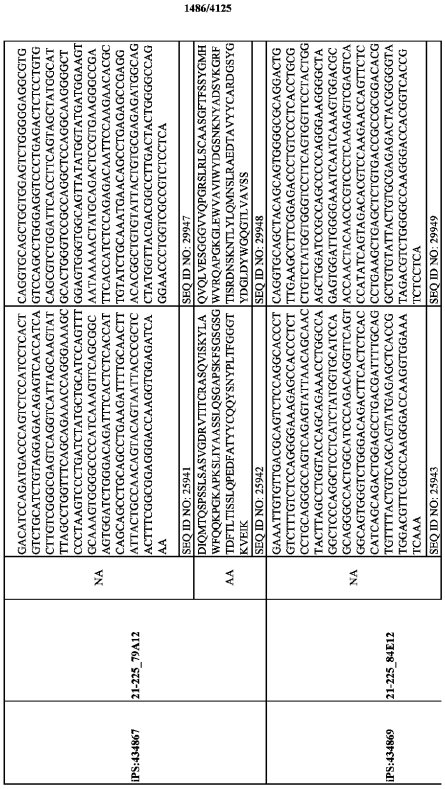
40

50

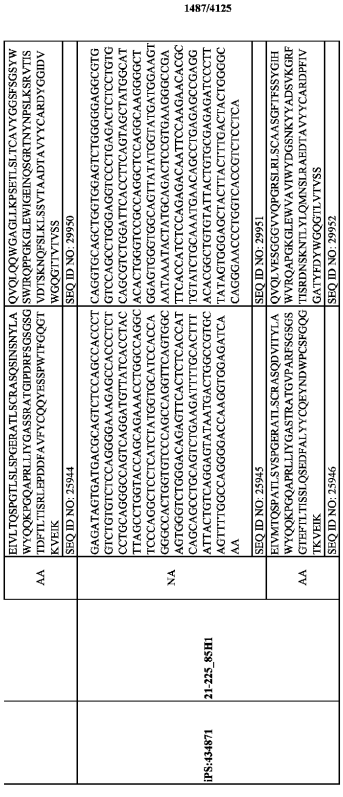
【図５０－６１０】



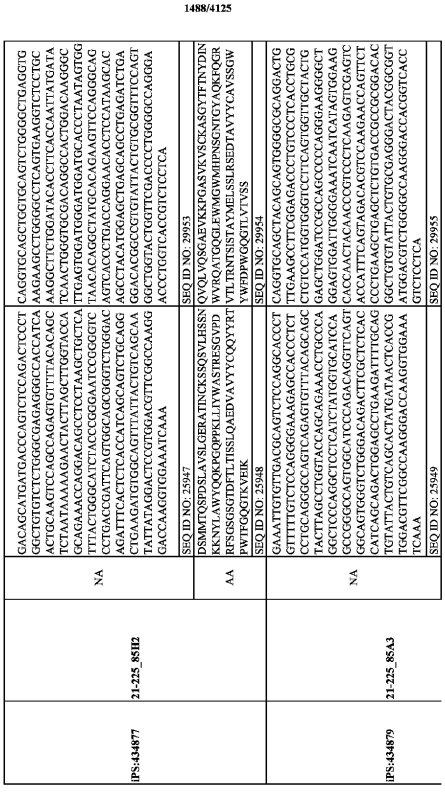
【図５０－６１１】



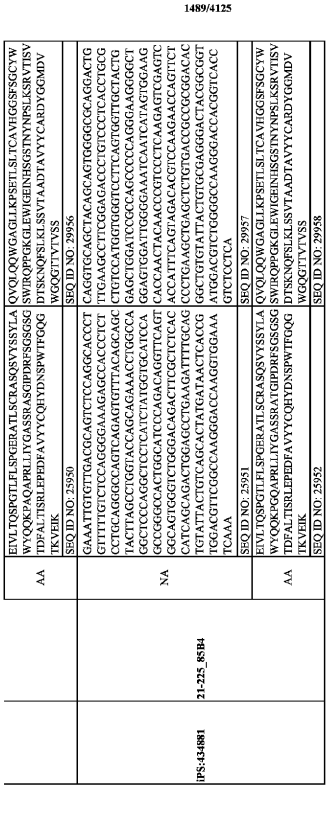
【図５０－６１２】



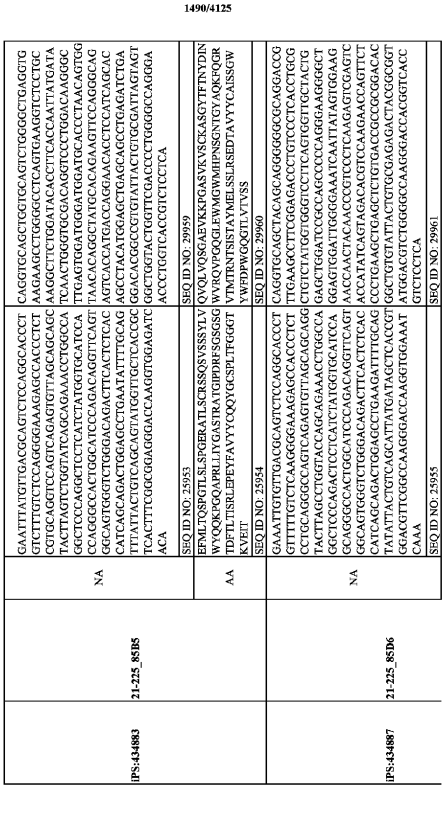
【図５０－６１３】



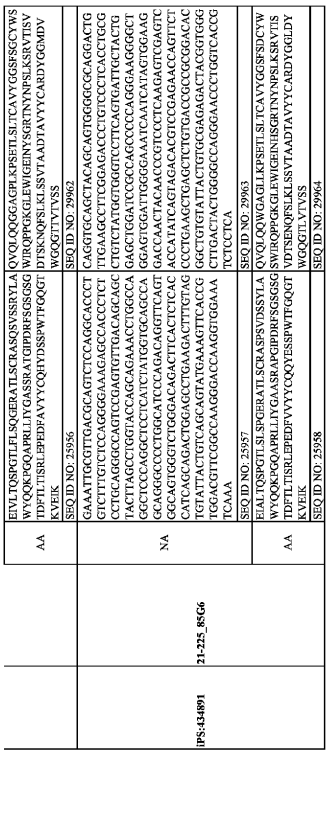
【図５０－６１４】



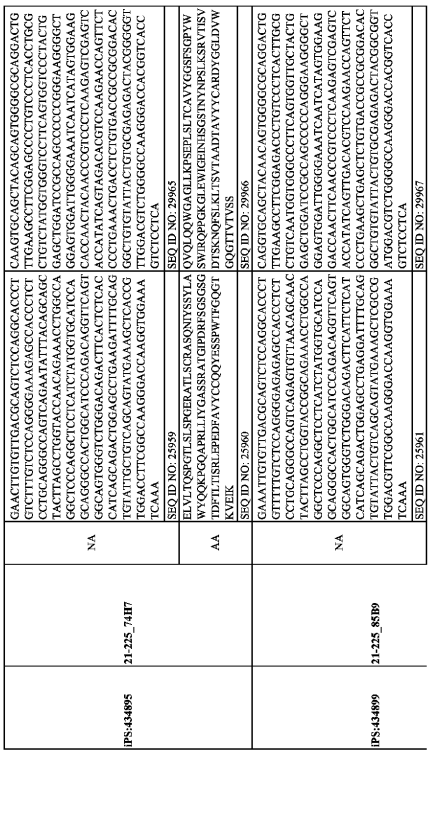
【図５０－６１５】



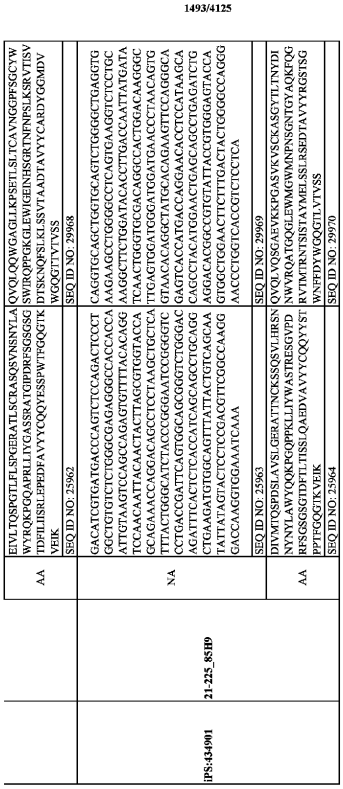
【図５０－６１６】



【図５０－６１７】

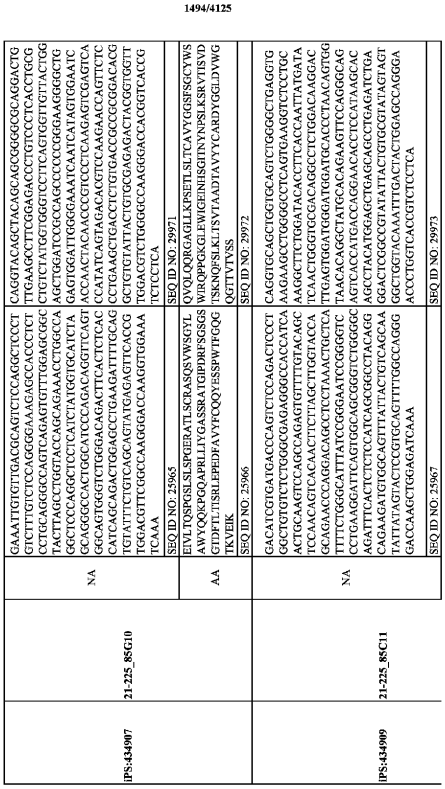


【図５０－６１８】



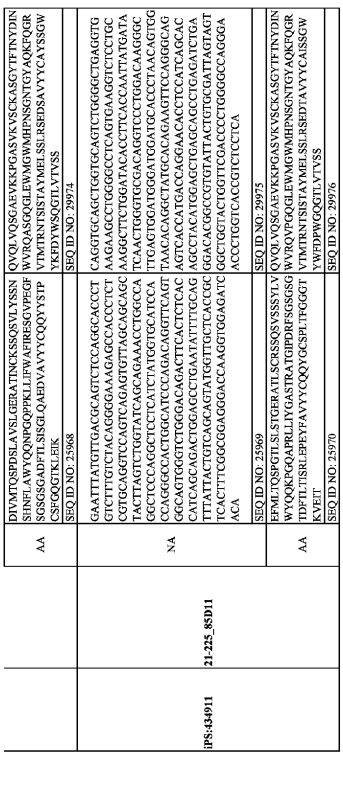
		AA	EIVLTQSPGTLFLSPGERATLSCRASQSVNSNYLA WYRQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG TDFILIISRLEPEDFAVYYCQQYESSPWTFGQGTK VEIK	QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVNGGPFSGCYW SWIRQPPGKGLEWIGEINHSGRTNFNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGGMDV WGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 25962	SEQ ID NO: 29968
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ATTGTAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGG TCCAACAATTACAACTACTTAGCGTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTATAGTACTCCTCCGGCGCCAAGG GACCAAGGTGGAAATCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTGACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGAATCCCTAACAGTG GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA GAGTCACCATGACCGAGGAACACCTCCATAAGCA CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGGGAGTACCA GTGGCTGGAACTCTTTGACTACTGGGGCCAGGG AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25963	SEQ ID NO: 29969
iPS:434901	21-225_85H9		DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHRSN NYNYLAWYQQKPQQPPKLLIYWASTRESGVPD RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYST PPTFGQGTKVEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTLTNYDI NWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQG RVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGSTSG WYFDYWGQGTLVTVSS
		AA		
			SEQ ID NO: 25964	SEQ ID NO: 29970

【図５０－６１９】



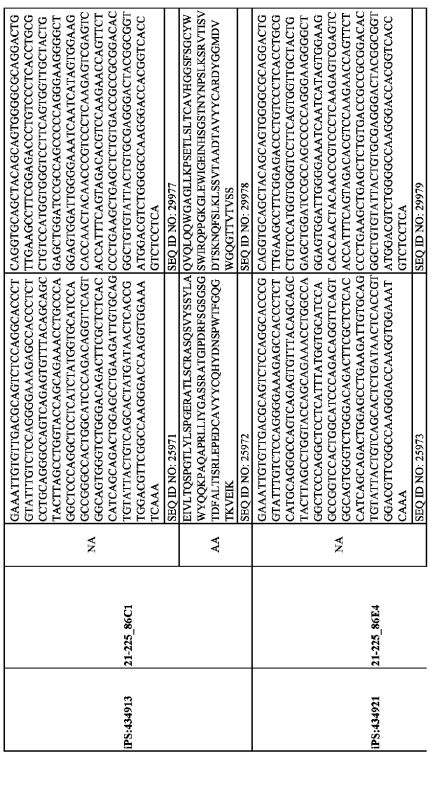
		AA		CAGGTACAGCTACAGCAGCAGGGGCGCAGGACTG GTCTTTGTCCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTTGGAGCGGC TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCC GGCAGTGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTC ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGAGAGTTCCGG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCACGGTCACC TCAAA
			SEQ ID NO: 25965	SEQ ID NO: 29971
iPS:434907	21-225_85G10		EIVLTQSPGSLSLSPGERATLSCRASQSVWSGYL AWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS GTDFTLIISRLEPEDFAVYYCQQYESSPWTFGQG TKVEIK	QVQLQQRGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGCYWS WIRQPPGKGLEWIGEINHSGFTNYNPSLKSRVTISVD TSKNQFSLKLISVTAADTAVYYCARDYGGLDYWG QGTTVTVSS
		AA		
			SEQ ID NO: 25966	SEQ ID NO: 29972
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT GTCATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCC AGCAGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTATGCTA TCAACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCAACGCTAACAATG GTAACACAGTCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA GAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGCA CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT GAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGA TCCAACTACGACTACTTTGACTACTGGGGCCAG GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25967	SEQ ID NO: 29973
iPS:434909	21-225_85C11			

【図５０－６２０】



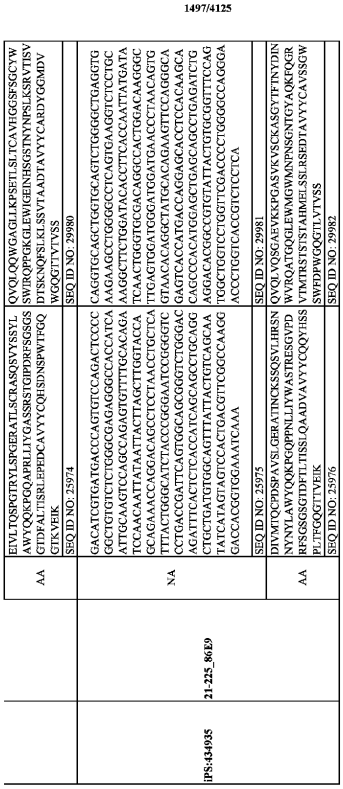
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN SHNFLAWYQQNPGQPPKLLIFWASTRESGVPEGF SGSGSGADFTLSISGLQAEDVAVYYCQQYYSTP CSFGQGTKLEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQASGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDSAVYYCAYSSGW YKFDYWSQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 25968	SEQ ID NO: 29974
		NA	GAATTTATGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTTGCAGCTAGTCTGGACTCCTGAGGTG GTCTTTGTCTACAGGGGAAAGAGCCACCCTCT AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGTTGGTCTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA AAGGCTTCTGGATACACCTTGACCAATTATGATA GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCC TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC GCCGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT CCTGAAGCCTGAGCCTGAAGATTTTGCAG GGCAGTGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTC ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGAGAGTTCACCG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTATGCTA TCAACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCAACGCTAACAATG GTAACACAGTCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA GAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGCA CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT GAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGA TCCAACTACGACTACTTTGACTACTGGGGCCAG GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25969	SEQ ID NO: 29975
iPS:434911	21-225_85D11		EPMLTQSPGTLSLSTGERATLSCRSSQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPDRFSGSGSG TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLTFGGGT KVEIT	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQVPGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAUSSGW YWFDPWGQGTLVTVSS
		AA		
			SEQ ID NO: 25970	SEQ ID NO: 29976

【図５０－６２１】

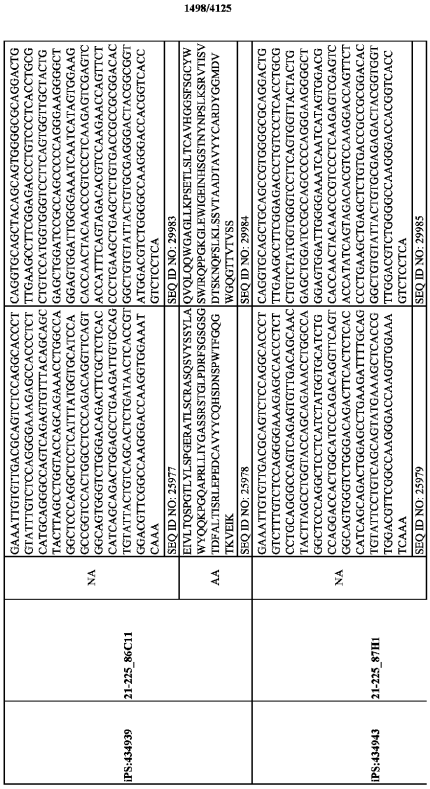


		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT GTCATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTGGAGCGGC TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCC GGCAGTGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTATGCTA TCAACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCAACGCTAACAATG GTAACACAGTCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA GAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGCA CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT GAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGA TCCAACTACGACTACTTTGACTACTGGGGCCAG GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 25971	SEQ ID NO: 29977
iPS:434913	21-225_86C1		EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVYSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG TDFALTISRLEPEDFAVYYCQHYDNSPWTFGQG TKVEIK	QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVKGGSFSGCYW SWIRQPPGKGLEWIGEINHSGTTNYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGGMDV WGQGTTVTVSS
		AA		
			SEQ ID NO: 25972	SEQ ID NO: 29978
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CATGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCC TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCC GCCGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGTG TGTATTACTGTCAGCAGTATGATACCCTGCCG TTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA	CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CTGCAAGGCCAGTCAGAGTGTTGGAGACGC TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCC GAGCTGGACTCCCGCCAGCGGTATCCCT GACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA GACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGC CTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTCAGCA GTATGATACCCTGCCGTTCGGCCAAGGGACC AAGGTGGAAATCAAA
iPS:434921	21-225_86E4			
			SEQ ID NO: 25973	SEQ ID NO: 29979

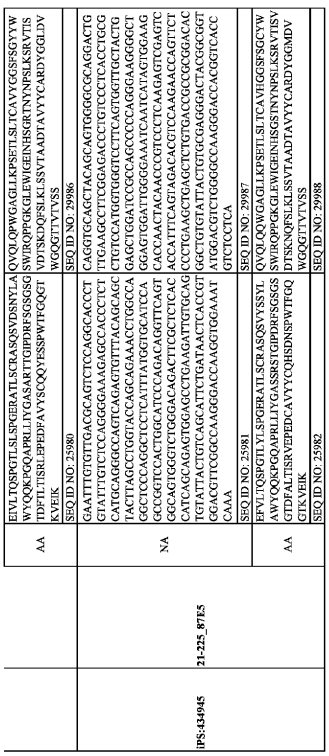
【図５０－６２２】



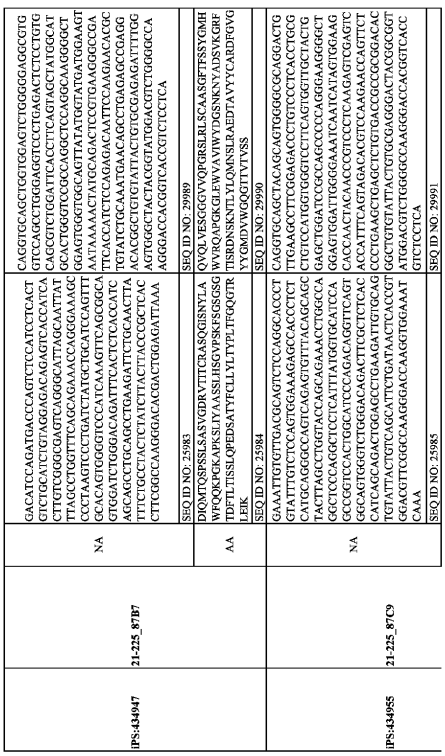
【図５０－６２３】



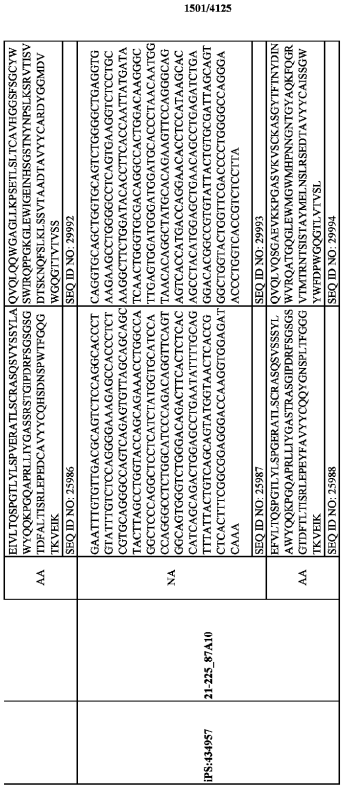
【図５０－６２４】



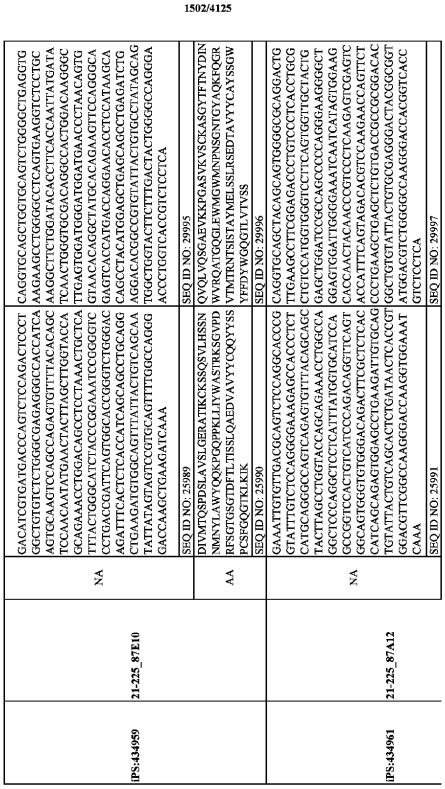
【図５０－６２５】



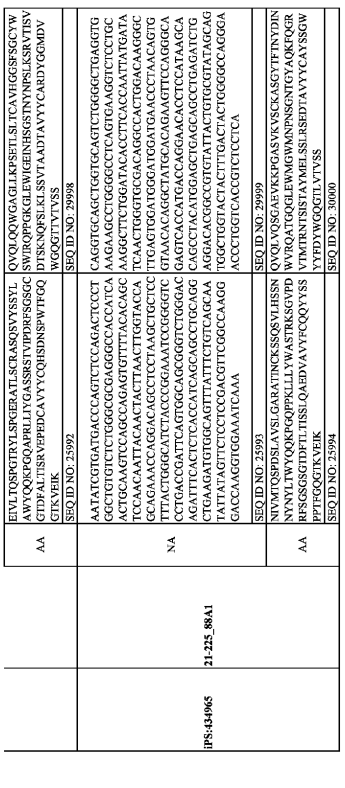
【図５０－６２６】



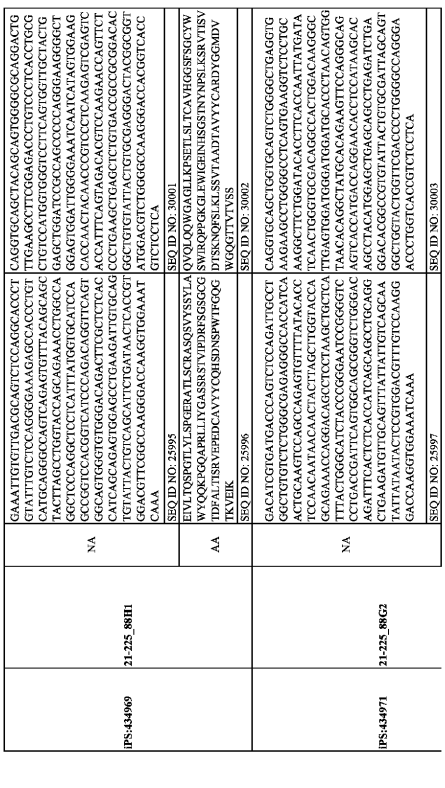
【図５０－６２７】



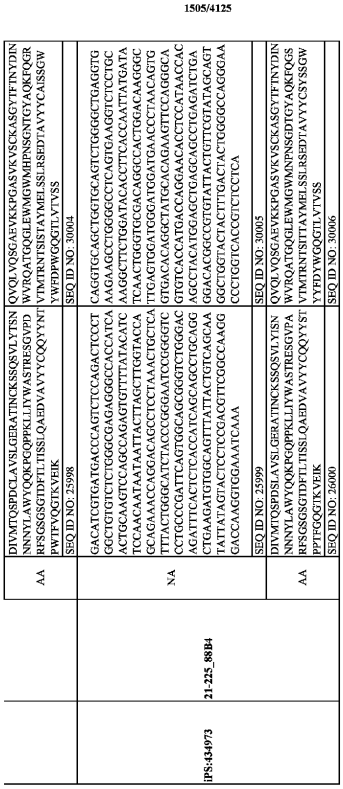
【図５０－６２８】



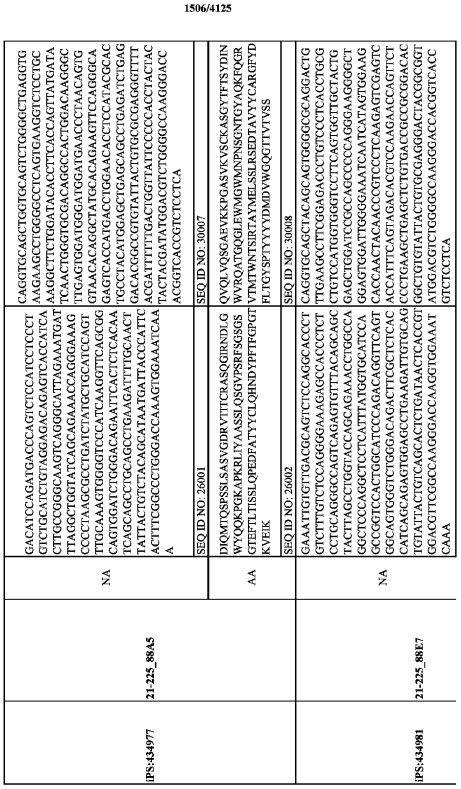
【図５０－６２９】



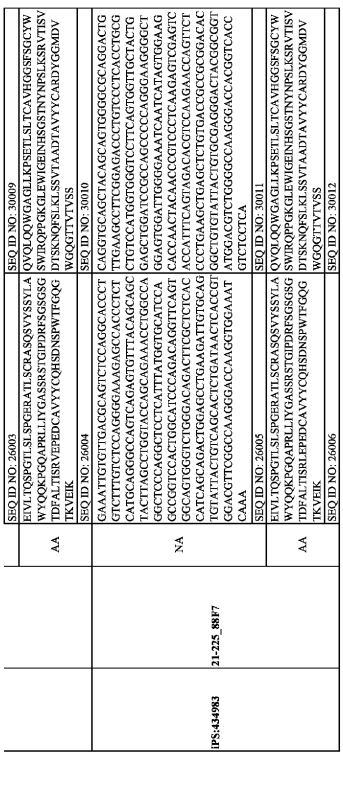
【図５０－６３０】


1505/4125
FIGURE 50
iPS:434973
21-225_88B4
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYTSN
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYNT
PWTFVQGTKVEIK
SEQ ID NO: 25998
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGATGTTTTATACAITC
TCCAACAATAATTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTC
CCTGCCCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTTGGCAGTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTCCGACGTTCGGCCAAGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 25999
NA
GTGACACAGGCTATGCACAGAAAGTTCCAGGCA
GTGTCACCATGACCAGAGAACACCTCCATAACAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA
GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCTACAGCAGT
GGCTGGTACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26000
iPS:434981
21-225_88E7
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARDYGW
YWFDPWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30004
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCSTYSSW
YTFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30006
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
GTCTGCTCTGTAGGGAGACAGAGTCCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAGCAGCATAATGATTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26001
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGAATCAACCCTAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGCA
TGCCTACATTGGACTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGTGCGACAAGGGT
TACTATGATTTTTGACTGGTATTCTCCCCACCTAC
TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
SEQ ID NO: 26002
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC
TGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
TATATGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAA
GGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAAC
AGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAG
GGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATA
AGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGA
TCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAG
AGTTTTTGACTGGTACTTCGATCTCTGGGGCCGT
GGCACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26003
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGACCACCCTCT
CATGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCACAGGCTCCTCATTTATGGTGCATCCA
GCCGGTCCACTGGCATCTCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCGCCTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGT
GTATTACTGTCAGCACTCTGATTACTCACCGTT
GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26004
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGCTACTG
GACTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC
AGGCTGGATCTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCA
TCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTT
TATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26005
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26006
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAACGCCTGG
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTTGGCCGTATTAAAAGCAAAACT
GATGGTGGGACAACAGACTACGCTGCACCCGTG
AAAGGCAGATTCACCATCTCAAGAGATGATTCA
AAAAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTG
AAAACCGAGGACACAGCCGTGTATTACTGTACCA
CAGATTACTACGGTTCGGGGAGTTATTATAACT
ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGA
CCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26007
NA
GAAATTGTGTTGACACAGTCTCCAGCCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT
CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAGG
GCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGT
GGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGC
AGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGTTTATTAC
TGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCTCACTTTC
GGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26008
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGAAGCCTTCGGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGCTACTG
GAGCTTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGATTGGGCGTATCTATCCTAGTGGGAGT
ACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC
ACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT
CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC
GGCTGTGTATTACTGTGCGAGGGACTACGGCGGT
ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26009
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGAATCAACCCTAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGCA
GTGTCACCATGACCAGAGAACACCTCCATAACAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA
GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCTACAGCAGT
GGCTGGTACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30005
NA
GTGACACAGGCTATGCACAGAAAGTTCCAGGCA
GTGTCACCATGACCAGAGAACACCTCCATAACAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCTACAGCAGT
GGCTGGTACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30006
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30007
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAGCAGCATAATGATTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26010
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGAATCAACCCTAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGCA
GTGTCACCATGACCAGAGAACACCTCCATAACAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCTACAGCAGT
GGCTGGTACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30010
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGCTACTG
GACTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC
AGGCTGGATCTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCA
TCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTT
TATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 30011
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30012
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGCTACTG
GACTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC
AGGCTGGATCTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCA
TCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTT
TATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 30013
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30014
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT
CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAGG
GCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGT
GGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGC
AGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGTTTATTAC
TGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCTCACTTTC
GGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA
SEQ ID NO: 30015

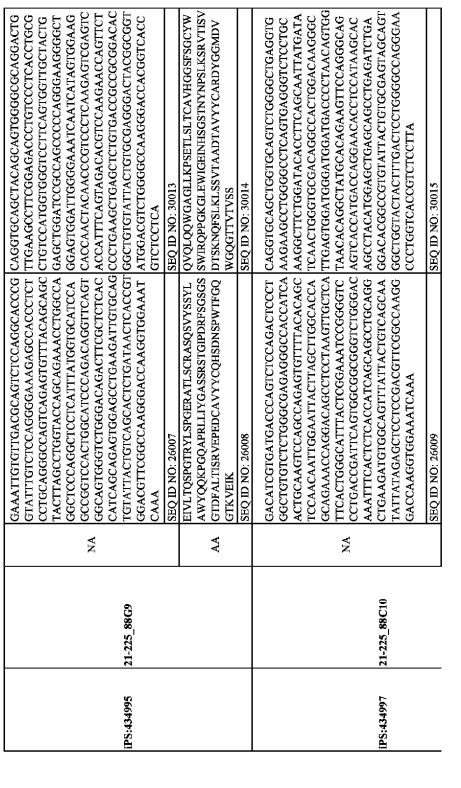
【図５０－６３１】


1506/4125
FIGURE 50
iPS:434977
21-225_88A5
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNDYPFTFGPGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26001
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAGCAGCATAATGATTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26002
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGCCACCCTT
TTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
TATATGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAA
GGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAAC
AGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAG
GGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATA
AGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGA
TCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAG
AGTTTTTGACTGGTACTTCGATCTCTGGGGCCGT
GGCACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26003
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGACCACCCTCT
CATGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCACAGGCTCCTCATTTATGGTGCATCCA
GCCGGTCCACTGGCATCTCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCGCCTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGT
GTATTACTGTCAGCACTCTGATTACTCACCGTT
GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26004
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGCTACTG
GACTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC
AGGCTGGATCTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCA
TCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTT
TATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26005
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAACGCCTGG
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTTGGCCGTATTAAAAGCAAAACT
GATGGTGGGACAACAGACTACGCTGCACCCGTG
AAAGGCAGATTCACCATCTCAAGAGATGATTCA
AAAAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTG
AAAACCGAGGACACAGCCGTGTATTACTGTACCA
CAGATTACTACGGTTCGGGGAGTTATTATAACT
ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGA
CCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26011
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26012
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26013
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26014
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26015

【図５０－６３２】


1507/4125
FIGURE 50
iPS:434983
21-225_88B7
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRSTGIPDRFSGSGSG
TDFALTISRLEPEDCAVYYCQQHSDNSPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26003
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
ACTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATTTATGGTGCATCCA
GCCGGTCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCA
TCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTG
TATTACTGTCAGCACTCTGATTACTCACCGTT
GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26004
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG
TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CATGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGCTACTG
GACTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC
AGGCTGGATCTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCA
TCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTT
TATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26005
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAACGCCTGG
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTTGGCCGTATTAAAAGCAAAACT
GATGGTGGGACAACAGACTACGCTGCACCCGTG
AAAGGCAGATTCACCATCTCAAGAGATGATTCA
AAAAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTG
AAAACCGAGGACACAGCCGTGTATTACTGTACCA
CAGATTACTACGGTTCGGGGAGTTATTATAACT
ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGA
CCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26006
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTG
AAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGT
AAGGGTTCCGGATACAGCTTTACCAGCTACTGG
ATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGC
CTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGAC
TCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGC
CAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC
ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCC
TCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACAT
CGTGACTACGTAGGGGCCTTTGACTACTGGGGC
CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCTTA
SEQ ID NO: 26009

【図５０－６３３】


1508/4125
FIGURE 50
iPS:434997
21-225_88C10
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRSTGIPDRFSGSGS
GTDFALTISRVEPEDCAVYYCQHSDNSPWTFGQ
GTKVEIK
SEQ ID NO: 26008
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGATGTTTTATACATTC
TCCAACAATAATTACTTAGCTTGGTACCAGCAG
AAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCATTTAC
TGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTCCCTGAC
CGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTT
CACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAG
ATGTTGCAGTTTATTACTGTCAGCAACAGTAT
TATAGTACTCCTCCGACGTTCGGCCAAGGGAC
CAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26010
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGATGTTTTATACATTC
TCCAACAATAATTACTTAGCTTGGTACCAGCAG
AAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCATTTAC
TGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTCCCTGAC
CGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTT
CACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAG
ATGTTGCAGTTTATTACTGTCAGCAACAGTAT
TATAGTACTCCTCCGACGTTCGGCCAAGGGAC
CAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26011
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAGCAGCATAATGATTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26012
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAGCAGCATAATGATTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26013
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAGCAGCATAATGATTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26014
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAGCAGCATAATGATTACCCGCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26015

10

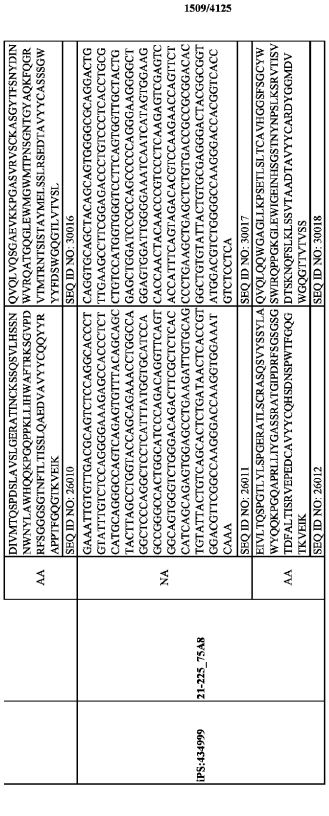
20

30

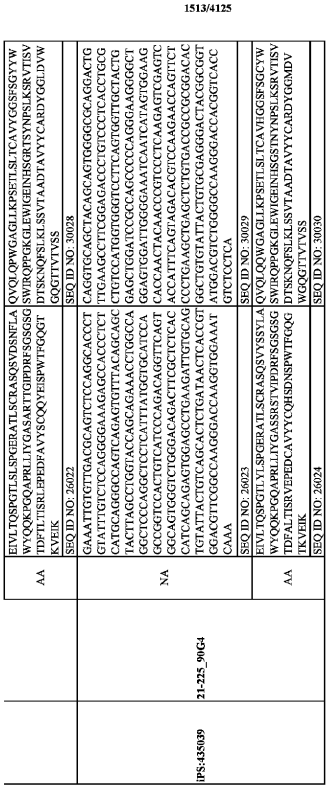
40

50

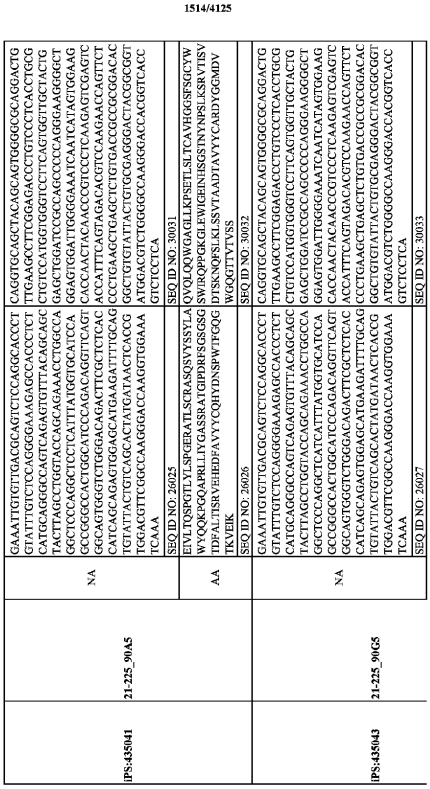
【図５０－６３４】


1509/4125
FIGURE 50
IPS:434999
21-225_75A8
AA
NA
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN NWNYLAWHQQKSPQQPPKLLIHWAFTRKSGVPD RFSGGGSGTNFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYR APPTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26010
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CATGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTTACAGCAAC TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCTCCCAGGCTCCTCATTTATGGTGCATCCA GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGAAAGCTCAGTG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26011
EIVLTQSPGTLYLSPGERATLSCRASQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASRATGIPDRFSGSGSG TDFALTISRLEPEDFAVYYCQHYDNSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26012
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26013
DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSSGY NYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFS GSGSGTDFTLKISRVEAEDIGVYYCMQALHIPLT FGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26014
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMH WVRQAPGKGLEWVSAIGTAGDTYYPGSVKGRFTIS RENAKNSLYLQMNSLRAGDTAVYFCARALDYWGQG TLVTVSS
SEQ ID NO: 26015
GATATTGTTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTA GTGGATACAACTATTTGGATTGGTACCTGCAG AAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA TTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTG TTTACACTGAAAATCAGCAGGTGGAGGCTGA GGATATTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGCT ACAAGTTCCGCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTG GAGATCAAA
SEQ ID NO: 26016
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CATGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTTACAGCAAC TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCTCCCAGGCTCCTCATTTATGGTGCATCCA GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGAAAGCTCAGTG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26017
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVNSNYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASRATGIPDRVSGSGS GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYDTSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26018
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGCTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCCGGTCCACTGTCATCCCAGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGAAAGCTCAGTG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26019
EIVLTQSPGTLYLSPGERATLSCRASQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG TDFALTISRVEPEDFAVYYCQHSDNSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26020
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCGGGGCGCAGGACTG GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGAAAGCTCAGTG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26021
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG CACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC GGCTGTGTATTACTGTGCGAGGGACTACGGCGGT ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26022
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG CACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC GGCTGTGTATTACTGTGCGAGGGACTACGGCGGT ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26023
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVNSNYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASRATGIPDRVSGSGS GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYDTSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26024
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTGCTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCCGGTCCACTGTCATCCCAGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGAAAGCTCAGTG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26025
EIVLTQSPGTLYLSPGERATLSCRASQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG TDFALTISRVEPEDFAVYYCQHSDNSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26026
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCGGGGCGCAGGACTG GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGAAAGCTCAGTG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26027
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG CACCAGCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC GGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATTTGGACAG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26028
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG TDFALTISRVEPEDFAVYYCQQYDTSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26029
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG CACCAGCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC GGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATTTGGACAG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26030
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG TDFALTISRVEPEDFAVYYCQQYDTSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26031
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG CACCAGCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC GGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATTTGGACAG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26032
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG TDFALTISRVEPEDFAVYYCQQYDTSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26033
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG GTATTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CTGTCCATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAG CACCAGCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC ACCATTTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCT CCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACAC GGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATTTGGACAG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26034
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG TDFALTISRVEPEDFAVYYCQQYDTSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26035
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26036
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26037
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26038
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26039
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26040
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26041
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26042
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26043
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26044
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26045
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26046
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26047
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26048
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26049
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26050
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26051
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26052
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26053
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26054
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26055
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26056
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26057
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26058
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26059
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26060
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26061
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAGAGCTCTTGACTAC GGTGACTCCTTGGGGCTACTACTACTACGGTATG GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTC CTCA
SEQ ID NO: 26062
GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTACGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGCTACAGGAAAAGGTCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTGGTACTGCTGGTGAC ACATACTATCCAGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCA CCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACTCCTTGTA TCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCTGTGTATTTCTGTGCAAG

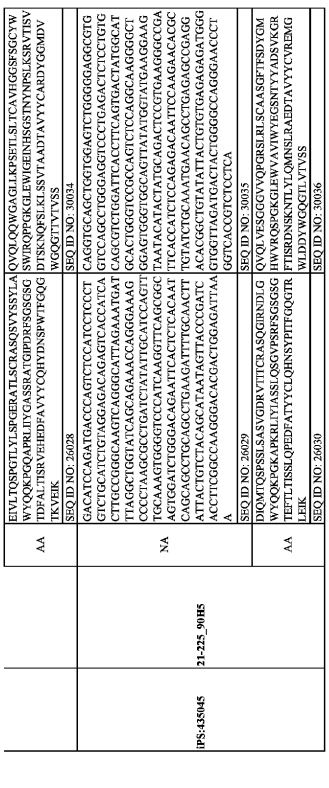
【図５０－６３８】



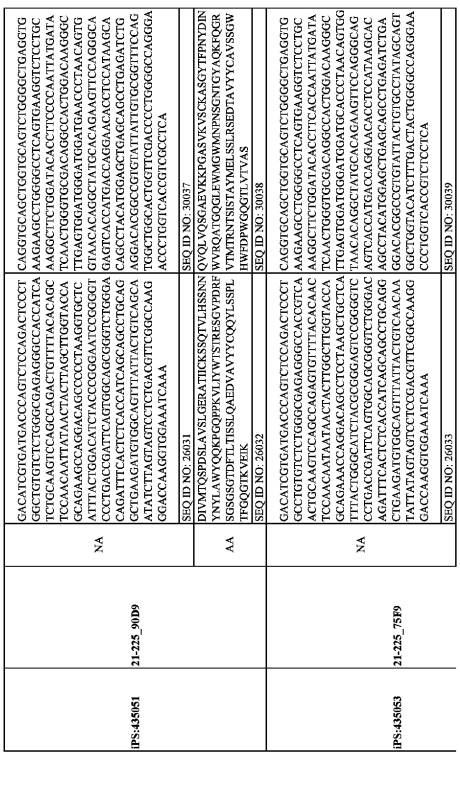
【図５０－６３９】



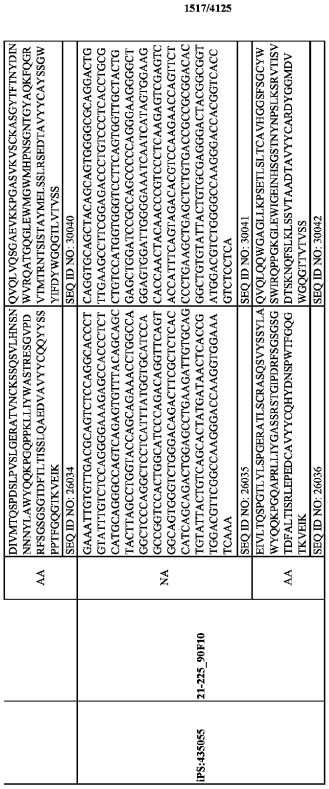
【図５０－６４０】



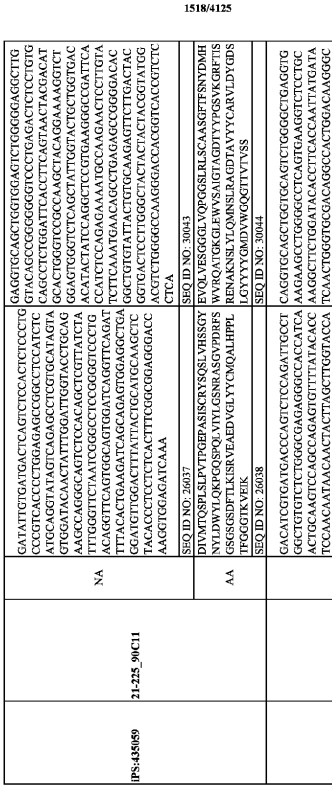
【図５０－６４１】



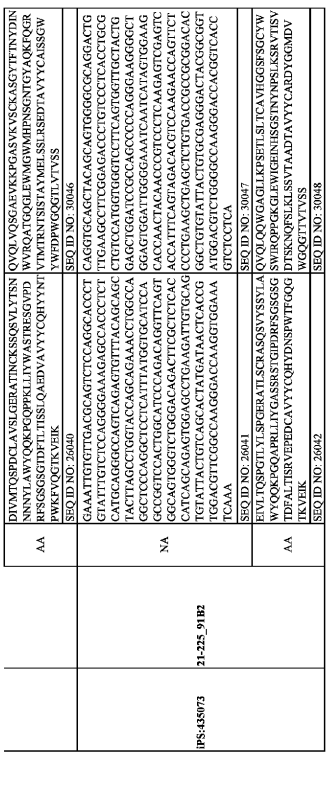
【図５０－６４２】



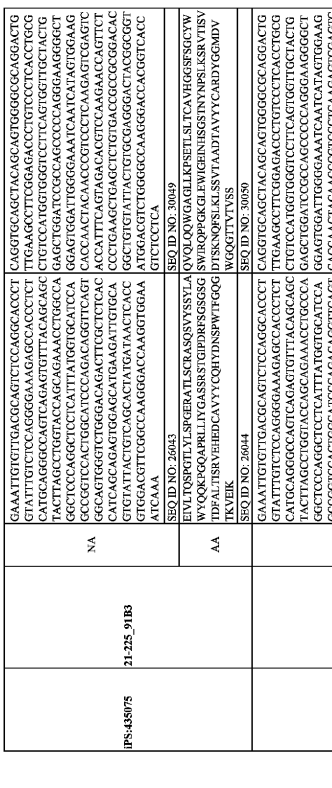
【図５０－６４３】



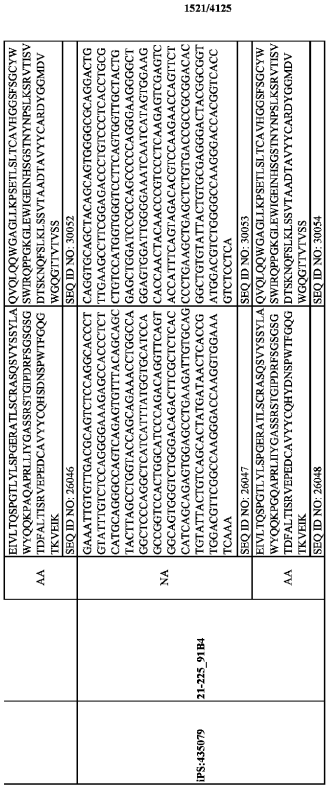
【図５０－６４４】



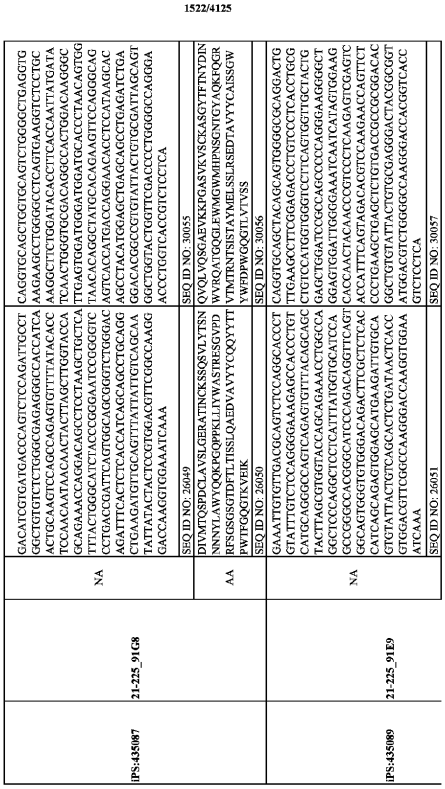
【図５０－６４５】



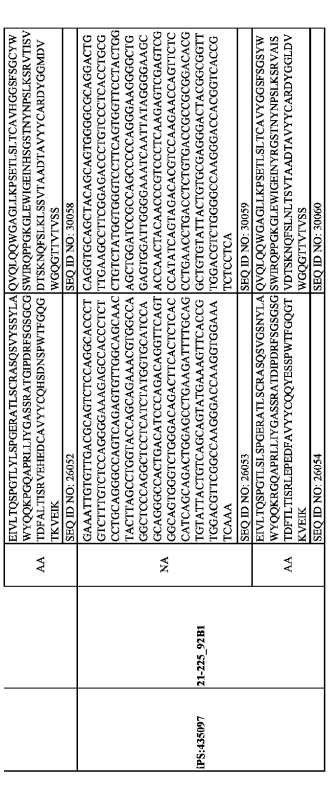
【図５０－６４６】



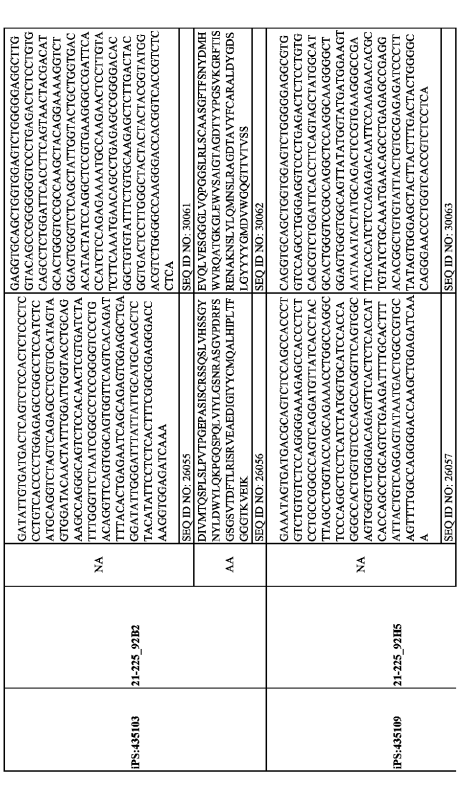
【図５０－６４７】



【図５０－６４８】



【図５０－６４９】



10

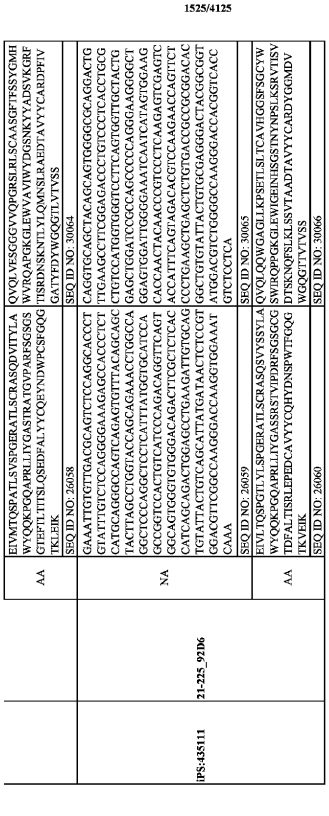
20

30

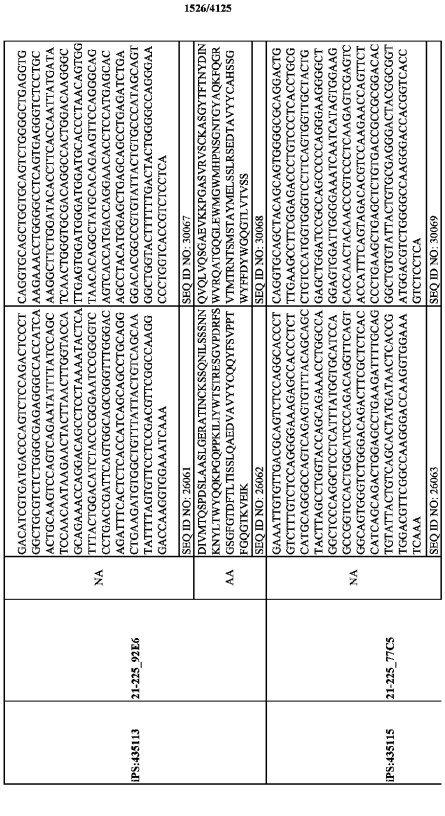
40

50

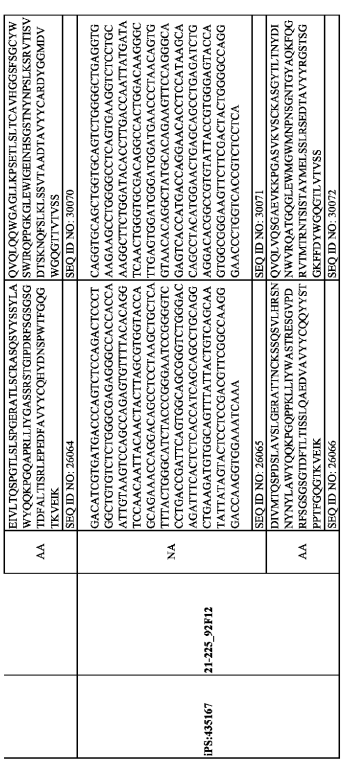
【図５０－６５０】



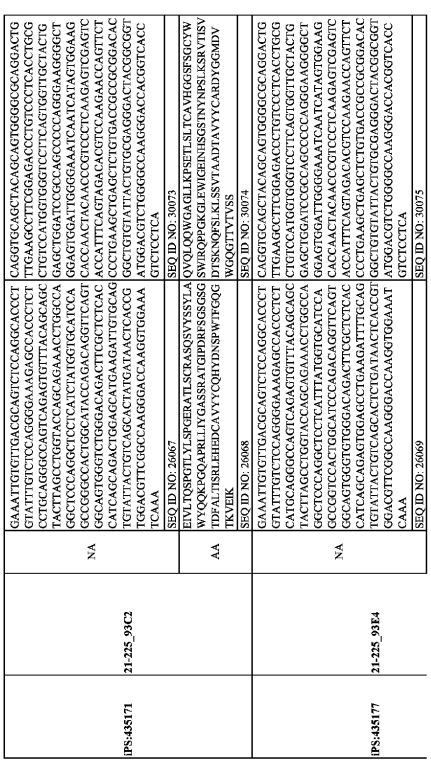
【図５０－６５１】



【図５０－６５２】



【図５０－６５３】



10

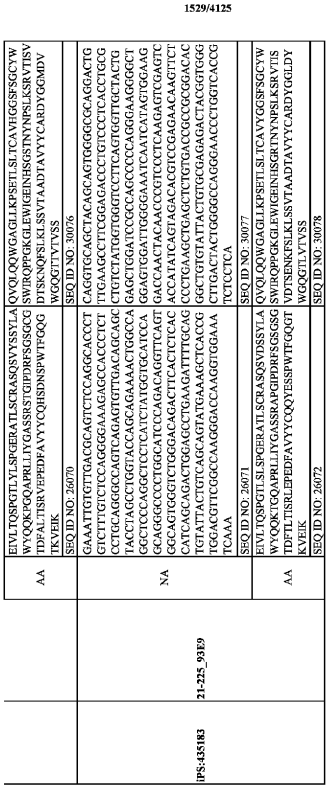
20

30

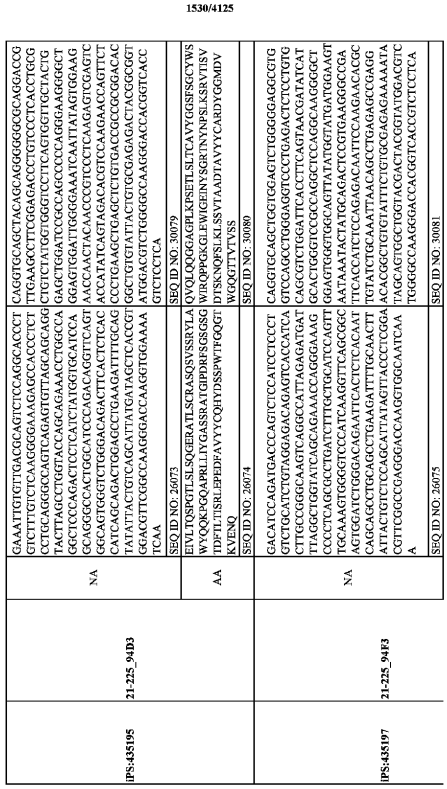
40

50

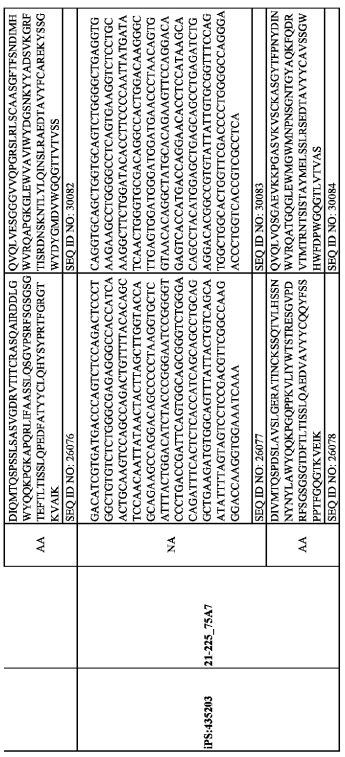
【図５０－６５４】



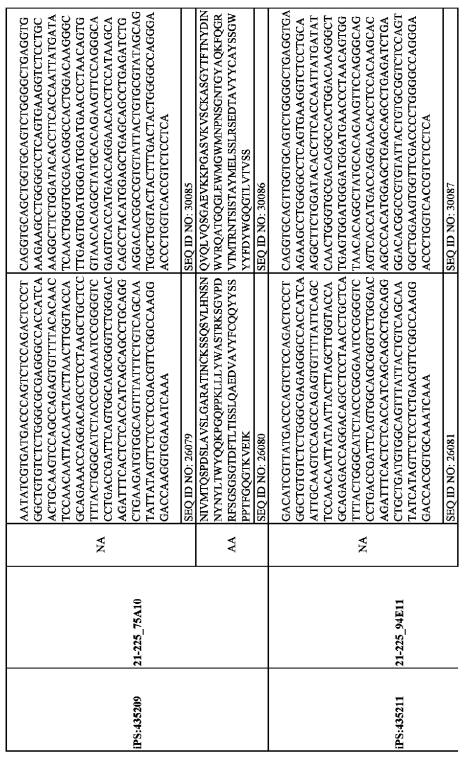
【図５０－６５５】



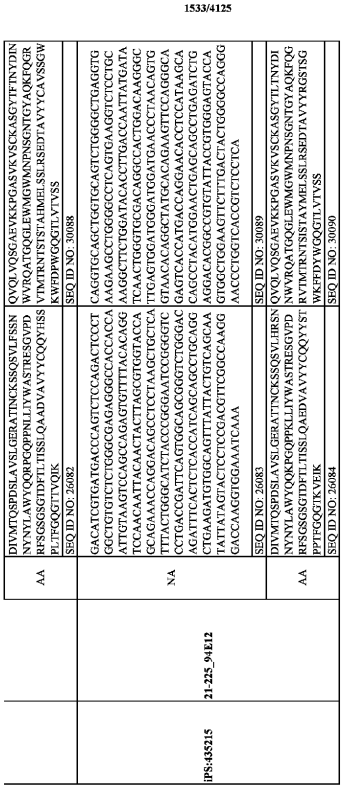
【図５０－６５６】



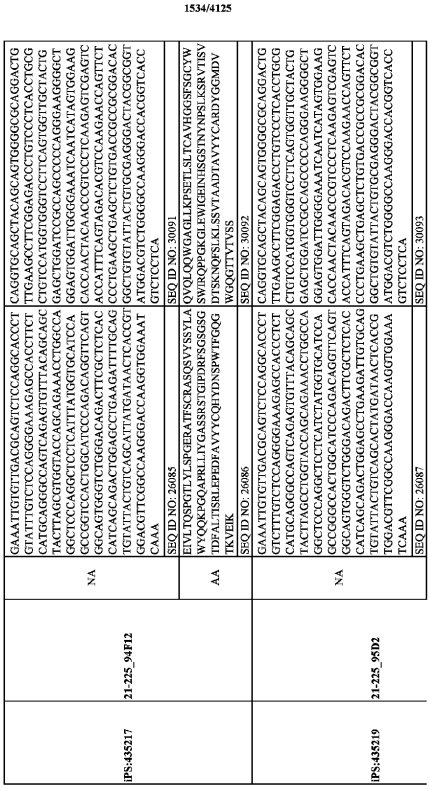
【図５０－６５７】



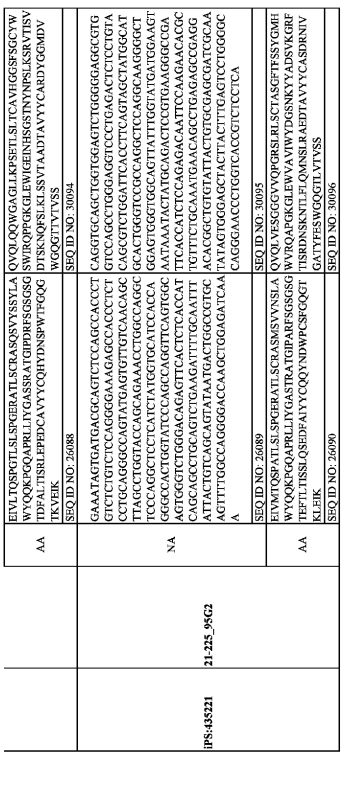
【図５０－６５８】



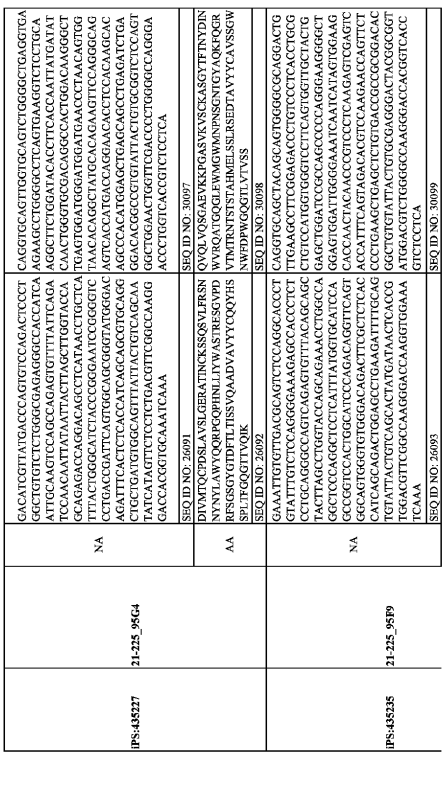
【図５０－６５９】



【図５０－６６０】



【図５０－６６１】



10

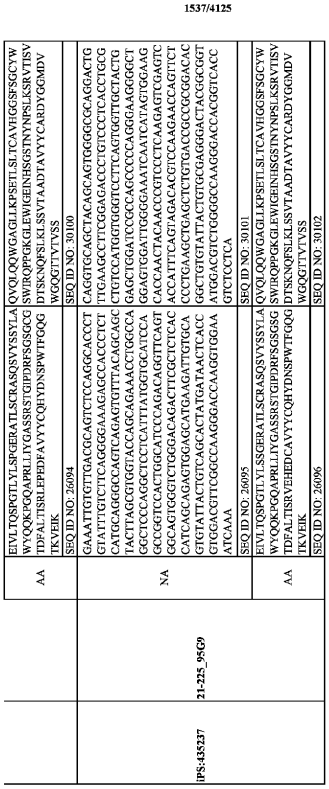
20

30

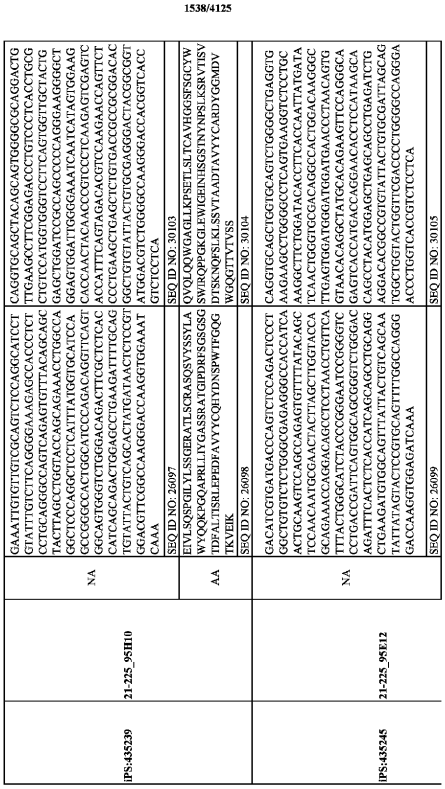
40

50

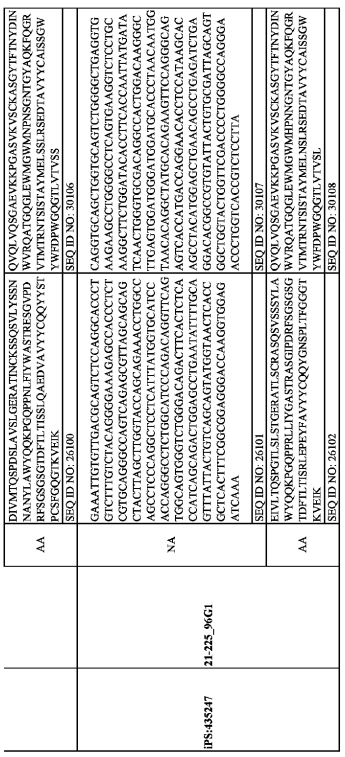
【図５０－６６２】



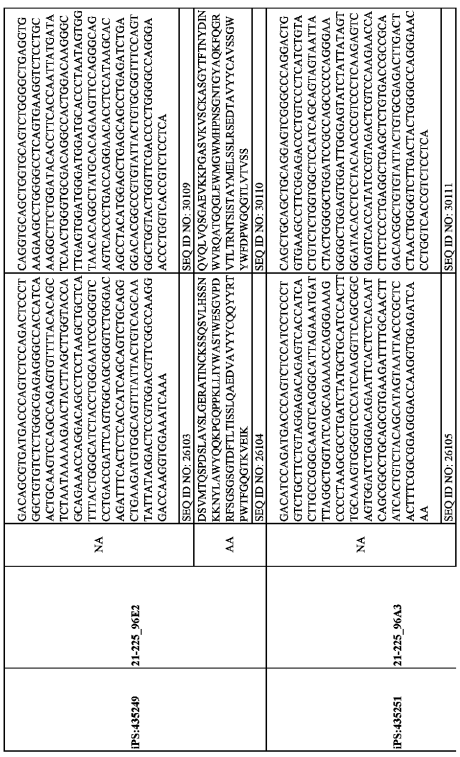
【図５０－６６３】



【図５０－６６４】



【図５０－６６５】



10

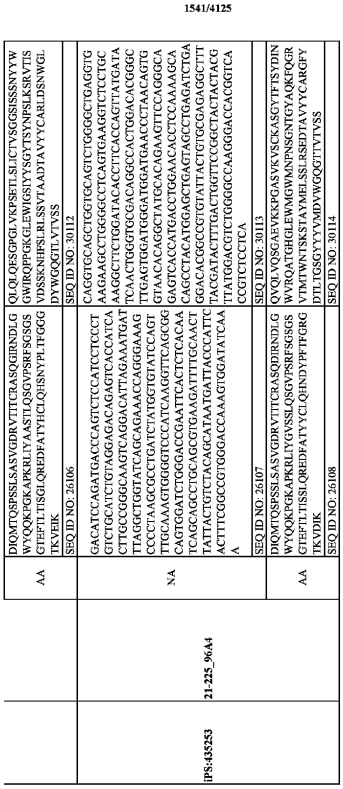
20

30

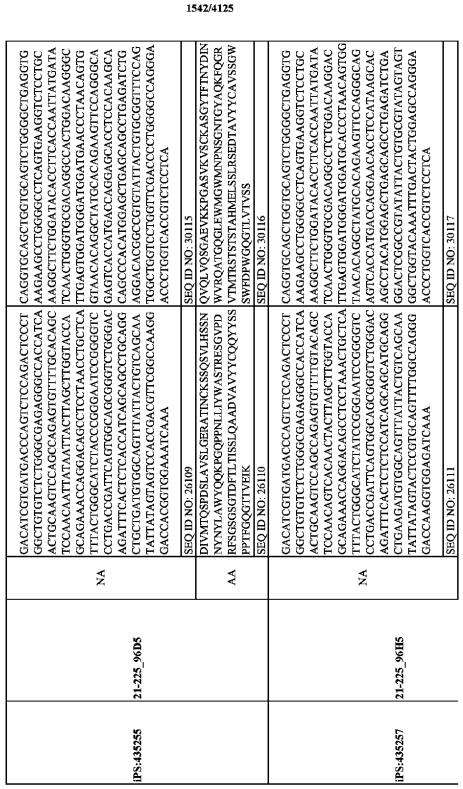
40

50

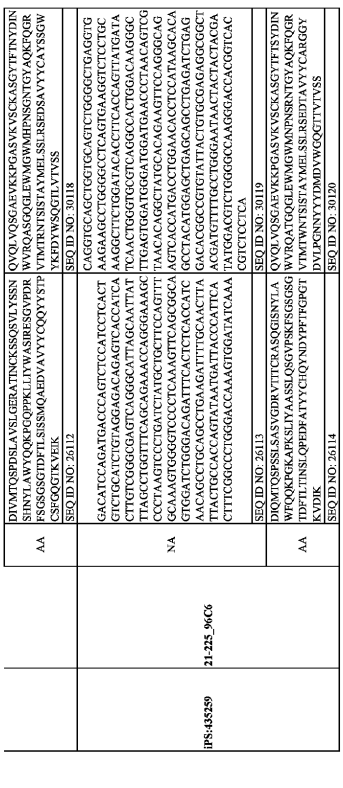
【図５０－６６６】


1541/4125
FIGURE 50
iPS:435253
21-225_96A4
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASTLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISGLQREDFATYHCLQHSNYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26106
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACCGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATGATTACCCATTC
ACTTTCGGCCGTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 26107
iPS:435255
21-225_96D5
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDINDLG
WYQQKPGKAPKRLITGVSSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQREDFATYYCLQHNDYPFTFGRG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26108
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTGCACAGC
TCCAACAATTATAATTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGCTGATGTTGGCACTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTAGTCCACCGACGTTCGGCCAAGG
GACCACGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26109
iPS:435257
21-225_96H5
AA
NA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NYNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSS
PPTFGQGTTVEIK
SEQ ID NO: 26110
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTGCACAGC
TCCAACTGGGTGCAGCAGAAACCAGGACAGCC
TCCAACAGTCACTTTGACTCCGGCTACTACTAC
TTCATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGT
CACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26111
QLQLQESGPGLVKPSETLSLICTVSGGSISSSNYYW
GWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGYTSYNPSLKSRVTIS
VDSSKNHFSLRLSSVTAADTAVYYCARLDSNWGL
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30112
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
GAGTCACCATGACCTGGAACACCTCCATAAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGTAGCCTGAGATCTG
AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGCTT
TACGATACTTTTGACTGGTTCCGGCTACTACTAC
TTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCA
CCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30113
iPS:435253
21-225_96A4
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDINDLG
WYQQKPGKAPKRLITGVSSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQREDFATYYCLQHNDYPFTFGRG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26108
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQG
RVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGFY
DTLTGSGYTYVMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30114

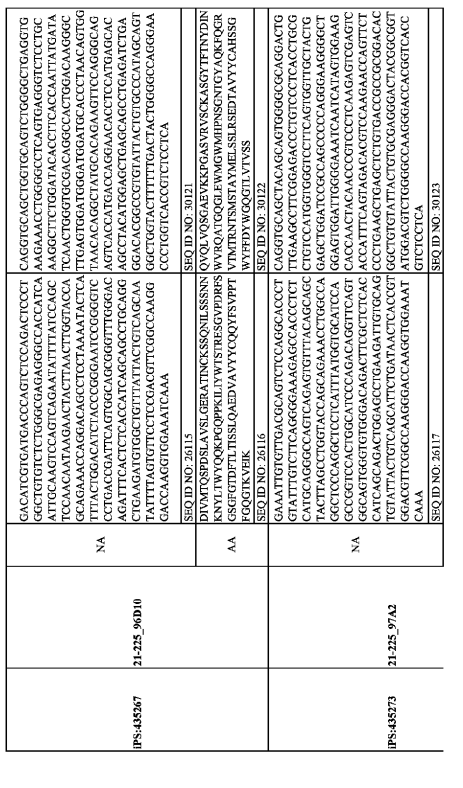
【図５０－６６７】


1542/4125
FIGURE 50
iPS:435255
21-225_96D5
AA
NA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NYNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSS
PPTFGQGTTVEIK
SEQ ID NO: 26109
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQG
RVTMTRSTSTSTAHMELSSLRSEDTAVYYCAVSSGW
SWFDVWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30116
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
CAGCCCACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGGTTTCCAG
TGGCTGGTCCTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30115
iPS:435257
21-225_96H5
AA
NA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NYNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSS
PPTFGQGTTVEIK
SEQ ID NO: 26110
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTGCACAGC
TCCAACTGGGTGCAGCAGAAACCAGGACAGCC
TCCAACAGTCACTTTGACTCCGGCTACTACTAC
TTCATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTG
ACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30116
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQG
RVTMTRSTSTSTAHMELSSLRSEDTAVYYCAVSSGW
SWFDVWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30117

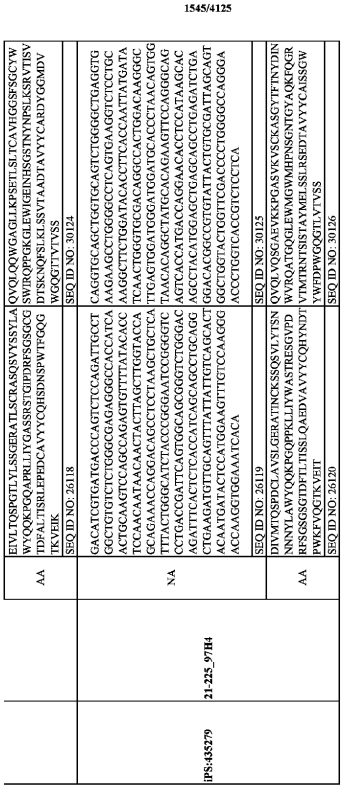
【図５０－６６８】


1543/4125
FIGURE 50
iPS:435259
21-225_96C6
AA
NA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
SHNYLAWYQQKPGQPPQLLIYWASIRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLSISSMQAEDVAVYYCQQYYSTP
CSFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26112
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQASGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDSAVYYCAYSSGW
YKFDYWSQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30118
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCTTCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCTCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCACCAGTATAATGATTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26113
iPS:435259
21-225_96C6
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGS
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQNDYPFPGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 26114
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGGY
DVLPGNNYYYYDMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30120
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
AAGAAACCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
AGTCACCATGACCTGGAACAACCTCCATAAGCACA
GCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAGCGGCT
ATCAGTGTTTTGCCTGGGAAATCAACTACTACGA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26115
iPS:435273
21-225_97A2
AA
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ATTGCAAGTCCAGTCAGAATATTTTATTCCAGC
TCCAACAATAAGAACTACTTAACTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAAATACTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
CTGAAGATGTGGCTGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTTTAGTGTTCCTCCGACGTTCGGCCAAGGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 30121
iPS:435273
21-225_97A2
AA
NA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQNILSSSNN
KNYLTWYQQKPGQPPKLLIYWTSTRESGVPDRFS
GSGFGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYFSVPPT
FGQGTTKVEIK
SEQ ID NO: 26116
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ATTGCAAGTCCAGTCAGAATATTTTATTCCAGC
TCCAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAAATACTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
CTGAAGATGTGGCTGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTTTAGTGTTCCTCCGACGTTCGGCCAAGGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 30122
iPS:435273
21-225_97A2
AA
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTATTTGTCTCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CATGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTACAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATTTATGGTGCATCCA
GCCGGTCCCACTGGCATCTCCACAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTGTGGGACAGACTTCGCTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTGTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGT
GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
CAAA
SEQ ID NO: 26117
iPS:435273
21-225_97A2
AA
NA
ATGGACGTTCGTGGCGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30123

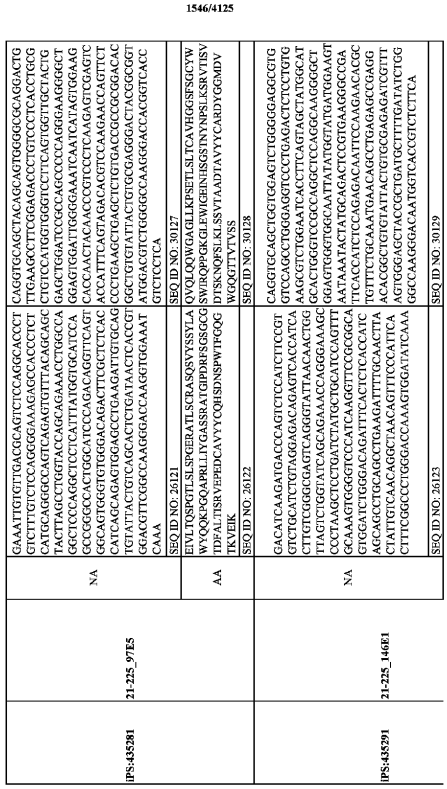
【図５０－６６９】


1544/4125
FIGURE 50
iPS:435257
21-225_96H5
AA
NA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NYNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSS
PPTFGQGTTVEIK
SEQ ID NO: 26111
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTGCACAGC
TCCAACTGGGTGCAGCAGAAACCAGGACAGCC
TCCAACAGTCACTTTGACTCCGGCTACTACTAC
TTCATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTG
ACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30117
QLQLQESGPGLVKPSETLSLICTVSGGSISSSNYYW
GWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGYTSYNPSLKSRVTIS
VDSSKNHFSLRLSSVTAADTAVYYCARLDSNWGL
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30112
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
GAGTCACCATGACCTGGAACACCTCCATAAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGTAGCCTGAGATCTG
AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGCTT
TACGATACTTTTGACTGGTTCCGGCTACTACTAC
TTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCA
CCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30113
iPS:435253
21-225_96A4
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDNDLG
WYQQKPGKAPKRLITGVSSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQREDFATYYCLQHNDYPFTFGRG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26108
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQG
RVTMTWNTSKSTIAYMELSSLRSEDTAVYYCARGFY
DTLTGSGYTYVMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30114

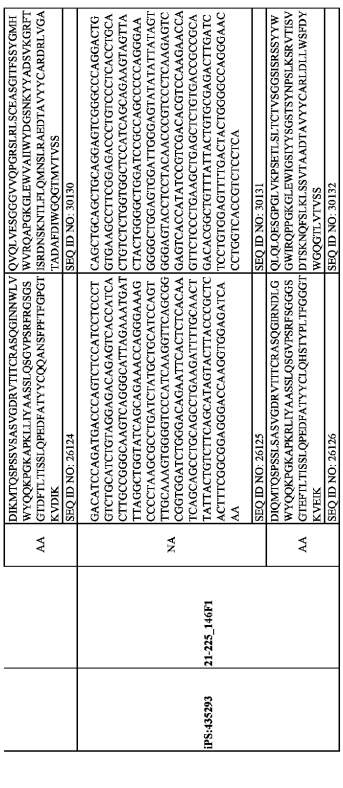
【図５０－６７０】



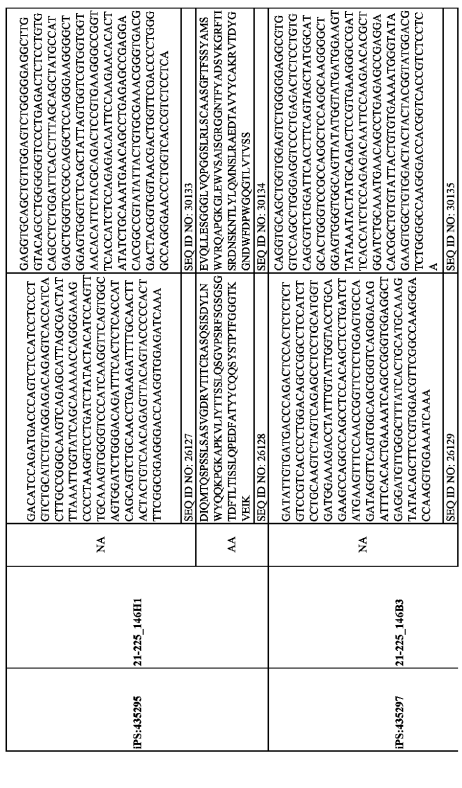
【図５０－６７１】



【図５０－６７２】



【図５０－６７３】



【図５０－６７４】

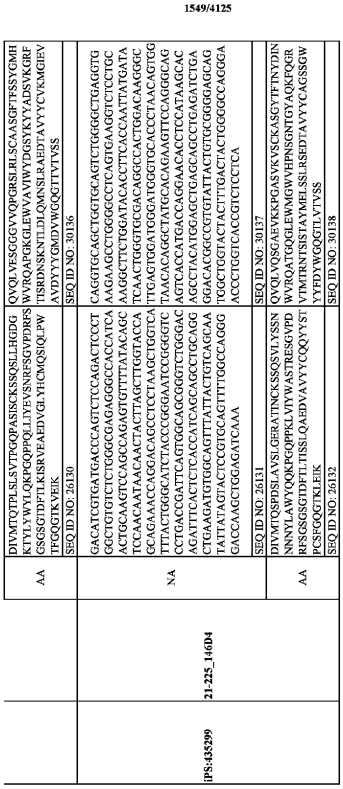
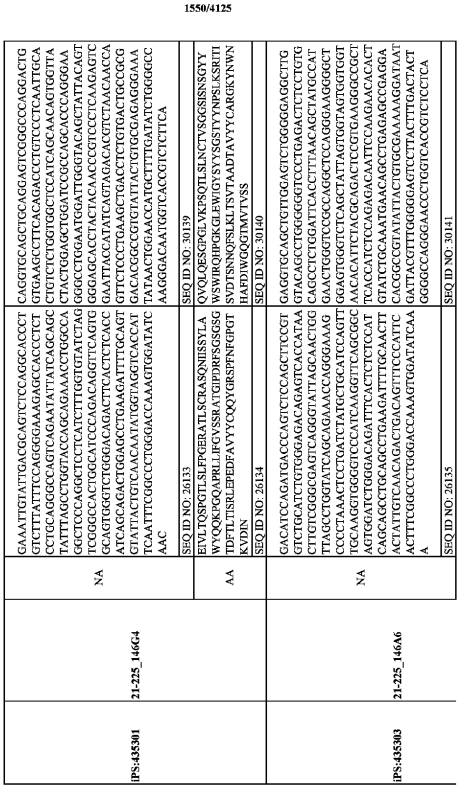
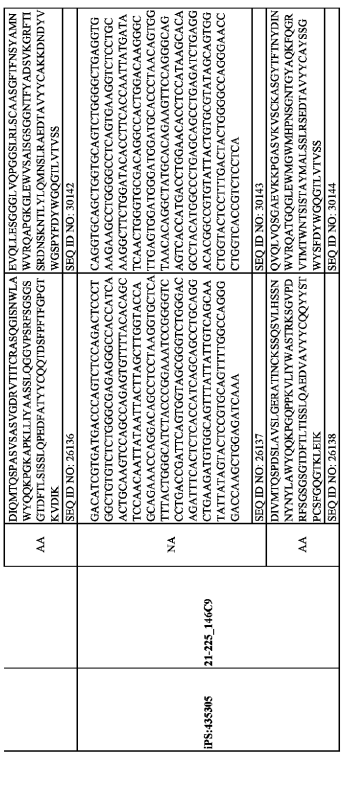

1549/4125
FIGURE 50
iPS:435299
21-225_146D4
AA
NA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHGDG KTYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGLYHCMQSIQL PW TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26130
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATACAGC TCCAACAATAACTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA CTGAAGGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTATAGTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26131
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN NNNYLAWYQQKPGQPPKLVIYWASTRESGVPD RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYST YPFTFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 26132
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSYKYYADSVKGRFT ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVKMGHEV AYDYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30136
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGCATCCTAACAGTGG TAACAACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG AGCCTCACATGGCAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGGAGGCAG TGGCTGGTACTACTTGACTACTGGGGCCAGGGA ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30137
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGSSGW YYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30138

FIGURE 50
iPS:435305
21-225_146C9
AA
NA
DIQMTQSPASVSAVGDRVTITCRASQGISNWLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQGGVPSRFSGSGS GTDFTLSISSLQPEDFATYYCQQYTSFPFTFGPGT KVDIK
SEQ ID NO: 26136
GACATCCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATACAGC TCCAACAATTATAATTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA CTGAAGGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTATAGTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26137
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN NYNYLAWYQQKPGQPPKLVLIYWASTRKSGVPD RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYST PFSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 26138
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFNSYAMN WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGNTFYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDNDYV WGSPYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26140
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSAISGRGGNTFYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKERVTDYG QNDWFDPWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30146

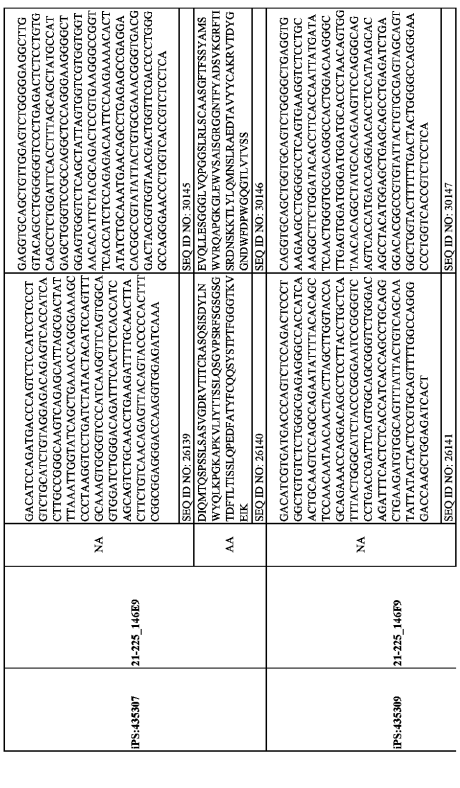
【図５０－６７５】


1550/4125
FIGURE 50
iPS:435301
21-225_146G4
AA
NA
GAAATTGTATTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT GTCTTTATTTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CCTGCAGGGCCAGTCAGAATATTATCAGCAGC TATTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GGCCTCCAGGCTCTCATCTTTGGTATTCTAG TCGGGCCACTCGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG GCAGTGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGT GTATTACTGTCAACAATATGTAGTTCCACT TCAATTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATC AAAC
SEQ ID NO: 26133
EIVLTQSPGTLSLFPGERATLSCRASQNIISSYLA WYQQKPGQAPRLLIFGVSSRATGIPDRFSGSGSG TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGRSPFNFGPGT KVDIN
SEQ ID NO: 26134
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGCCACCCT GTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT GTGAAGCCTTCACAGAGCCTGTCCTCAAATTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGCAACAGTGGTTA TGGCTGGTACCAGCAGAAACCAGGCCAGGCTCCC AGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAGGGCCA GTGGTATCCCTGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTC TGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG CAGTCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTCAGCA GCTACAACAGTCCTCCGACGTTCGGCCAAGGGAC CAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26135
QVQLQESGPGLVKPSQTLSLNCTVSGGSISSGGYY WSWIRQHPGKGLEWIGYISYTGSTYYNPSLKSRITI SVDTSKNQFSLKLTSVTAADTAVYYCARGKTNWN KYDIN
SEQ ID NO: 30139
QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYY WSWIRQHPGKGLEWIGYISYSGSTYYNPSLKSRITI SLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGKTNWN KYDIN
SEQ ID NO: 30140
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGCCTGGAGTGGATTGGGTATCTCTATACTGGG AGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAATTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACC AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACTGCCGC GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATA GTACCGGCGTATATTACTGTGGCGGAGACTGC TACTCCGGTGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGA ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30141

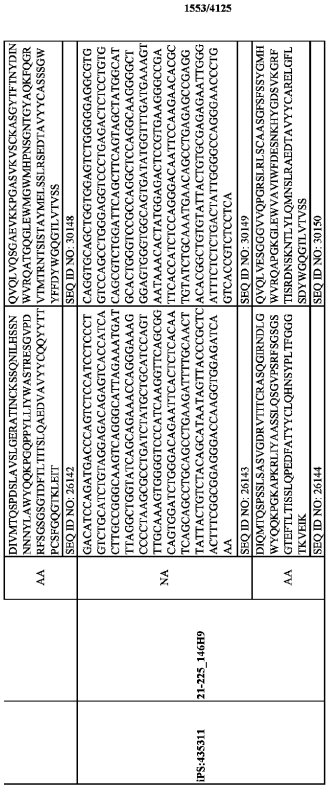
【図５０－６７６】


1551/4125
FIGURE 50
iPS:435307
21-225_146F9
AA
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCGACTAT CCCTAAGGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTAAATTGGTATCAGCTGAAACCAGGGAAAGC CCTAAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCACT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTA CTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCACTTT CGGCCGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26139
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISDYLN WYQLKPGKAPKVLIYTSSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYFCQQSYSTPFGGGTKV EIK
SEQ ID NO: 26140
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSAISGRGGNTFYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKERVTDYG QNDWFDPWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30146
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAGCTAT CCTAAGGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTA CTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCACTTT CGGCCGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26141
GACATCCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTATACAGC TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTATAGTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAACT
SEQ ID NO: 30147

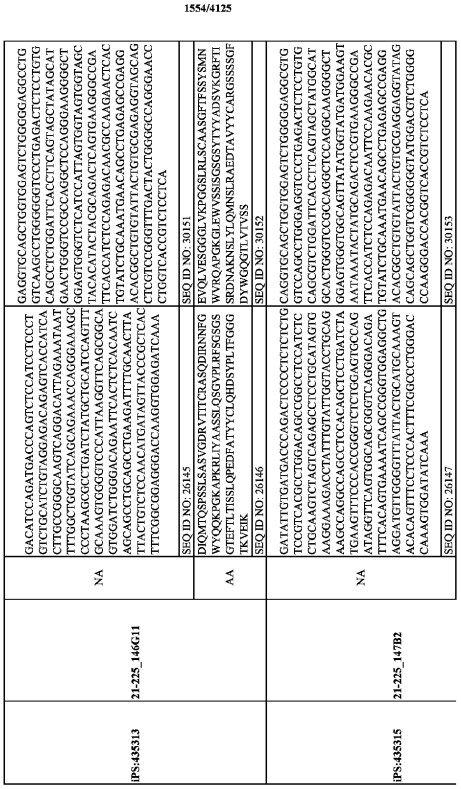
【図５０－６７７】



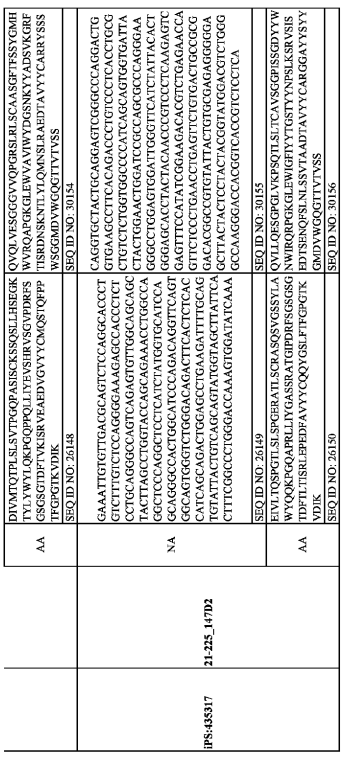
【図５０－６７８】



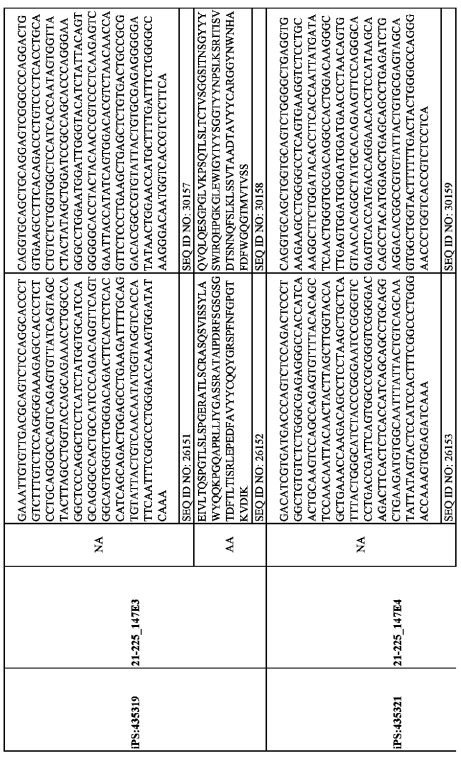
【図５０－６７９】



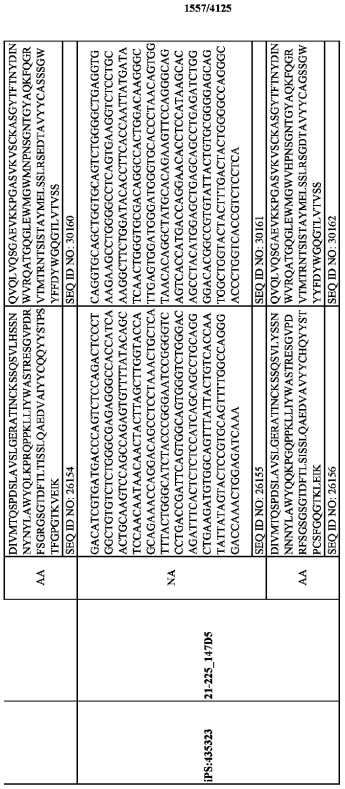
【図５０－６８０】



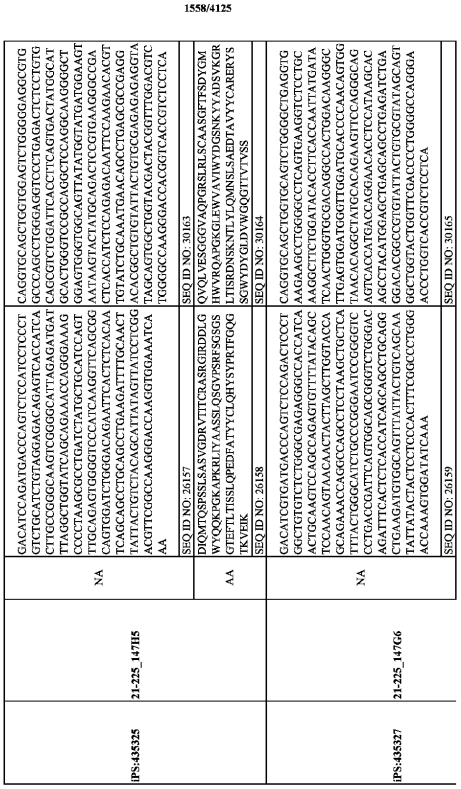
【図５０－６８１】



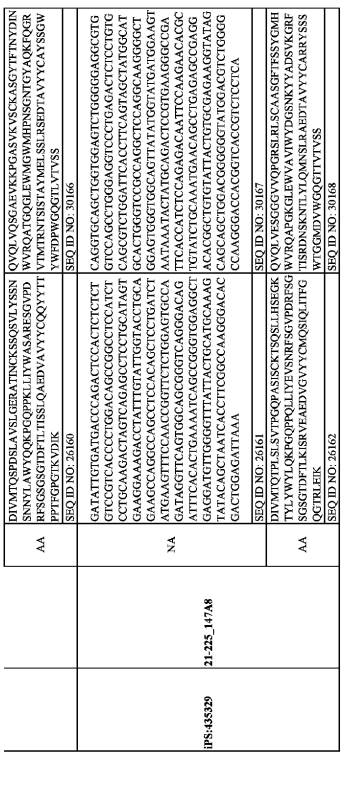
【図５０－６８２】



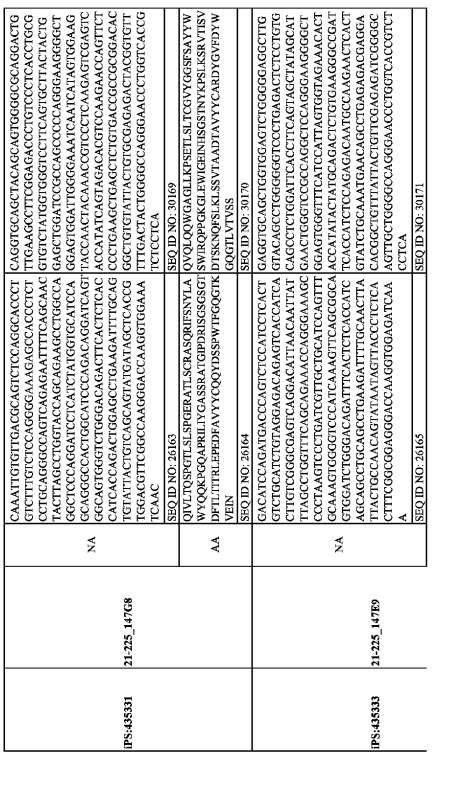
【図５０－６８３】



【図５０－６８４】



【図５０－６８５】



10

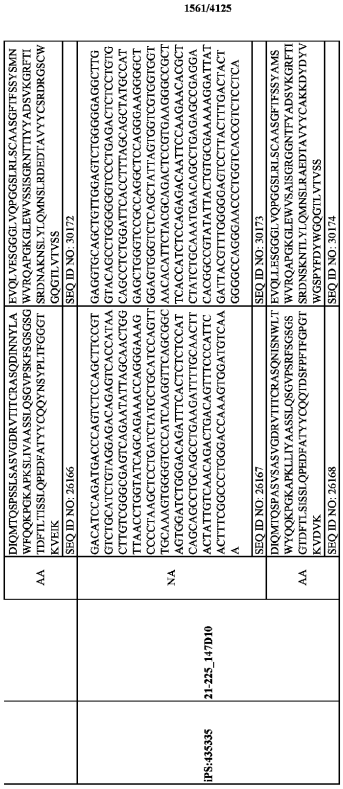
20

30

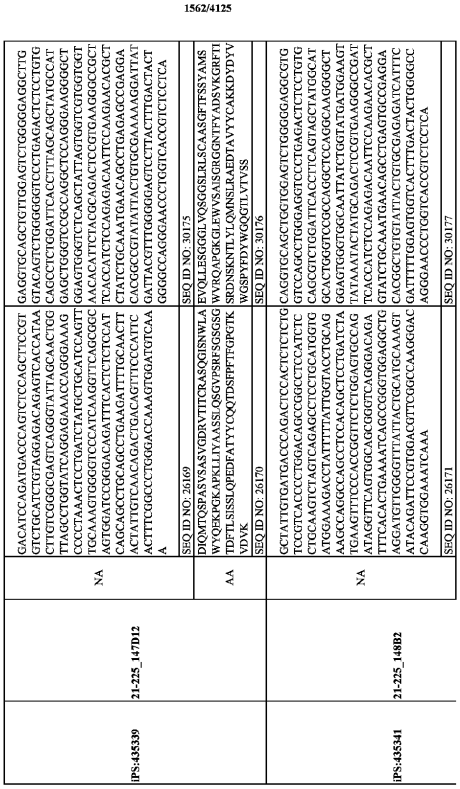
40

50

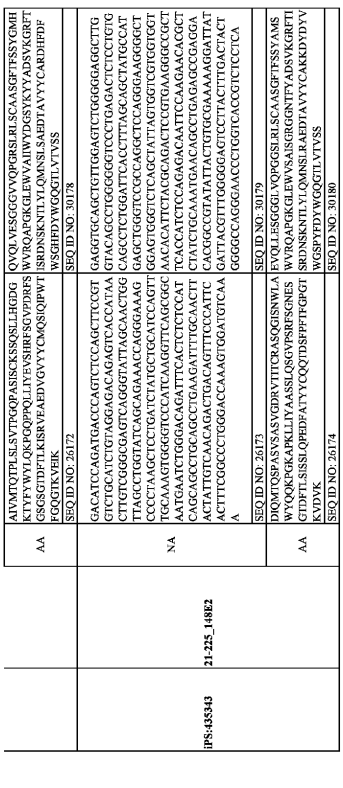
【図５０－６８６】


1561/4125
FIGURE 50
iPS:435335
21-225_147D10
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDINNYLA
WFQQKPGKAPKSLIVAASSLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26166
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATAA
CTTGTCGGGCGAGTCAGAATATTAGCAACTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACATTATTGTCAACAGACTGACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATGTCAA
A
SEQ ID NO: 26167
DIQMTQSPASVSAVGDRVTITCRASQNISNWLT
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLSISSLQPEDFATYYCQQTDSFPFTFGPGT
KVDVK
SEQ ID NO: 26168
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
WVRQAPGKGLEWVSSISGSRNTTIYYADSVKGRFTI
SRDNAKNSLYLQMNSLRDEDTAVYYCSRDRGSCW
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30172
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTCGTGGTGGT
AACACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTACCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAAGGATTAT
GATTACGTTTGGGGGAGTCCTTACTTTGACTACT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30174
EVQLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGRGGNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDYDYV
WGSPYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30173
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATAA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGATAATTACCACTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACATTATTGTCAACAGACTGACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATGTCAA
A
SEQ ID NO: 26169
DIQMTQSPASVSAVGDRVTITCRASQGISNWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLSISSLQPEDFATYYCQQTDSFPFTFGPGT
KVDVK
SEQ ID NO: 26170
EVQLESGGGLVQSGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGSTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDYDYV
WGSPYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30176
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATAA
CTTGTCGGCGAGTCAGGATAATTACCACTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACATTATTGTCAACAGACTGACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATGTCAA
A
SEQ ID NO: 26171
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGTCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTCGTGGTGGT
AACACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAAGGATTAT
GATTACGTTTGGGGGAGTCCTTACTTTGACTACT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30175
EVQLLESGGGLVQSGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGRGGNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDYDYV
WGSPYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30176
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATAA
CTTGTCGGCGAGTCAGGATAATTACCACTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACATTATTGTCAACAGACTGACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATGTCAA
A
SEQ ID NO: 26172
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATAA
CTTGTCGGCGAGTCAGAATATTAGCAACTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACATTATTGTCAACAGACTGACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATGTCAA
A
SEQ ID NO: 26173
DIQMTQSPASVSAVGDRVTITCRASQNISNWLT
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLSISSLQPEDFATYYCQQTDSFPFTFGPGT
KVDVK
SEQ ID NO: 26174
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMH
WVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSKYYAVDSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDIFDF
WSGHFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30178
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTCGTGGTGGT
AACACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAAGGATTAT
GATTACGTTTGGGGGAGTCCTTACTTTGACTACT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30180
EVQLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGRGGNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDYDYV
WGSPYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30179

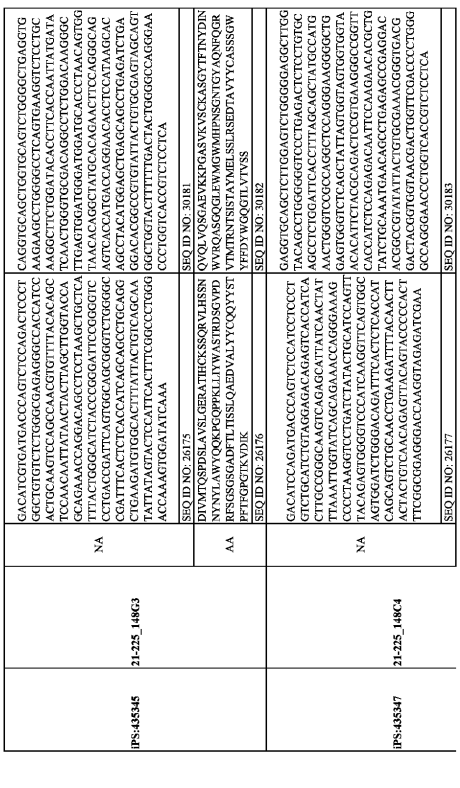
【図５０－６８７】


1562/4125
FIGURE 50
iPS:435339
21-225_147D12
AA
NA
DIQMTQSPASVSAVGDRVTITCRASQGISNWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLSISSLQPEDFATYYCQQTDSFPFTGPGTK
VDVK
SEQ ID NO: 26170
EVQLESGGGLVQSGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGSTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDYDYV
WGSPYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30176
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATAA
CTTGTCGGCGAGTCAGGATAATTACCACTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAAGGATTAT
GATTACGTTTGGGGGAGTCCTTACTTTGACTACT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30175
EVQLLESGGGLVQSGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGRGGNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDYDYV
WGSPYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30177
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGTCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTCGTGGTGGT
AACACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
CTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAAGGATTAT
GATTACGTTTGGGGGAGTCCTTACTTTGACTACT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30178

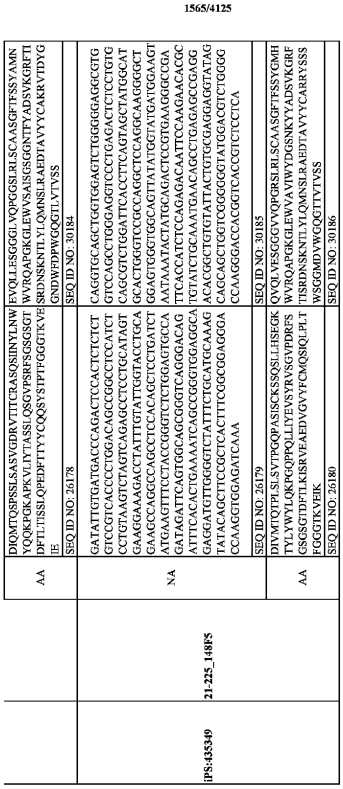
【図５０－６８８】


1563/4125
FIGURE 50
iPS:435343
21-225_148E2
AA
NA
ATVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHGDG
KTYFYWYLQKPGQPPQLLIYEVSSRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQIPWT
FGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26175
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCC
ACTGCAAGTCCAGCCAACGTGTTTTACACAGC
TCCAACAATTATTACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCCGGGATTCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAGT
CTGAAGATGTGGCACTTTATTTCGGCCAAGGG
ACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26176
DIVMTQSPDSLAVSLGERATIHCKSSQNVLHSSN
NYNTLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRDSGVPD
RFSGSGSGADFTLTISSLQAEDVAIYYCQQYYST
PFTFGPGTKVDIK
SEQ ID NO: 26177
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACCGAGATTCACTCAC
CATCACTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAG
CTATTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTACAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTAGAGATCGAA
SEQ ID NO: 30179
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSYKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDIFDF
WSGHFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30180
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYKASSLESGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTDSFPITFGPGT
KVDVK
SEQ ID NO: 26174
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGRGGNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDYDYV
WGSPYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30181

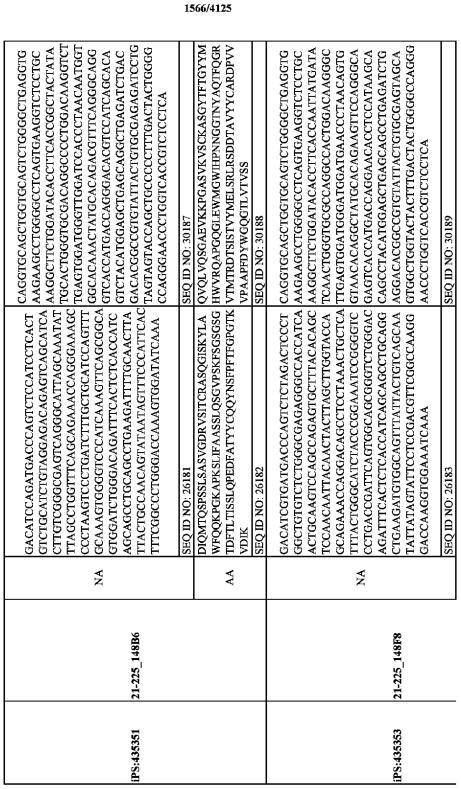
【図５０－６８９】



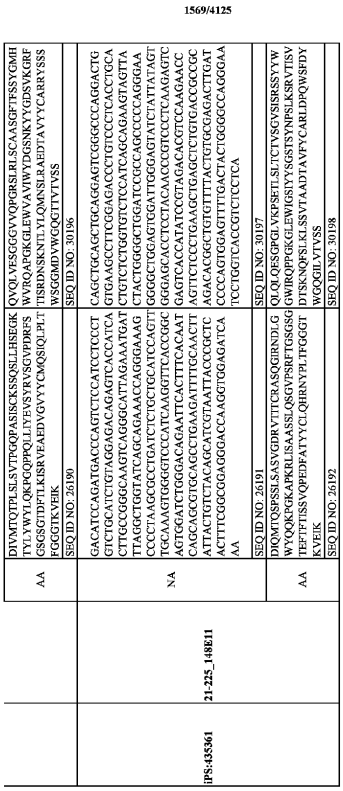
【図５０－６９０】



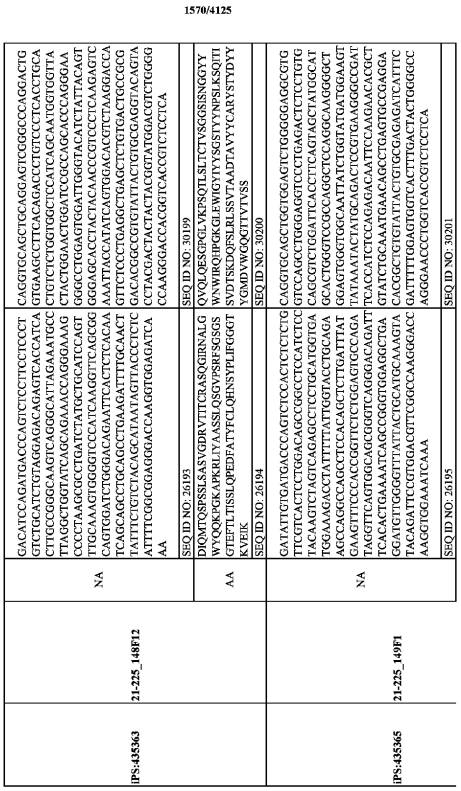
【図５０－６９１】


1566/4125
FIGURE 50
iPS:435349
21-225_148F5
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIDNYLNW
YQQKPGKAPKVLIYTASSLQSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFTTYYCQQSYSTPFGGGTKVE
IE
SEQ ID NO: 26178
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGTAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGT
GAAGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATTGAAGTTTCCTACCGGGTCTCTGGAGTGCCA
GATAGATTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTCTATTTCTGCATGCAAGG
TAATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26179
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGK
TYLYWYLQKPGQSPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSMQLPLT
FGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26180
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGACAATAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTTTGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATAGTTTCCCATTCAC
TTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26181
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISKTLA
WFQQKPGKAPKSLIFAASSLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSFPFTFGQTK
VDIK
SEQ ID NO: 26182
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCTCTACATCCCT
GGAGAAGCCTGCGTCGCAGTCTCCAGTCACAT
CACGTGTACTGGTACCAGCAGAAGCCAGGACAG
TCCAACAATTACACTACTTAGCTTCGGTACCA
GCAGAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTTA
TTACTGGGCATCTACGAATCCGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TACACAGCTCCTCGCCCTTCGGCGGAGGGACC
AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26183
iPS:435351
21-225_148B6
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWIIPNSGGTNYAQKFQR
VTMTRDTSISTVYMELSRLRSDDTAVYYCARDPVV
VPAAFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26184
NA
GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
GTCTGCAAGGCGTCGGGCGTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTT
GAGTGGATGGGTTGGATCCACCCTAACAGTGGT
GGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGG
GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACA
GCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGAC
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCCTG
TAGTAGTACCAGCTGCTCCCTTTGACTACTGGGG
CCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26185
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISNYLN
WYQQKPGKAPKVLIYHASSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 26186
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGT
GATGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAGGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TAATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26187
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHGDG
KTYLYWYLQRPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQLPW
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26188
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGT
GAAGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCTACCGGGTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTCTATTATTGTGCAGCAGGTATAG
TATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26189
iPS:435353
21-225_148F8
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGRGSNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKRVTDYG
YYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26190
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CTTGCCGGCAGTCAGAGCATTAGTAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGGTCCTGATCTATTGTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATT
AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACCCCCACT
TTCGGCCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26191
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISNYLN
WYQQKPGKAPKVLIYHASSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 26192
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGT
GATGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAGGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TAATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26193
iPS:435355
21-225_148H9
AA
DIVMTQSLDSLAVSLGERATINCKSSQSALHSSN
NYNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSI
PPTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26184
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTACAGCCGCGGCGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGTAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGGTCCTGATCTATTGTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCTAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACCCCCACT
TTCGGCCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26185
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISNYLN
WYQQKPGKAPKVLIYHASSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 26186
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGT
GATGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAGGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TAATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26189
iPS:435357
21-225_148G10
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMH
WVRQAPGQGLEWVAIIWYDGSNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTDF
WSGHFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26192
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCTCCTG
CAGGTCAAGTCAGAGCCTCCTGCATGGTA
GATGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TAATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26193
iPS:435359
21-225_148H10
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDRTDF
WSGHFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26194
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCTCCTG
CAGGTCAAGTCAGAGCCTCCTGCATGGTA
GATGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TAATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26195
iPS:435361
21-225_148H16
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDRTDF
WSGHFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26210
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCTCCTG
CAGGTCAAGTCAGAGCCTCCTGCATGGTA
GATGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TAATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26211
iPS:435363
21-225_148F8
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSAISGRGSNTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKRVTDYG
YYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26196
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
GTCTGCAAGGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGTCT
TGAGTGGATGGGTTGGATCCACCCTAACAATGGT
GGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGG
GTCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGAC
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCCTG
TAGTAGTACCAGCTGCCCCCTTTGACTACTGGGG
CCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26197
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
HWVRQAPGQGLEWMGWIIPNSGGTNYAQKFQR
VTMTRDTSISTVYMELSRLRSDDTAVYYCARDPVV
VPAAFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26198
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCTCTACATCCCT
GGAGAAGCCTGCGTCGCAGTCTCCAGTCACAT
CACGTGTACTGGTACCAGCAGAAGCCAGGACAG
TCCAACAATTACACTACTTAGCTTCGGTACCA
GCAGAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTTA
TTACTGGGCATCTACGAATCCGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TACACAGCTCCTCGCCCTTCGGCGGAGGGACC
AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26199
iPS:435365
21-225_148H11
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDRTDF
WSGHFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26200
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCTCCTG
CAGGTCAAGTCAGAGCCTCCTGCATGGTA
GATGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCA
GAGGATGTTGGGGTTTATTTCTGCATGCAAGG
TAATACAGCTCCTCGCTCACTTTGCGGCGAGGGA
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26201
iPS:435367
21-225_148H12
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDRTDF
WSGHFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26202
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCTCCTG
CAGGTCAAGTCAGAGCCTCCTGCATGGTA
GATGGAAAGACTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCTGAATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GAT

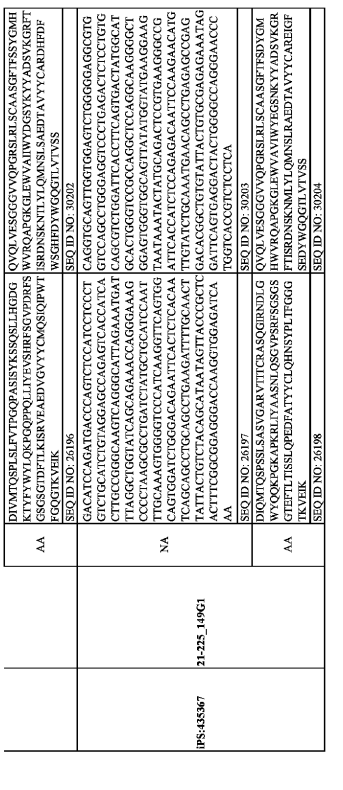
【図５０－６９４】



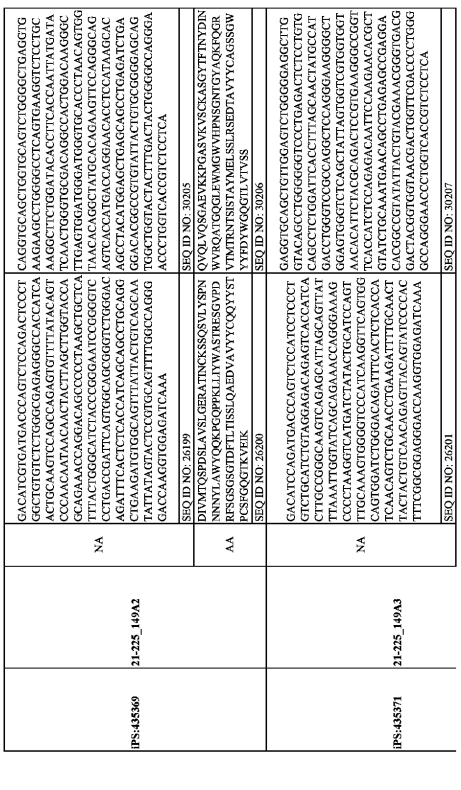
【図５０－６９５】



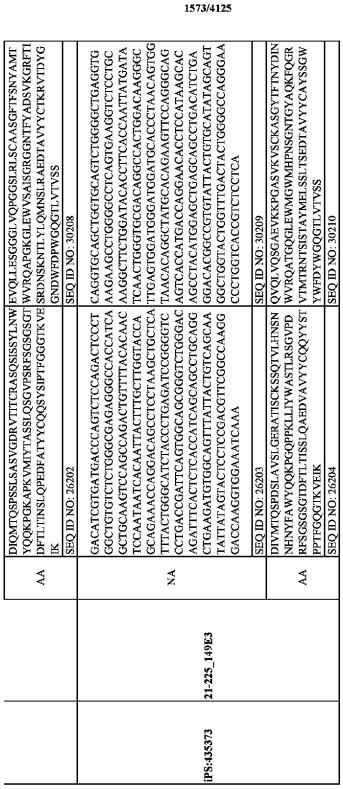
【図５０－６９６】



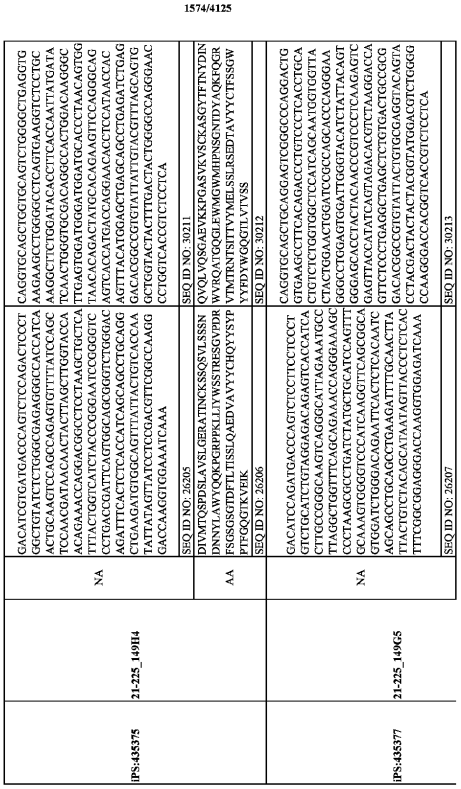
【図５０－６９７】



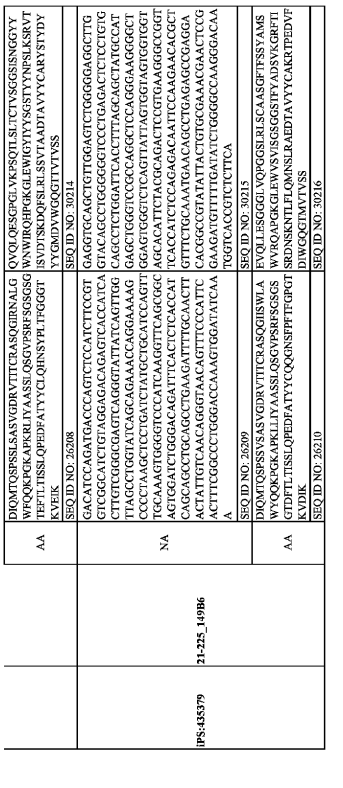
【図５０－６９８】



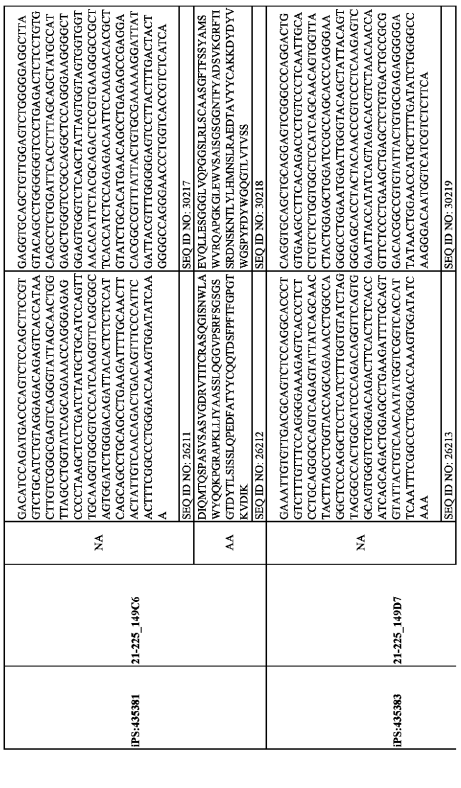
【図５０－６９９】



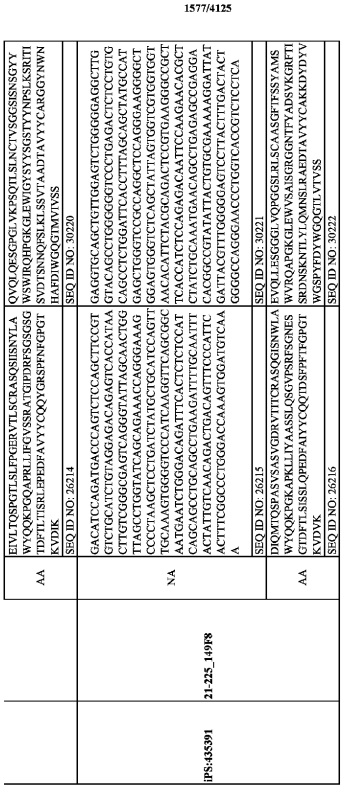
【図５０－７００】



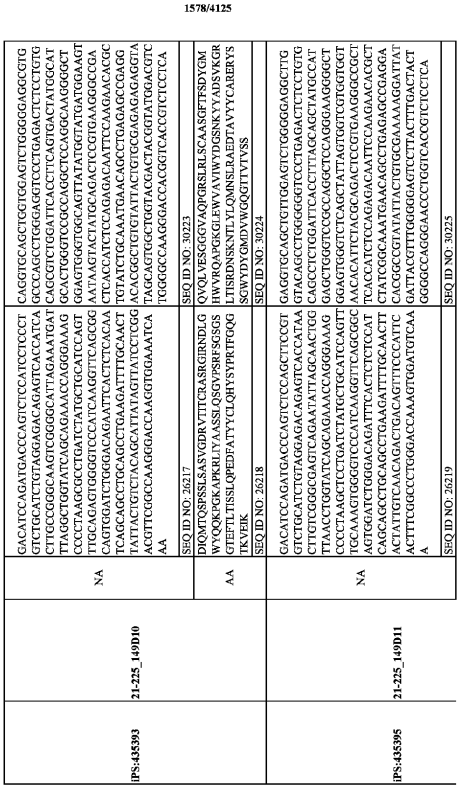
【図５０－７０１】



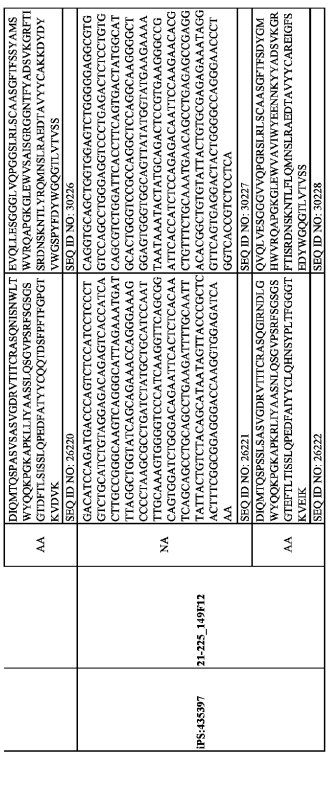
【図５０－７０２】



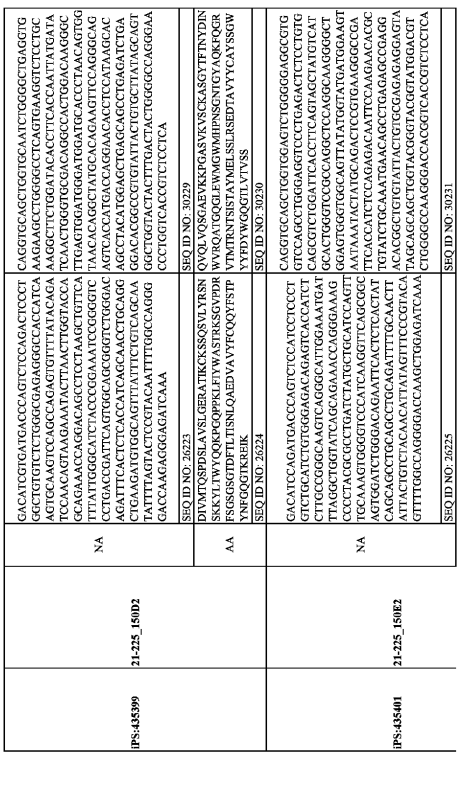
【図５０－７０３】



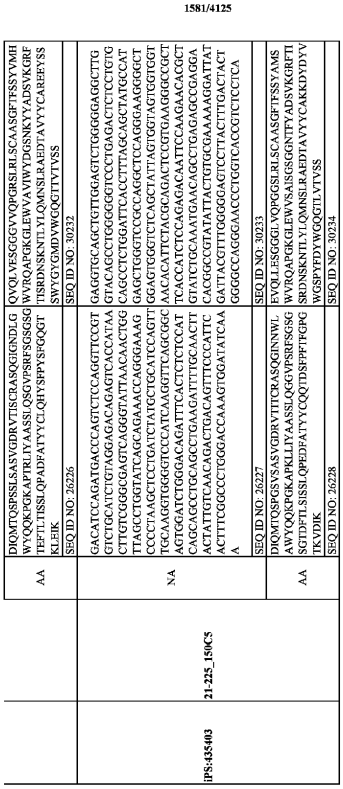
【図５０－７０４】



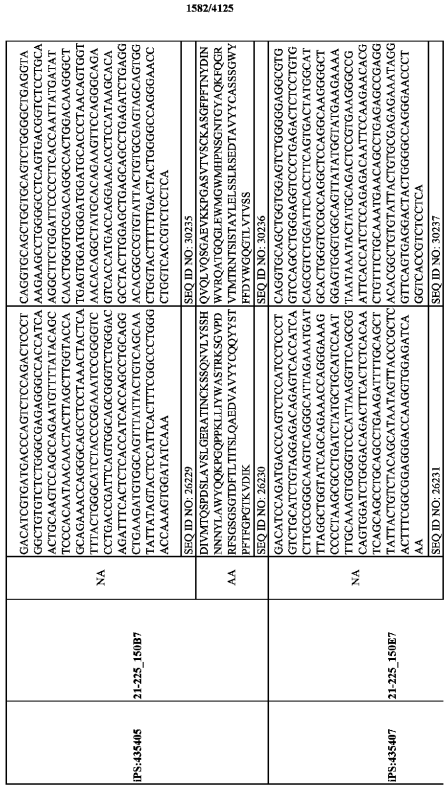
【図５０－７０５】



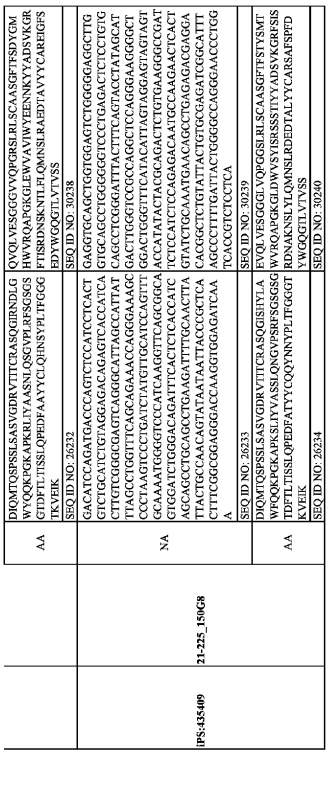
【図５０－７０６】


1581/4125
FIGURE 50
iPS:435403
21-225_150C5
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFAAYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26226
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTA
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGACTGACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 26227
iPS:435405
21-225_150B7
AA
DIQMTQSPGSVSASVGDRVTITCRASQGINNWL
AWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQGGVPSRFSGSG
SGTDFTLSISSLQPEDFATYYCQQTDSFPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26228
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAATGTTTATACAGC
TCCCACAATACAACTTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGGCAGCCTCCTAAACTACTTA
TTTACTGGGCATCTACCCGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTATTCACTTTCGGCCCGG
GACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26229
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGATTAGAAATGATTTAGGCTGGT
ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCG
CCTGATCTATGATGCATCCAGTTTGCAAAGT
GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGAT
CTGGGACAGAATTTCACTCTCACAATCAGCAG
CCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTAC
TGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCGGACGTT
CGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26230
iPS:435407
21-225_150E7
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLA
WYQQKPGKAPKSLIYVASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTNNTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26231
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTA
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AGGCTTCTGGATTCCCCTTCACCAATTATGATAT
CAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCT
TGAGTGGATGGGATGGATCACCCTAACAGTGGT
GTCACATGGCAACAACACCTCCATAAGCACA
GCCTACTTGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
ACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGCCTGA
CTGGAGTATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
CCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26231
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTA
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AGGCTTCTGGATTCCCCTTCACCAATTATGATAT
CAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCT
TGAGTGGATGGGATGGATCACCCTAACAGTGGT
GTCACATGGCAACAACACCTCCATAAGCACA
GCCTACTTGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
ACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGCCTGA
CTGGAGTATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26232
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTA
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGACTGACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 26233
iPS:435409
21-225_150G8
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLA
WYQQKPGKAPKSLIYVASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTNNTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26234
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGATTAGAAATGATTTAGGCTGGT
ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCG
CCTGATCTATGATGCATCCAGTTTGCAAAGT
GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGAT
CTGGGACAGAATTTCACTCTCACAATCAGCAG
CCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTAC
TGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCGGACGTT
CGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26235
iPS:435413
21-225_150B11
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQNVLYSSH
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRKSGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQTYST
PFTFGPGTKVDIK
SEQ ID NO: 26236
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAAT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGACTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTATTGTCAACAGAGTTACCATCTCACTTC
GGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
SEQ ID NO: 26237
iPS:435415
21-225_150C11
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHGDG
KTYLNWYLQRPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQLPW
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26238
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCAGCACCTGGAGATGCCTCCTATACT
CAGCGTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATCGG
TTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 26239
iPS:435409
21-225_150G8
AA
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSDYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYEGNKYYADSVKGR
FTISRDNSKNTLFLQMNSLRAEDTAVYYCAREIGFS
FDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26240
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGACCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATCGG
TTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 26241
iPS:435413
21-225_150B11
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHGDG
KTYLNWYLQRPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQLPW
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26242
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAAT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGACTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTATTGTCAACAGAGTTACCATCTCACTTC
GGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
SEQ ID NO: 26243
iPS:435415
21-225_150C11
AA
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYVMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKEPYSS
SWYGYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26232
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AACACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAAGGATTAT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26233
iPS:435403
21-225_150C5
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFAAYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26226
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTA
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGACTGACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 26227
iPS:435405
21-225_150B7
AA
DIQMTQSPGSVSASVGDRVTITCRASQGINNWL
AWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQGGVPSRFSGSG
SGTDFTLSISSLQPEDFATYYCQQTDSFPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26228
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAATGTTTATACAGC
TCCCACAATACAACTTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGGCAGCCTCCTAAACTACTTA
TTTACTGGGCATCTACCCGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTATTCACTTTCGGCCCGG
GACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26229
iPS:435407
21-225_150E7
AA
EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYVMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKEPYSS
SWYGYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26234
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAAGGATTAT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26235
iPS:435409
21-225_150G8
AA
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSDYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYEGNKYYADSVKGR
FTISRDNSKNTLFLQMNSLRAEDTAVYYCAREIGFS
FDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26236
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGACCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATCGG
TTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 26237
iPS:435415
21-225_150C11
AA
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYVMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKEPYSS
SWYGYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26238
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AACACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAAGGATTAT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26239

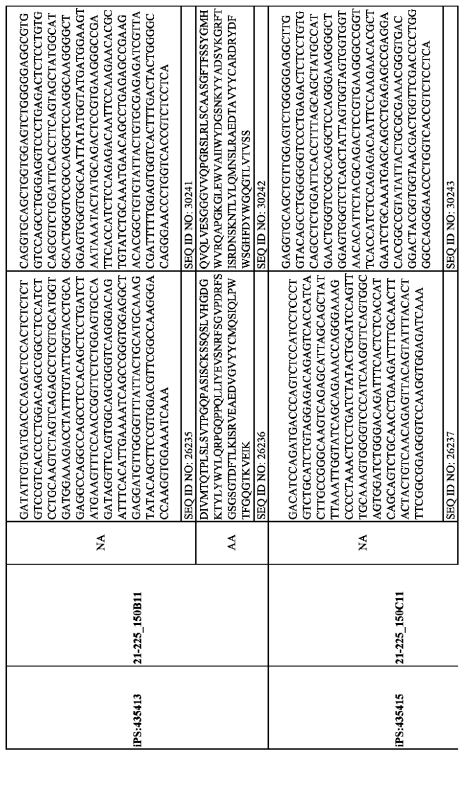
【図５０－７０７】



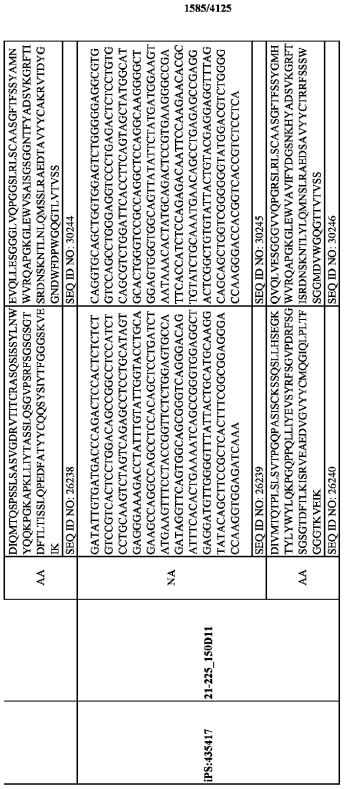
【図５０－７０８】



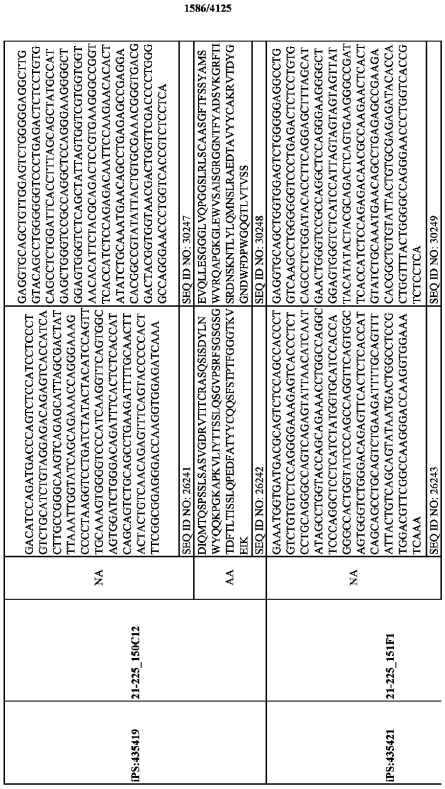
【図５０－７０９】



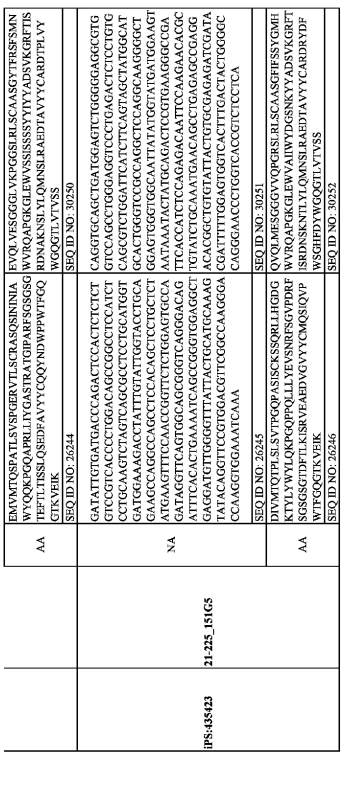
【図５０－７１０】



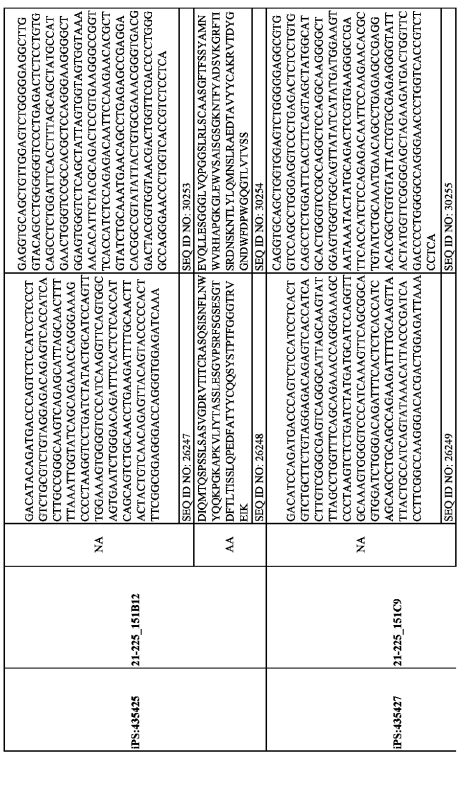
【図５０－７１１】



【図５０－７１２】



【図５０－７１３】



【図５０－７１４】

FIGURE 50

1589/4125

iPS:435429	21-225_151A10	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISKYLA WFQQKPGKAPKSLIYDASRLQSGVPSKFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFASYYCHQYKHYPITFGQGT RLEIK
			SEQ ID NO: 26250
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCCTCTCTCCCT GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGT GATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTACA GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT ATGGAAGTTTCCAACGGTTCTCTGGAGTGCCA GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
			SEQ ID NO: 26256
			CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGTTGGCAATTATATGGTATGATGGAAGT AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
			SEQ ID NO: 26254
			TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTACAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCATCTA CGATTTTGGAGTGGTCACTTGACTACTGGGGC CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26252
			WSGHFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 30257
			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
			SEQ ID NO: 30258

【図５０－７１５】

FIGURE 50

1590/4125

iPS:435431	21-225_152D2	AA	DIQMTLSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISDYLN WYQQKPGKAPKVLIYTTSSLQPEDFATYFCQQSYSTPFGQGTKV EIK
			SEQ ID NO: 26253
		NA	GACATCCAGATGACCCTGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCAGTCGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCGACTATT TTAAATTGGTATCAGCTGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGGTCTTGATCTATACTACATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTA CTTCTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCCACTTT
			SEQ ID NO: 26255
			CGGCCGGAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
			GACATCCAGATGACCCTGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCAGTCGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCGACTATT TTAAATTGGTATCAGCTGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGGTCTTGATCTATACTACATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTA CTTCTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCCACTTT
			SEQ ID NO: 26254
			CGGCCGGAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
			GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCAGTCGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAGCTATT TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTA CTTCTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCCACTTT
			SEQ ID NO: 26254
			CGGCCGGAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA

【図５０－７１６】

FIGURE 50

1591/4125

iPS:435435	21-225_152H3	AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN NYNYLVWYQQKPGQPPKRLIYWASTRESGVPD RFSGSGSGTDFSLTISSLQAEDVAVYYCQQYYST PFTFGPGTKVDIK
			SEQ ID NO: 26256
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT CACTCTGTCTCCGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGC TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGAAATCCGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTATAGTACTCCGTGCACTTTCGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
			SEQ ID NO: 26257
			DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN NYNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD RFSGSGSGTDFTLTVSSLQAEDVAVYYCQQYYST PCSFGQGTKLEIK
			SEQ ID NO: 26258
			QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQATGQGLEWVGWMHPNSGNTGYAQKFQGR VTMTRNTISSTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGW YFFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26260
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGC TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGAAATCCGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTTTAATACTCCTCCGACCCTGGGGCCAGGG ACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26259
			DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN NYNTLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRKSGVPD RFSGSGSGTDFTLTVSSLQAEDVAVYYCQQYFN TPFTFGPGTKVDIK
			SEQ ID NO: 26260
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT CACTCTGTCTCCGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGC TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTTTAATACTCCTCCGACCCTGGGGCCAGGGA ACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26261
			CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCTGCCTACAATGGTA ACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAG GGCTGGTACTGGTTGGACTACTGGGGCCAGGGA ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26262
			CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCTGCCTACAATGGTA ACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAG GGCTGGTACTGGTTGGACTACTGGGGCCAGGGA ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26263
			CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTTGGCAATTATATGGTATGATGGAAGT AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTACAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCATCTA CGATTTTGGAGTGGTCACTTGACTACTGGGGC CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26264
			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFT ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDHYDF WSGHFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26265
			QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR VTMTRNTISSTAYMELSSLRSDDTAVYYCASSSGW YWFDPWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26266
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGC TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTTTAATACTCCTCCGACCCTGGGGCCAGGGA ACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26267
			CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCTGCCTACAATGGTA ACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAG GGCTGGTACTGGTTGGACTACTGGGGCCAGGGA ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA

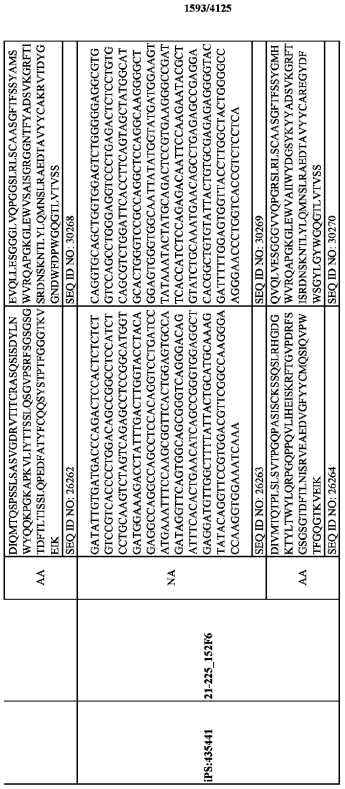
【図５０－７１７】

FIGURE 50

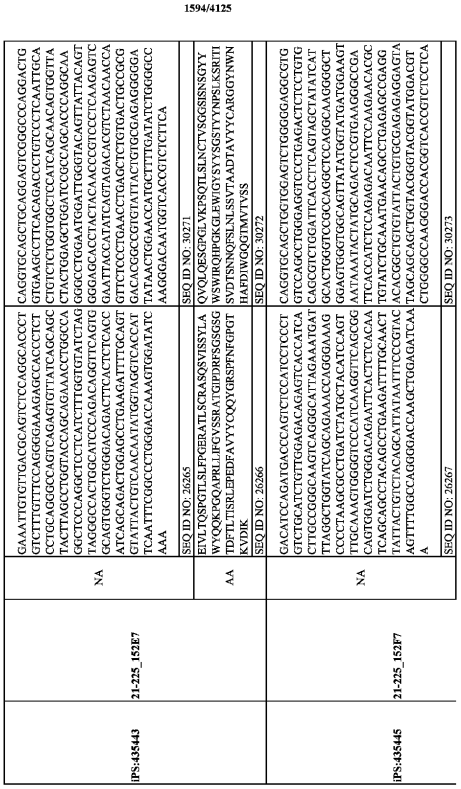
1592/4125

iPS:435437	21-225_152F4	AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN NYNTLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRKSGVPD RFSGSGSGTDFTLTVSSLQAEDVAVYYCQQYFN TPFTFGPGTKVDIK
			SEQ ID NO: 26259
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGC TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGAAATCCGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTTTAATACTCCTCCGACCCTGGGGCCAGGGA ACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26261
			CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCTGCCTACAATGGTA ACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAG GGCTGGTACTGGTTGGACTACTGGGGCCAGGGA ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26262
			CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTTGGCAATTATATGGTATGATGGAAGT AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTACAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCATCTA CGATTTTGGAGTGGTCACTTGACTACTGGGGC CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26263
			CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTTGGCAATTATATGGTATGATGGAAGT AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTACAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCATCTA CGATTTTGGAGTGGTCACTTGACTACTGGGGC CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26264
			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFT ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDHYDF WSGHFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26265
			QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR VTMTRNTISSTAYMELSSLRSDDTAVYYCASSSGW YWFDPWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26266
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGC TCCAACAATTACTTAGCTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGTC CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTTTAATACTCCTCCGACCCTGGGGCCAGGGA ACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26267
			CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCTGCCTACAATGGTA ACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAG GGCTGGTACTGGTTGGACTACTGGGGCCAGGGA ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA

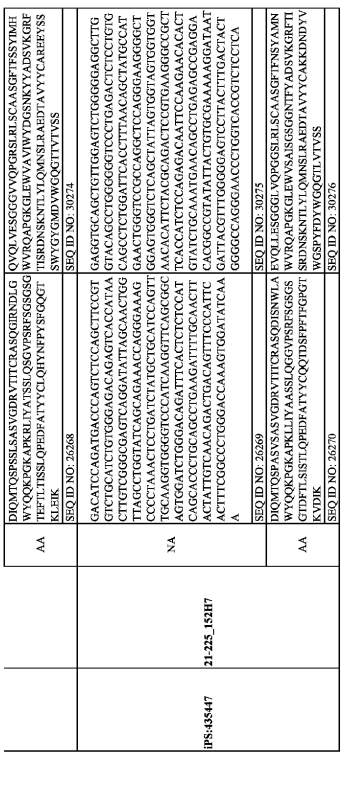
【図５０－７１８】



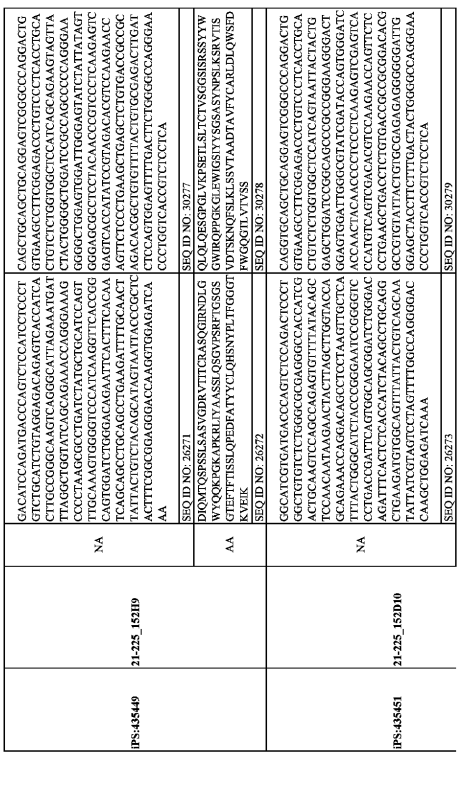
【図５０－７１９】



【図５０－７２０】



【図５０－７２１】



10

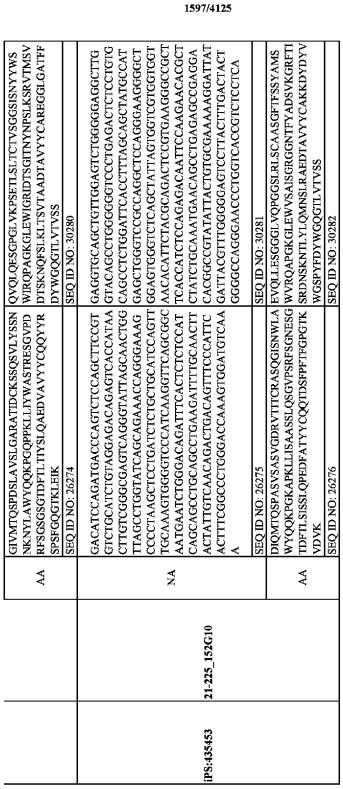
20

30

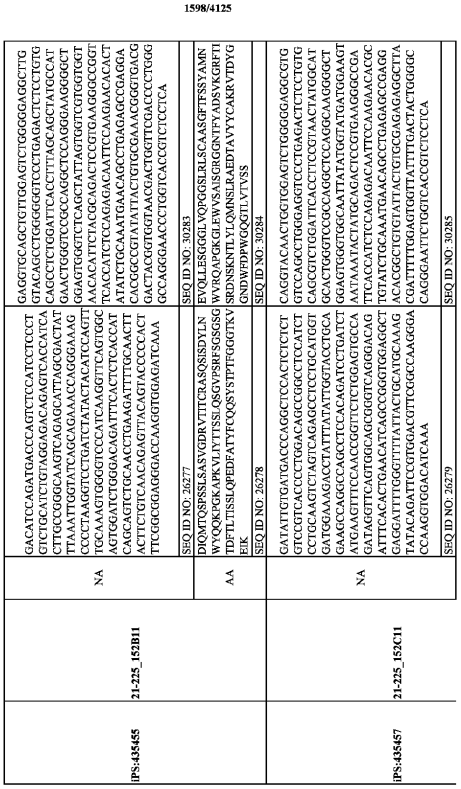
40

50

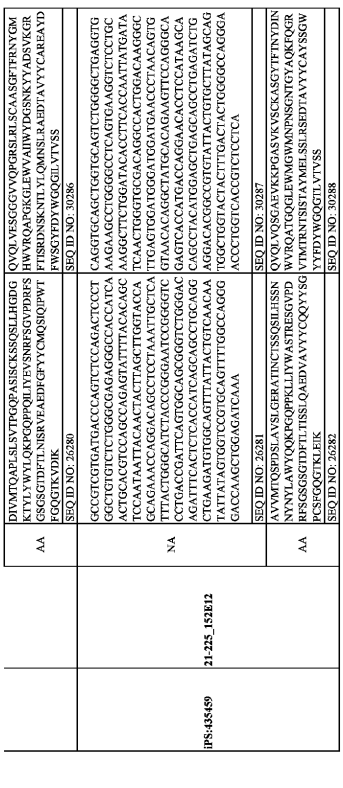
【図５０－７２２】



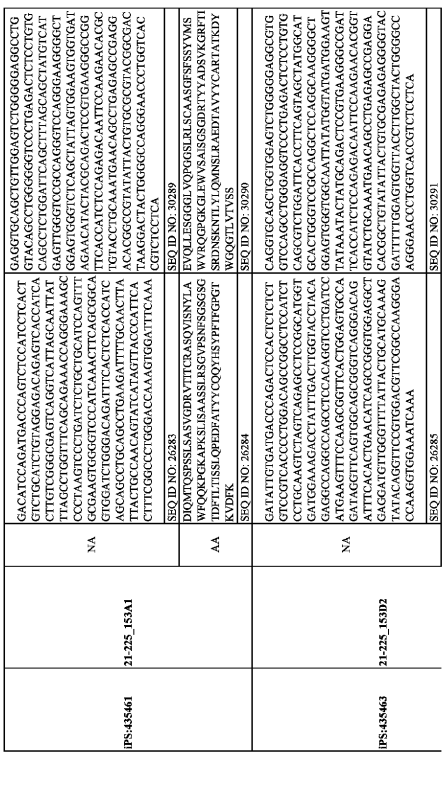
【図５０－７２３】



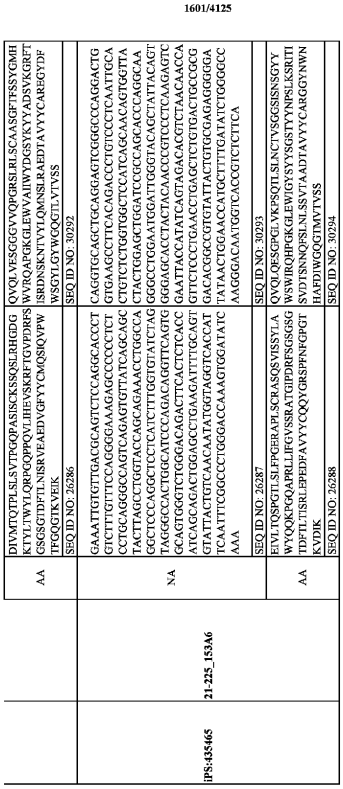
【図５０－７２４】



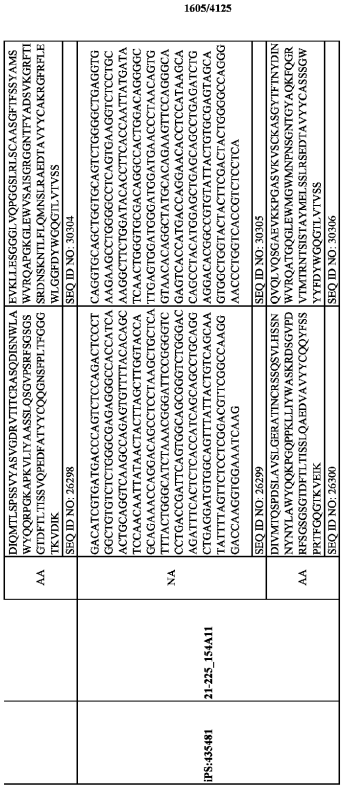
【図５０－７２５】



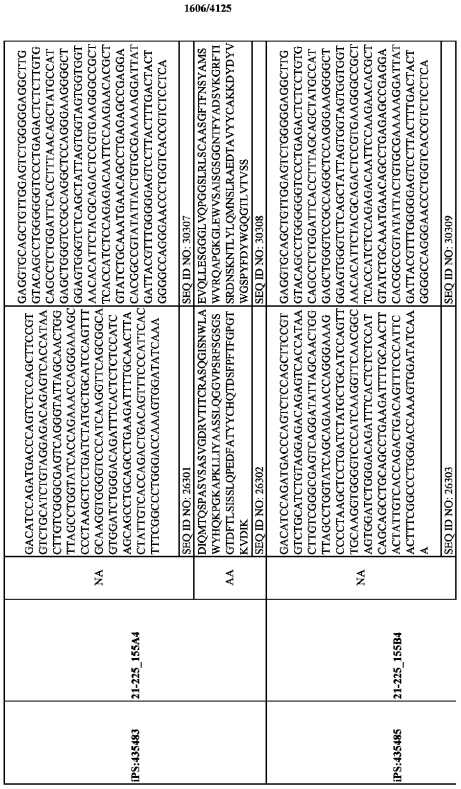
【図５０－７２６】


1601/4125
FIGURE 50
iPS:435465
21-225_153A6
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLRHSDGK
KTYLYWYLQKPGQPPQFLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEADDVGVYYCMQNIKYPLT
FGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 26292
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATTACAAGTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCCGGAAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCC
CTGAAGATTGTGGCACTTTATTACTGTCAGCAA
TAATTATAGTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26293
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
NYNTLAWTQQKPGQPPKLLIYWASTRKSGVPD
RFSGSGSGTDFTLSISSLQAEDVAVYYCQQYYST
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 26296
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATTACAAGTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCCGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
ACATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCC
CTGAAGATTGTGGCACTTTATTACTGTCAGCAT
TATTATAGTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26295
iPS:435475
21-225_154H6
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NYNTLAWTQQPGQPPKLLIYWTSTRKSGVPD
RFSGSGSGTDFTLSISSLQAEDVAVYYCQHYYST
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 26296
NA
GACATTCAGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT
GGCTGTGTCTCTGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATTACAAGTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
ACATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCC
CTGAAGATTGTGGCACTTTATTACTGTCAGCAT
TATTATAGTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26297
iPS:435479
21-225_154E9
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSYKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTVYLQMNSLRAEDTAVYYCARSGYDF
WSGYLGYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26292
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCGGGCGGCGTGGTC
CAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA
GCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGGCATG
CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG
GAGTGGGTGGCAATTATATGGTATGATGGAAGC
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCTT
CGCGCGCTGGCGCCAGGGCACCCTGGTCACCGT
CTCGAGCGGAGGCGGATCCGGCGGTGGCGGGTC
GACGGCGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGAC
TCCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACC
ATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACAC
AGTCCAACAATTACAAGTACTTAGCTTGGTACC
AGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTC
ATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCC
GAAGATGTGGCACTTTATTACTGTCAGCAGTAT
TATAGTACTCCGTGCAGTTTGGCCAGGGGACC
AAGCTGGAGATCAAACGTACGGTGGCTGCACCA
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAG
TTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTG
CTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTA
CAGTGGAAGGTCGATAACGCCCTCCAATCGGGT
AACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCC
TGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGG
CCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACA
GGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26298
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVALIFYDGSNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRGYDF
FGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 26299
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCGGGCGGCGTGGTC
CAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA
GCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGGCATG
CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG
GAGTGGGTGGCAATTATATGGTATGATGGAAGC
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCTT
CGCGCGCTGGCGCCAGGGCACCCTGGTCACCGT
CTCGAGCGGAGGCGGATCCGGCGGTGGCGGGTC
GACGGCGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGAC
TCCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACC
ATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACAC
AGTCCAACAATTACAAGTACTTAGCTTGGTACC
AGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTC
ATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCC
GAAGATGTGGCACTTTATTACTGTCAGCAGTAT
TATAGTACTCCGTGCAGTTTGGCCAGGGGACC
AAGCTGGAGATCAAACGTACGGTGGCTGCACCA
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAG
TTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTG
CTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTA
CAGTGGAAGGTCGATAACGCCCTCCAATCGGGT
AACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCC
TGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGG
CCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACA
GGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26300
iPS:435471
21-225_153F11
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
NYKTLAWTQQKPGQPPKLLIYWASTRKSGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYST
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 26294
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATTACAAGTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCCGGAAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
ACATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCC
CTGAAGATTGTGGCACTTTATTACTGTCAGCAG
TATAATAATTGGCCTCGGACGTTCGGCCAAGGG
ACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26301
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCATSSGW
TPFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26302
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
GTGGCACAACAGGCTTTGCAGGGCAGGTCACC
ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTAC
ATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACG
GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCCTCGTGA
TTATTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGG
ACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26303
iPS:435479
21-225_154E9
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSYKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTVYLQMNSLRAEDTAVYYCARRGYDF
WSGYLGYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26292
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATTACAAGTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
ACATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCC
GAAGATGTGGCACTTTATTACTGTCAGCAGTAT
TATAGTACTCCGTGCAGTTTGGCCAGGGGACC
AAGCTGGAGATCAAACGTACGGTGGCTGCACCA
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAG
TTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTG
CTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTA
CAGTGGAAGGTCGATAACGCCCTCCAATCGGGT
AACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCC
TGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGG
CCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACA
GGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26304
iPS:435465
21-225_153A6
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLRHSDGK
KTYLYWYLQKPGQPPQYLIHEVSKRFTGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEADDVGVYYCMQSIKYPLT
FGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26286
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTTTCCAGGGGAAAGAGCCCCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTATCAGCAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTTTGGTGTTATCTAG
TAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC
ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGT
GTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCT
TCAACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 26287
NA
GAAATTCATATCAGTAGACAGCGTCCTCAAGC
GTGTAAGCCTTCCAGAGACCCCGTCCTCAATTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAACAGTGGTTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGCAA
GGGCCTGGAATTGGATTGGGTACAGCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GTCTCTCCTGAACGTGACTCTGCCGCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAACAGTGGTAA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGCAA
GGGCCTGGAATTGGATTGGGTACAGCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAG

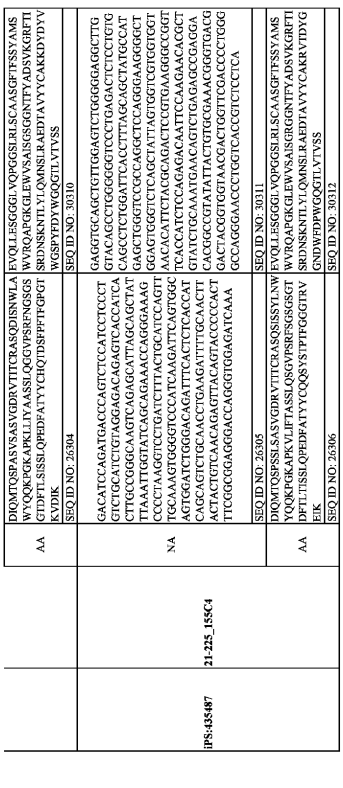
【図５０－７３０】



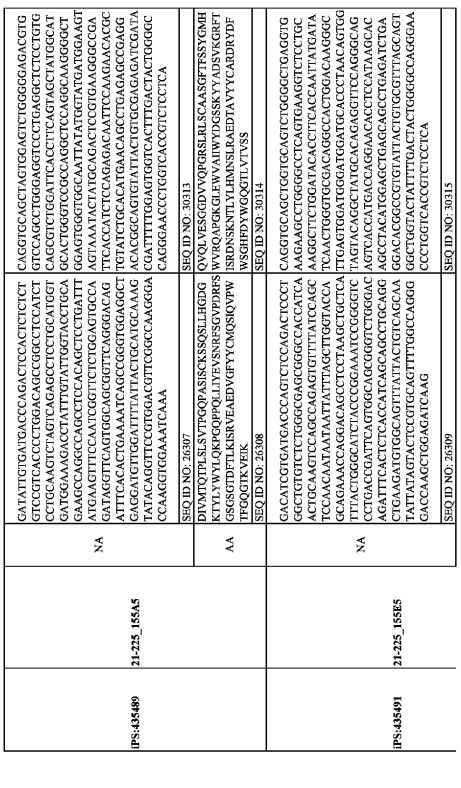
【図５０－７３１】



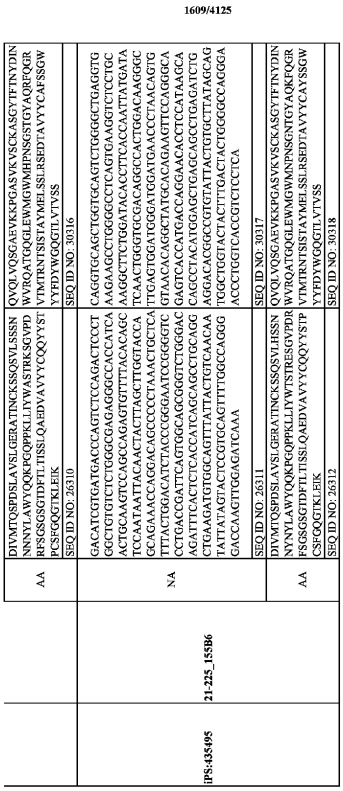
【図５０－７３２】



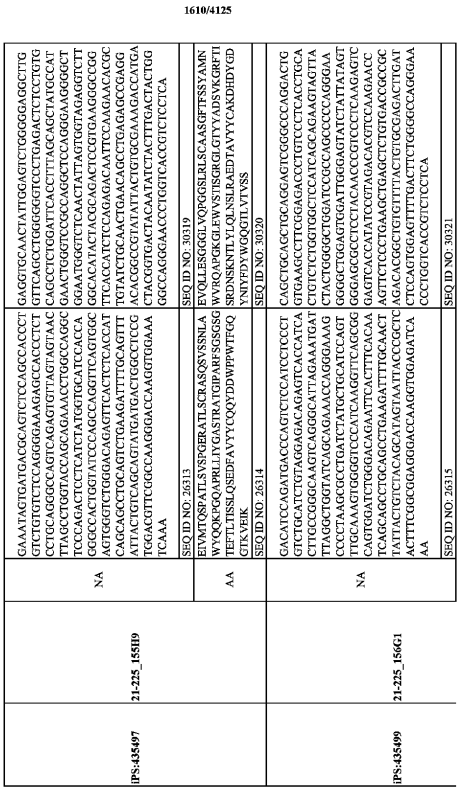
【図５０－７３３】



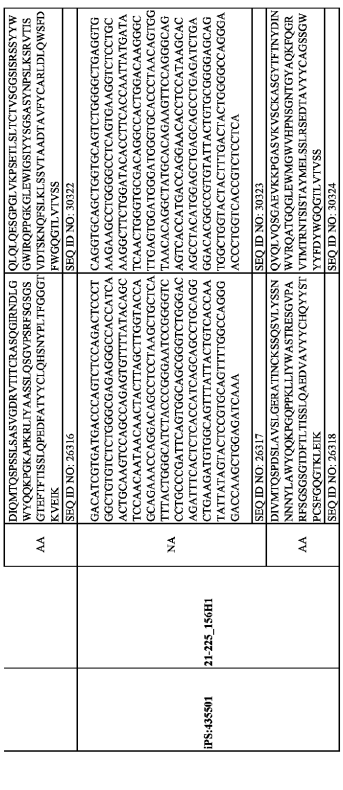
【図５０－７３４】



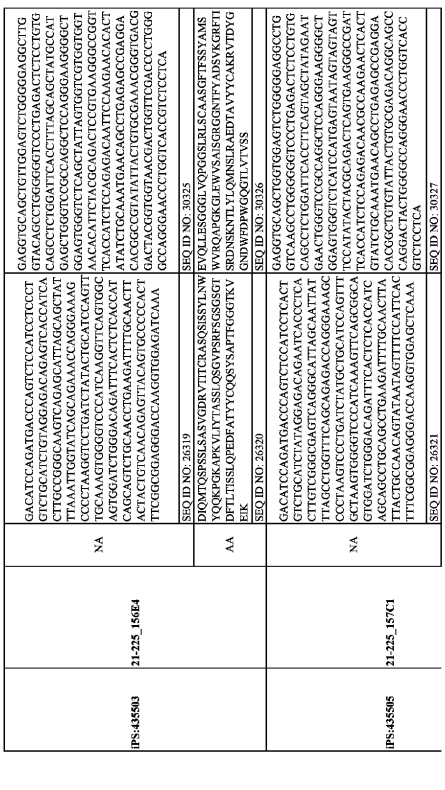
【図５０－７３５】



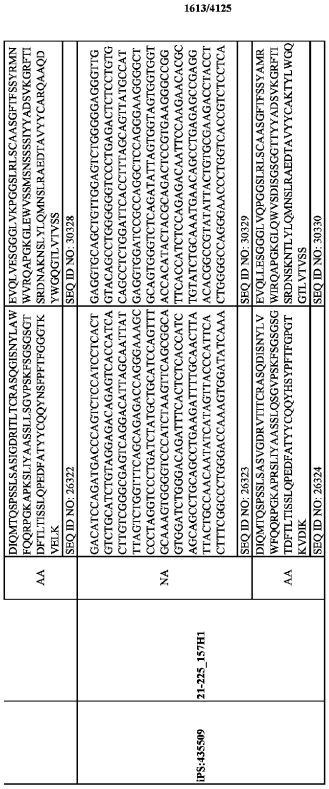
【図５０－７３６】



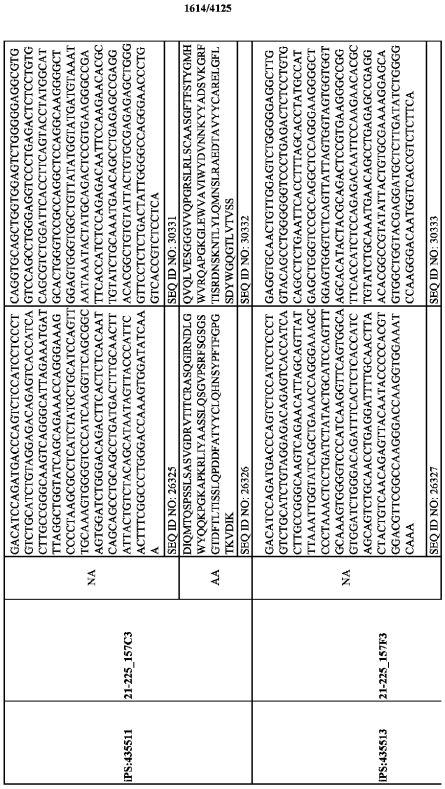
【図５０－７３７】



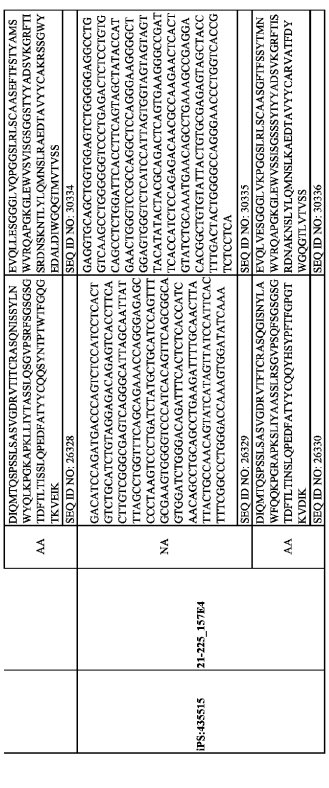
【図５０－７３８】



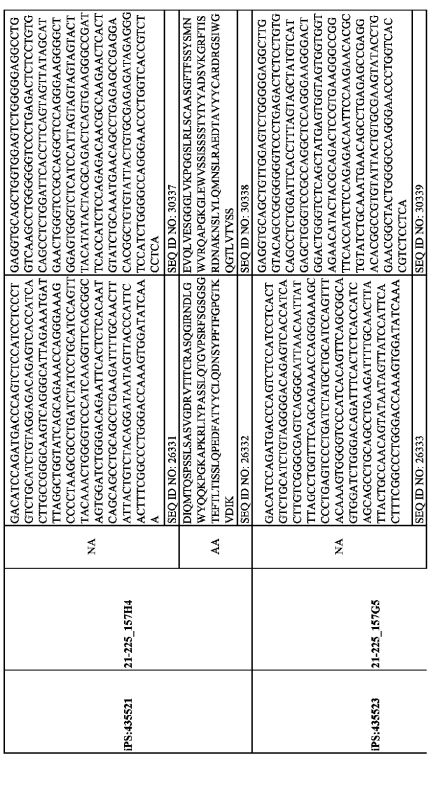
【図５０－７３９】



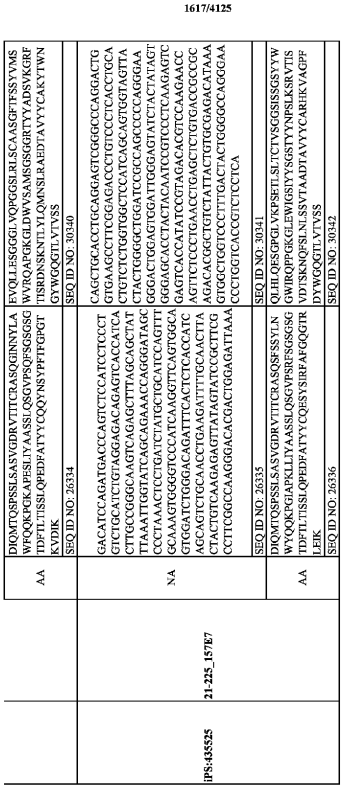
【図５０－７４０】



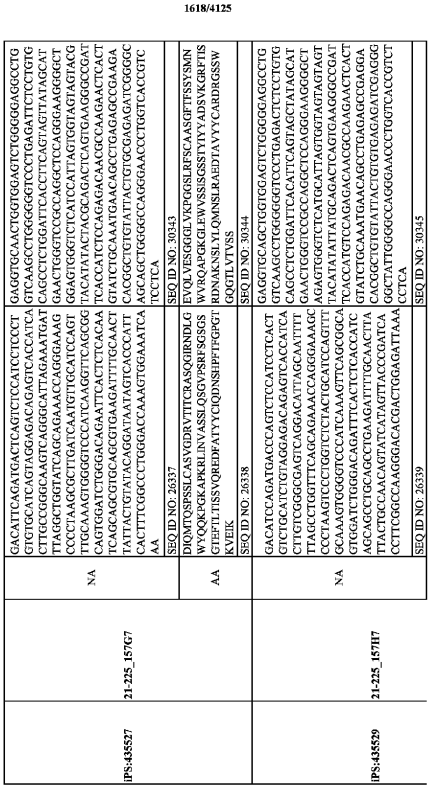
【図５０－７４１】



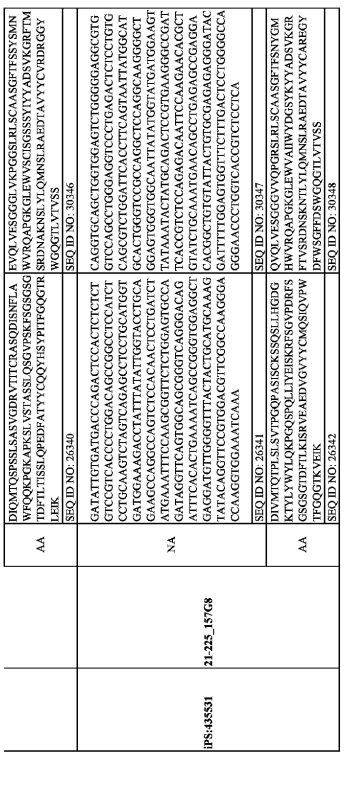
【図５０－７４２】



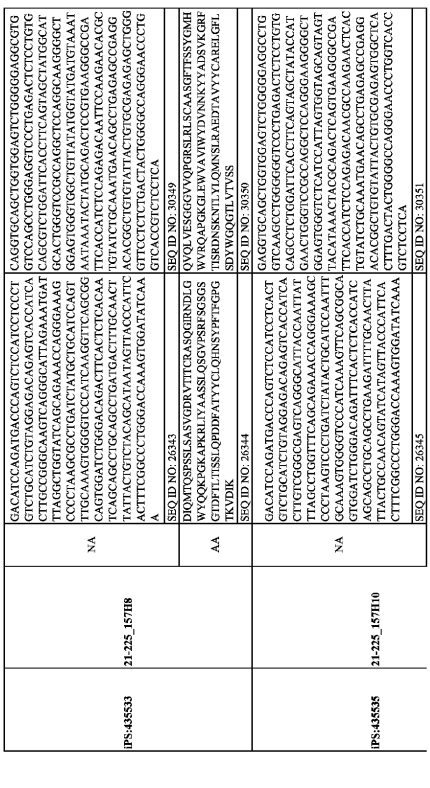
【図５０－７４３】



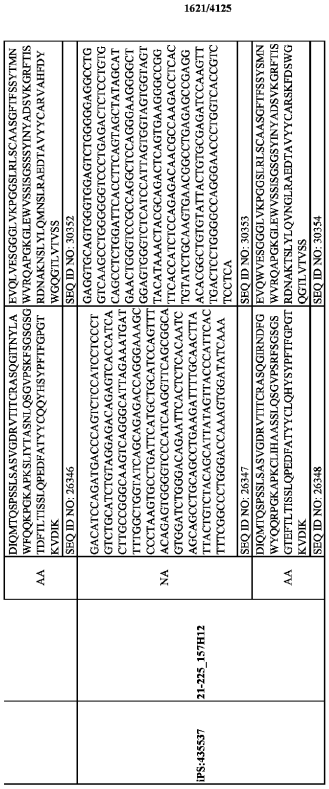
【図５０－７４４】



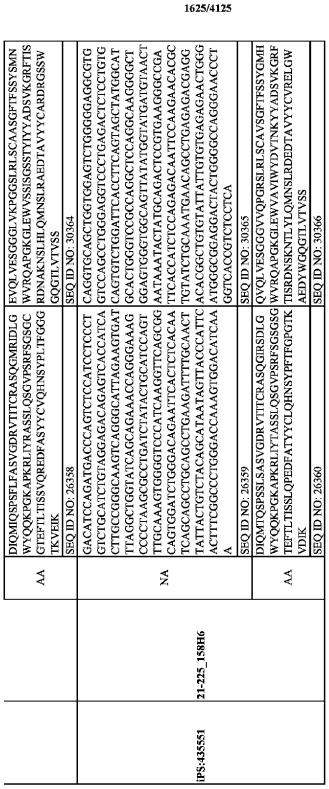
【図５０－７４５】



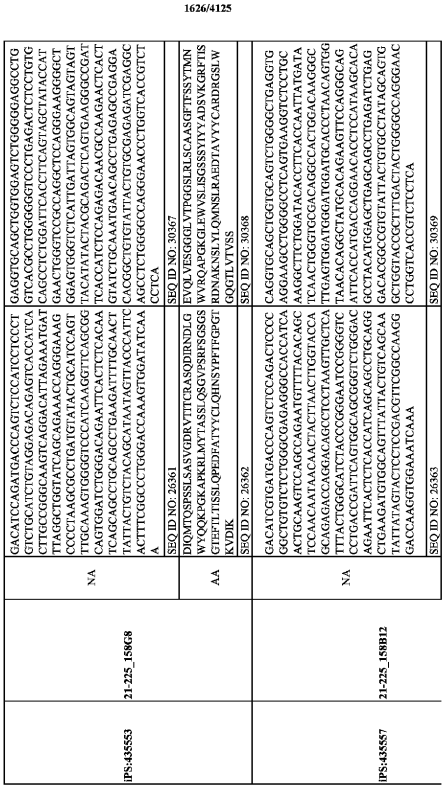
【図５０－７４６】


1621/4125
FIGURE 50
AA
NA
AA
NA
AA
NA

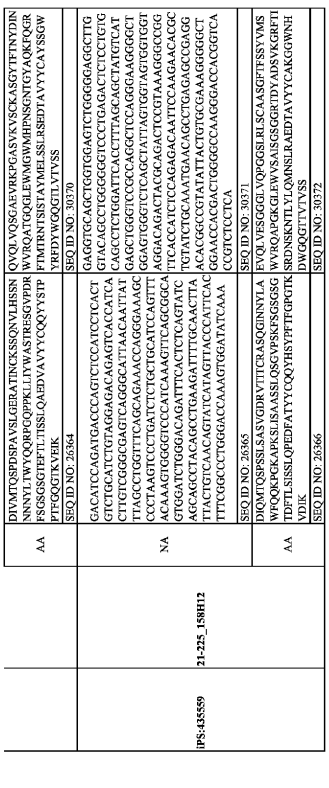
【図５０－７５０】



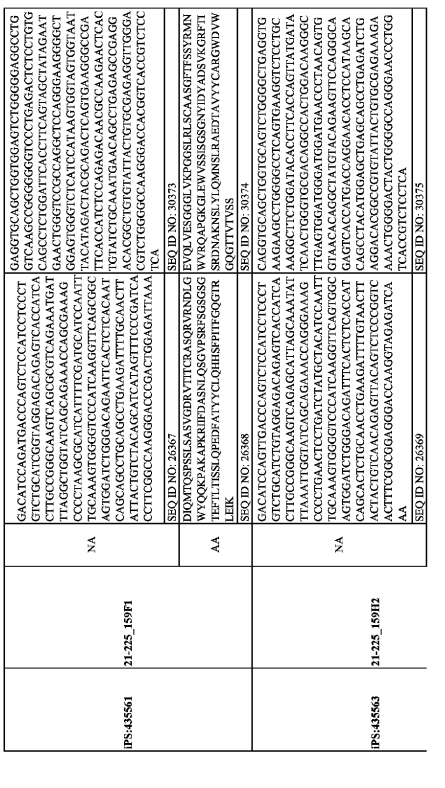
【図５０－７５１】



【図５０－７５２】



【図５０－７５３】


1628/4125
FIGURE 50
i

【図５０－７５４】

1629/4125

FIGURE 50

		AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLNW YQQKPGKAPELIYATSNLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSLPVTFGQGTK VEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDIN WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYVQKFQGR VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARKKTG DYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26370	SEQ ID NO: 30376
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCGAGTTCAGCGAAATAGAT TTAAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAACTCCTGATCTACGATGCCTCCAACTT TGGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTACCCTCGG ACAGTTGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCGAGTTCAGCGAAATAGAT TTAAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTACGATGCCTCCAACTT TGGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT ATTTCTGTCAACAATATGATAATCTCCCGATC ACCCTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA ACGTTCGGCCAAGGGACCAGGTGGAAATCA A
			SEQ ID NO: 26371	SEQ ID NO: 30377
iPS:435565	21-225_159C4	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISDYLN WYQQKPGKAPKLLIYDASTLETGVPSRFSGSGS GTDFTFTISSLQPEDIATYFCQQYDNLPITFGQGT RLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDMAVYYCARRSS WGQTGMDVWGHGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26372	SEQ ID NO: 30378

【図５０－７５５】

1630/4125

FIGURE 50

		AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDIN WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYVQKFQGR VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARKKTG DYWGQGTLVTVSS	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLNW YQQKPGKAPELIYATSNLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDIATYFCQQSYSLPVTFGQGTK VEIK
			SEQ ID NO: 30379	SEQ ID NO: 26373
iPS:435569	21-225_159C5	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGIH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARESS LSDYWGQGTLVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQTSQGIRNDLG WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDIATYYCLQHNSYPFTFGQGT KVDIK
			SEQ ID NO: 30380	SEQ ID NO: 26374
		NA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTGGCAGTTATATCATGATGGAAGCAA TACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGCGGTGG GTTCCTCTCTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG GTCACCGTCTCCTCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT ACACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTGGCTGTTATATCATGATGGAAGCAA TAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGCGGTGG GTTCCTCTCTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG GTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 30379	SEQ ID NO: 26373
iPS:435571	21-225_159C8	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGIH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDVNNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARESS LSDYWGQGTLVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQTSQGIRNDLG WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDIATYYCLQHNSYPFTFGQGT KVDIK
			SEQ ID NO: 30380	SEQ ID NO: 26374
		NA	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTTGCAGTTATATCATGATGGAAGCAA TAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGCGGTGG GTTCCTCTCTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG GTCACCGTCTCCTCA	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTTGCAGTTATATCATGATGGAAGCAA TAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGCGGTGG GTTCCTCTCTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG GTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 30381	SEQ ID NO: 26375

【図５０－７５６】

1631/4125

FIGURE 50

		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASRDVGNDLG WYQQKPGKAPKRLLISAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYSYPRTFGQGT KVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYVM SGWVDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26376	SEQ ID NO: 30382
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAAATAT TTAGTCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTTCA CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTAAGACTCTCTGTG CAGCCTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATACCAT GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGCT GGAGTGGGTCTCATCAGTTATTAGTAGTAGTAGT CACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCGAT TCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CACGGCTATATATTGTGCGAGAGTGGAGCTGG GCTGACTGCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC GTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26379	SEQ ID NO: 30385
IPS:435575	21-225_159H11	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLV WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSSPWTFGQ KVDIK	EVQLVESGFGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYTMN WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSSYIYYADSVKGRFTIS RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVSYWADC WGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26380	SEQ ID NO: 30386
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT GTCCGTCACCCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGCAGCCTCCTGCATAGT GATGGGAACACCTATTTGTATTGGTACCTGCA GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA GAAAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGCACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCGGACAGGGT TATACAGATTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGA CCAAGGTGGAAATCAAA	GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTAAGACTCTCTGTG CACGCCTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATACCAT CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAAATAT GGAAGTGGGTCTCATCAGTTATTAGTAGTAGT CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT TCACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCGT GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC GTCGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26381	SEQ ID NO: 30387
IPS:435577	21-225_160B1	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLV WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDIATYYCQQYNSYPFTFGPGT KVDIK	EVQLVESGFGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYTMN WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSSYIYYADSVKGRFTIS RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVSYWADC WGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26380	SEQ ID NO: 30386
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT GTCCGTCACCCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGCAGCCTCCTGCATAGT GATGGGAACACCTATTTGTATTGGTACCTGCA GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA GAAAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGCACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCGGACAGGGT TATACAGATTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGA CCAAGGTGGAAATCAAA	GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTAAGACTCTCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATACCAT CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAAATAT GGAAGTGGGTCTCATCAGTTATTAGTAGTAGT CCCTAACCCGTCTGATCTATGCTGCATCCAGTT TCACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26381	SEQ ID NO: 30387

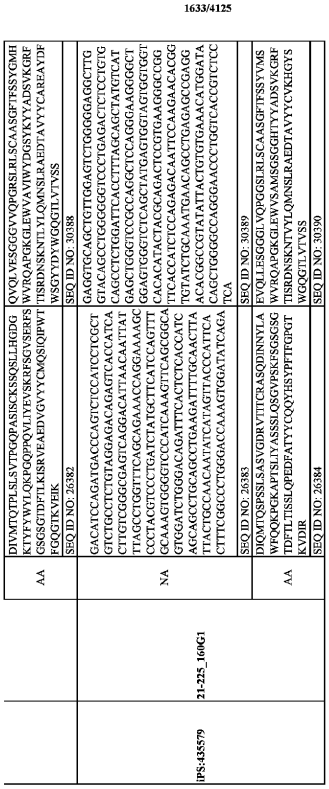
【図５０－７５７】

1632/4125

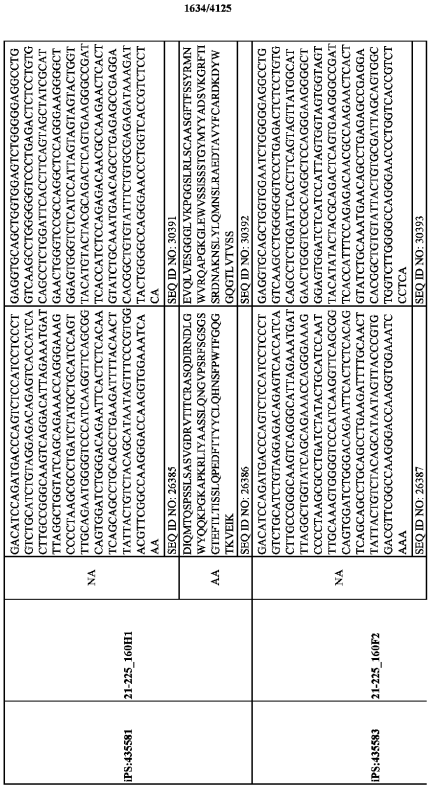
FIGURE 50

		AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLNW YQQKPGKAPELIYATSNLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDIATYYCQQSYSLPVTFGQGTK VEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDIN WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYVQKFQGR VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARKKTG DYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26370	SEQ ID NO: 30376
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT TTAGTCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTTCA CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTAAGACTCTCTGTG CAGCCTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATACCAT GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGCT GGAGTGGGTCTCATCAGTTATTAGTAGTAGTAT CACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCGAT TCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CACGGCTGTATATTACTGTGCGAGAGTGGAGCTGG GCTGACTGCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC GTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26379	SEQ ID NO: 30385
IPS:435573	21-225_159D8	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISDYLN WYQQKPGKAPKLLIYDASTLETGVPSRFSGSGS GTDFTFTISSLQPEDIATYFCQQYDNLPITFGQGT RLEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDMAVYYCARRSS WGQTGMDVWGHGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26372	SEQ ID NO: 30378
IPS:435577	21-225_160B1	AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLNW YQQKPGKAPELIYATSNLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDIATYYCQQSYSLPVTFGQGTK VEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDIN WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYVQKFQGR VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARKKTG DYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26370	SEQ ID NO: 30376
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCGAGTTCAGCGAAATAGAT TTAAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAACTCCTGATCTACGATGCCTCCAACTT TGGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTACCCTCGG ACAGTTGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCGAGTTCAGCGAAATAGAT TTAAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTACGATGCCTCCAACTT TGGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT ATTTCTGTCAACAATATGATAATCTCCCGATC ACCCTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA ACGTTCGGCCAAGGGACCAGGTGGAAATCA A
			SEQ ID NO: 26371	SEQ ID NO: 30377
IPS:435579	21-225_160B3	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLN WYQQKPGKAPELIYATSNLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDIATYYCQQSYSLPVTFGQGTK VEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDMAVYYCARRSS WGQTGMDVWGHGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26370	SEQ ID NO: 30376
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCGAGTTCAGCGAAATAGAT TTAAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAACTCCTGATCTACGATGCCTCCAACTT TGGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTACCCTCGG ACAGTTGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCGAGTTCAGCGAAATAGAT TTAAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTACGATGCCTCCAACTT TGGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT ATTTCTGTCAACAATATGATAATCTCCCGATC ACCCTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA ACGTTCGGCCAAGGGACCAGGTGGAAATCA A
			SEQ ID NO: 26371	SEQ ID NO: 30377
IPS:435581	21-225_160B4	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLN WYQQKPGKAPELIYATSNLQSGVPSRFSGSGSGT DFTLTISSLQPEDIATYYCQQSYSLPVTFGQGTK VEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDMAVYYCARRSS WGQTGMDVWGHGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26370	SEQ ID NO: 30376
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCGAGTTCAGCGAAATAGAT TTAAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAACTCCTGATCTACGATGCCTCCAACTT TGGAAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGA AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACATT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTACCCTCGG ACAGTTGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAAATAT TTAGTCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTTCA CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26379	SEQ ID NO: 30385
IPS:435583	21-225_160B5	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLV WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDIATYYCQQSYSSPWTFGQ KVDIK	EVQLVESGFGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYTMN WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSSYIYYADSVKGRFTIS RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVSYWADC WGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26380	SEQ ID NO: 30386
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT GTCCGTCACCCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGCAGCCTCCTGCATAGT GATGGGAACACCTATTTGTATTGGTACCTGCA GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA GAAAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGCACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCGGACAGGGT TATACAGATTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGA CCAAGGTGGAAATCAAA	GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTAAGACTCTCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATACCAT CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT GGAAGTGGGTCTCATCAGTTATTAGTAGTAGT CCCTAACCCGTCTGATCTATGCTGCATCCAGTT TCACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26381	SEQ ID NO: 30387
IPS:435585	21-225_160B8	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLV WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDIATYYCQQSYSSPWTFGQ KVDIK	EVQLVESGFGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYTMN WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSSYIYYADSVKGRFTIS RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVSYWADC WGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26380	SEQ ID NO: 30386
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT GTCCGTCACCCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAAGTCTAGCAGCCTCCTGCATAGT GATGGGAACACCTATTTGTATTGGTACCTGCA GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA GAAAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGCACAG ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCGGACAGGGT TATACAGATTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGA CCAAGGTGGAAATCAAA	GAAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTAAGACTCTCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATACCAT CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT GGAAGTGGGTCTCATCAGTTATTAGTAGTAGT CCCTAACCCGTCTGATCTATGCTGCATCCAGTT TCACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
			SEQ ID NO: 26381	SEQ ID NO: 30387

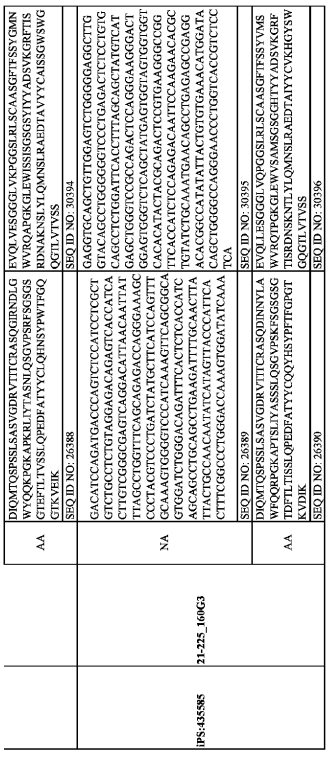
【図５０－７５８】



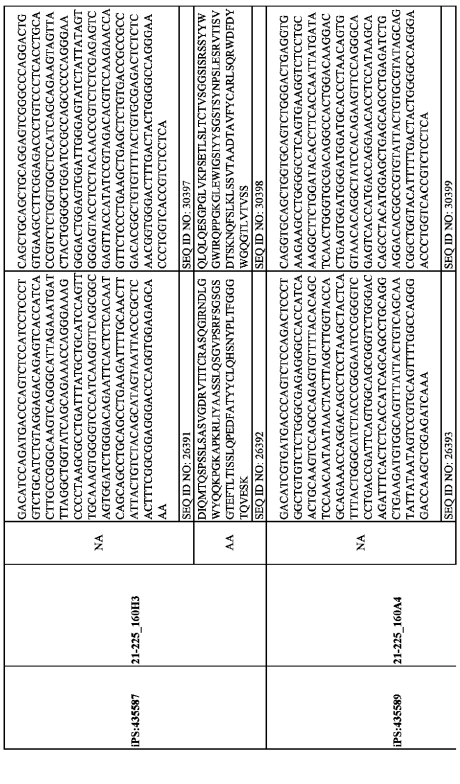
【図５０－７５９】



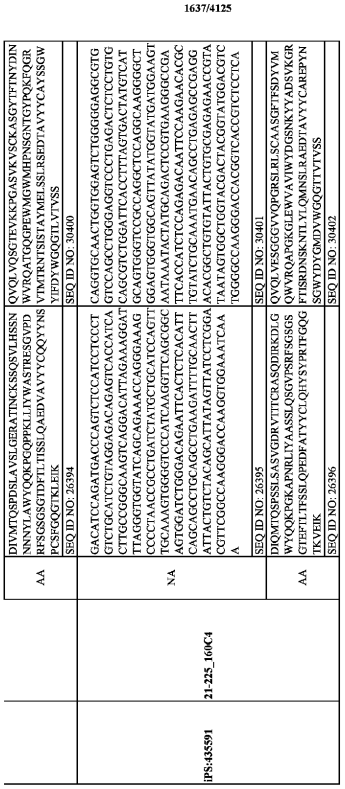
【図５０－７６０】



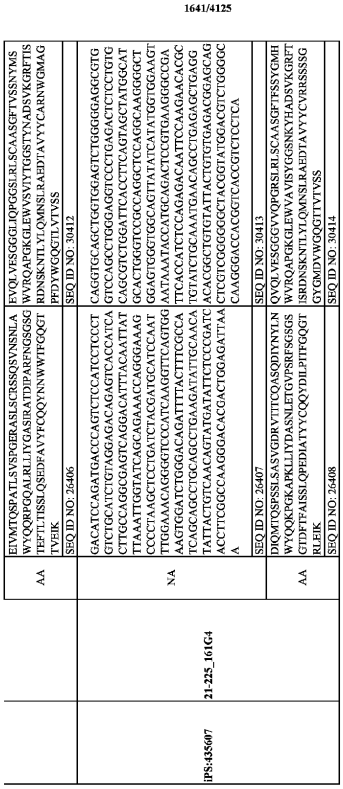
【図５０－７６１】



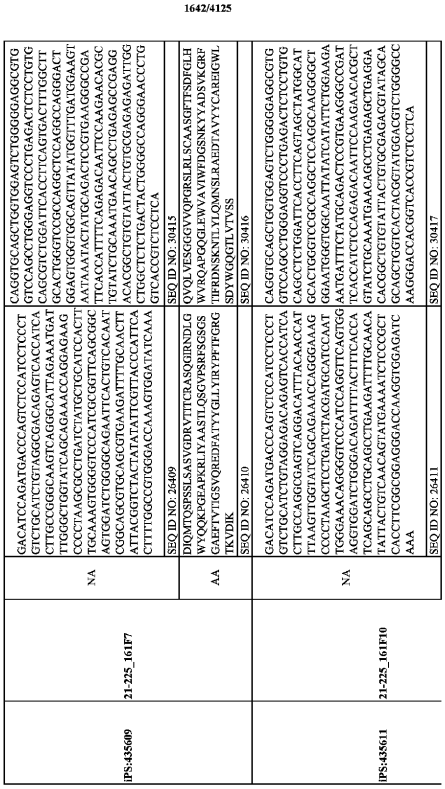
【図５０－７６２】


1637/4125
FIGURE 50
iPS:435591
21-225_160C4
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYNS
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 26394
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTTATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTATCCTCGGA
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26395
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLV
WFQQKLGKAPKSLIYYASSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26396
NA
GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTATCCTCGGA
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26397
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLV
WFQQKPGKAPKRLINVASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSVQPEDFATYYCQQYNSYPLTFGQG
KVEIK
SEQ ID NO: 26398
NA
GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTATCCTCGGA
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26399
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYNS
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 26400
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTATCCTCGGA
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26401
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLV
WFQQKLGKAPKSLIYYASSLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHSSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26402
NA
GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTATCCTCGGA
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26403
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVGEV
AGDYYFGMEVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26404
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTTTGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTGATTATGATGGAAGT
TTATATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATT
CACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTG
TATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGTCGGGGGC
AGCAGCTGGTACGACTACTACTACGGTATGGACG
TCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
A
SEQ ID NO: 26405
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVGEV
AGDYYFGMEVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26406
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTATCCTCGGA
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26407
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLV
WFQQKPGKAPKRLINVASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSVQPEDFATYYCQHDSNSLRAEDTA
VYYCARFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26408
NA
GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAGCATTATAGTTATCCTCGGA
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26409
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVGEV
AGDYYFGMEVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26410
NA
GCTATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCTG
TCCGTCACCCTCGGACAGCCGGCCTCCATCTC
CTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGTG
ATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTTACTTGCAG
AAGCCAGGCCAGCCTCCTCACACTCCTGATCTA
TGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAG
ATAGGTTCAGTGGCAGCGGTGAGGGTCAGGA
TTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCTG
AGGATGTGGGCTTTATTACTGCAGTCAAGGT
ATACAGCTTCCGTGGACGTTTGTCCAAGGGAC
CAAGGTGGAAATCACA
SEQ ID NO: 26411
AA
AIVMTQTPLSLSVTPGQPASICKSSQSLLHGDG
KTYLYWYLQKPGQPPLLIYEVSKRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGLYYCMQSQLPW
TFVQGTKVEIT
SEQ ID NO: 26412
NA
GCTATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCTG
TCCGTCACCCTCGGACAGCCGGCCTCCATCTC
CTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGTG
ATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTTACTTGCAG
AAGCCAGGCCAGCCTCCTCACACTCCTGATCTA
TGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAG
ATAGGTTCAGTGGCAGCGGTGAGGGTCAGGA
TTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCTG
AGGATGTGGGCTTTATTACTGCAGTCAAGGT
ATACAGCTTCCGTGGACGTTTGTCCAAGGGAC
CAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26413
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVGEV
AGDYYFGMEVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26414
NA
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCTCCCTCT
CCCTGCAGGTCCAGAGTGTTAACAGCAACC
TTAGCCTGGTCCAGCAGAGGCCTGGCCAGGC
TCTCAGGCTCCTCATCTATGGTGCCATCAGCA
GGCCACTGATATCCCAGCCAGGTTCAATGGCA
GTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGAGTTCAGCGAAGATGTTGCA
GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCT
CGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26415
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26416
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26417
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26418
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26419
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26420
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26421
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26422
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26423
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26424
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26425
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26426
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26427
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26428
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26429
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26430
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26431
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26432
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26433
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26434
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26435
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26436
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26437
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26438
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26439
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26440
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26441
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26442
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26443
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26444
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26445
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26446
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26447
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26448
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26449
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26450
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26451
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26452
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26453
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26454
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26455
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26456
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26457
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26458
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26459
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26460
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26461
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26462
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACC
ATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGT
TTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 26463
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPPWTF
GQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26464
NA
GAAATTGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCA
ACTTAGCCTGGT

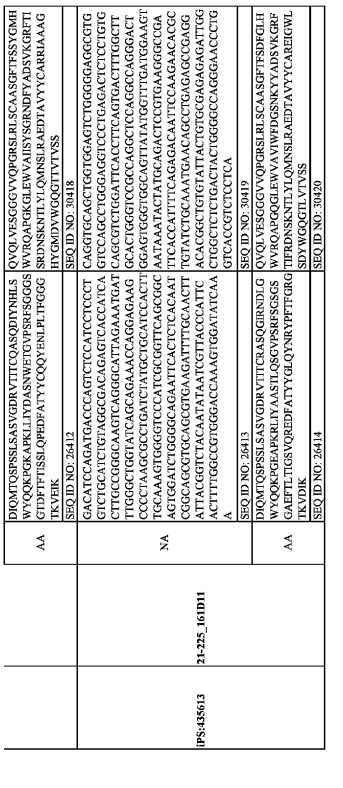
【図５０－７６６】



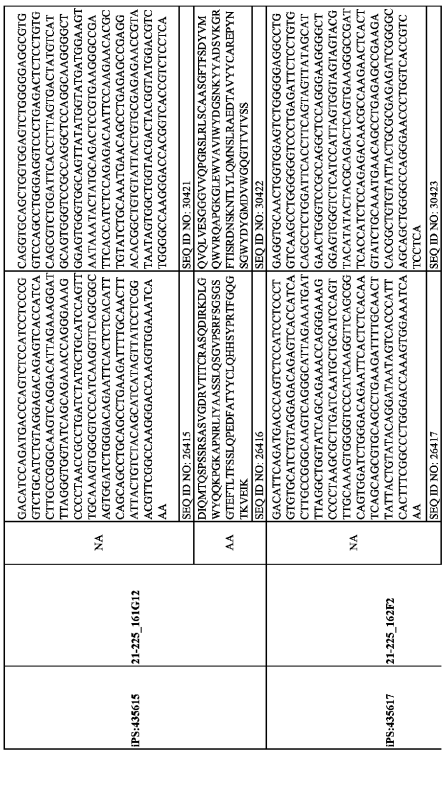
【図５０－７６７】



【図５０－７６８】



【図５０－７６９】



10

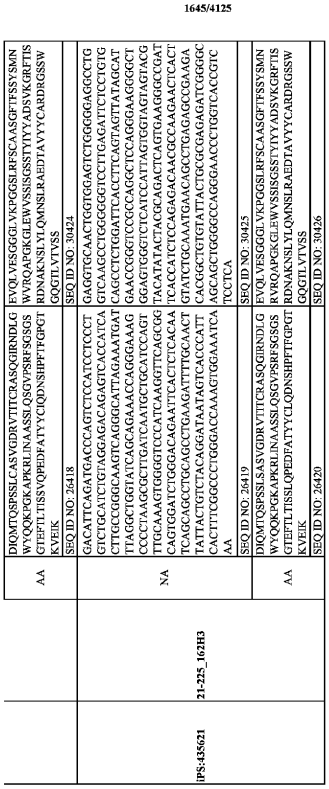
20

30

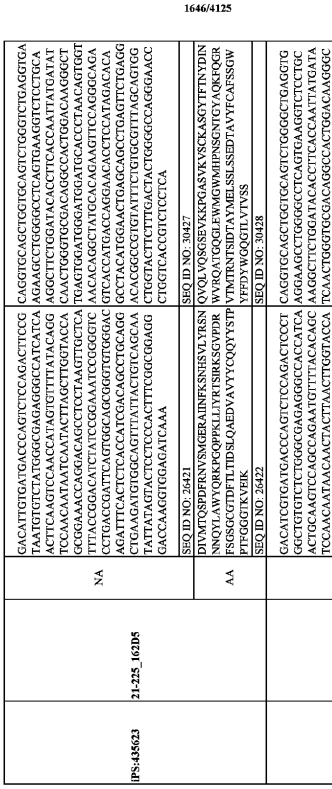
40

50

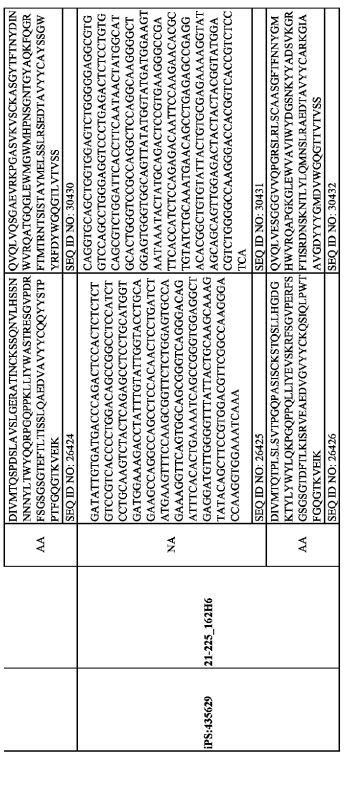
【図５０－７７０】



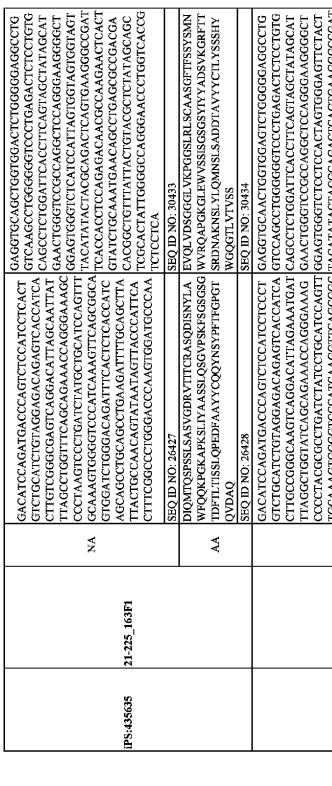
【図５０－７７１】



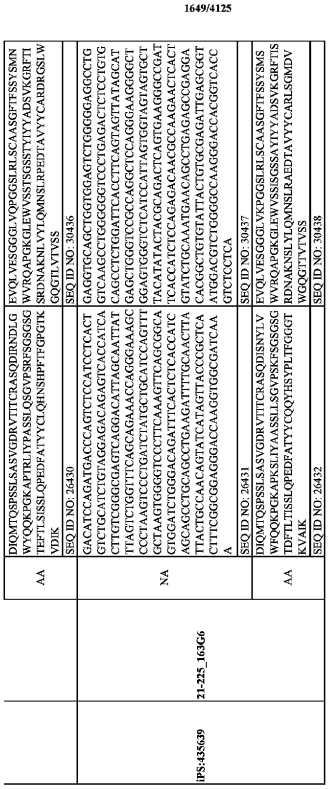
【図５０－７７２】



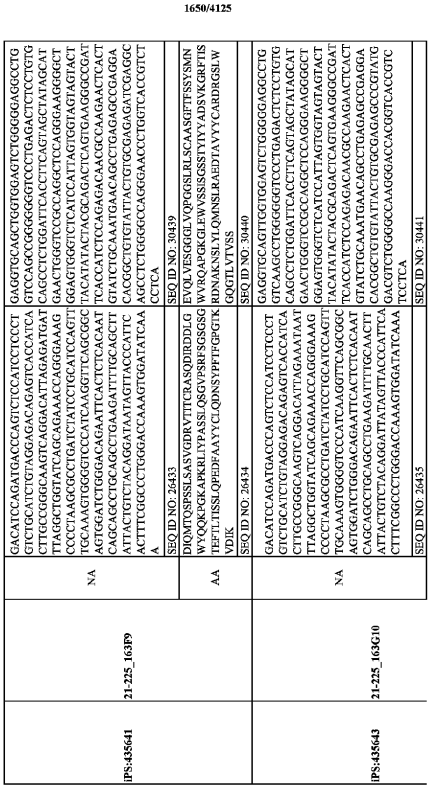
【図５０－７７３】



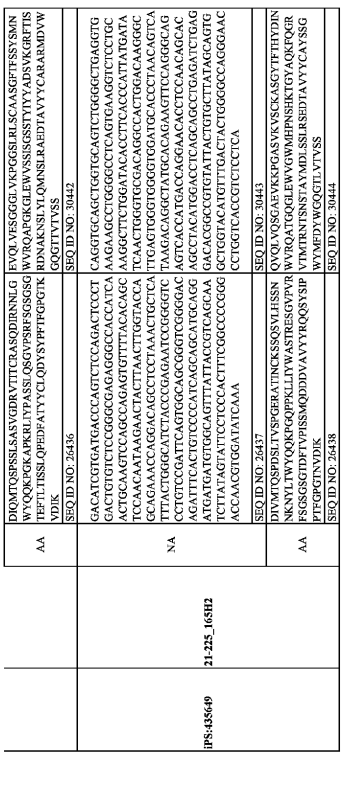
【図５０－７７４】



【図５０－７７５】

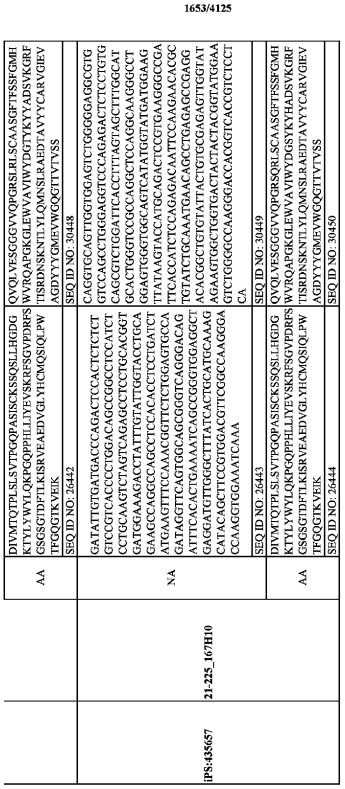


【図５０－７７６】

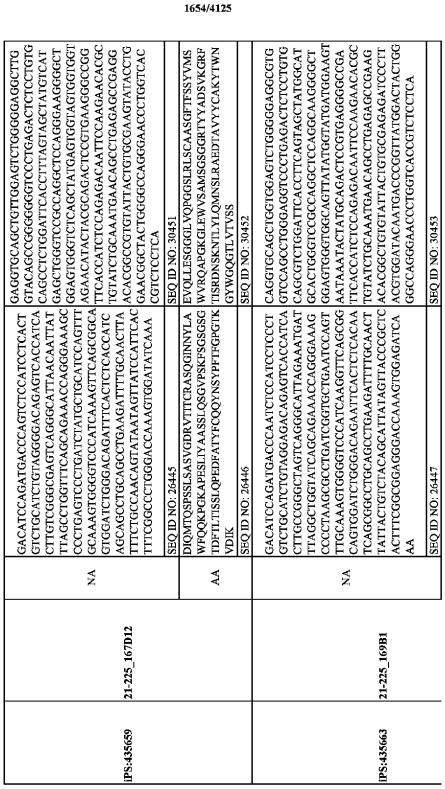


【図５０－７７７】

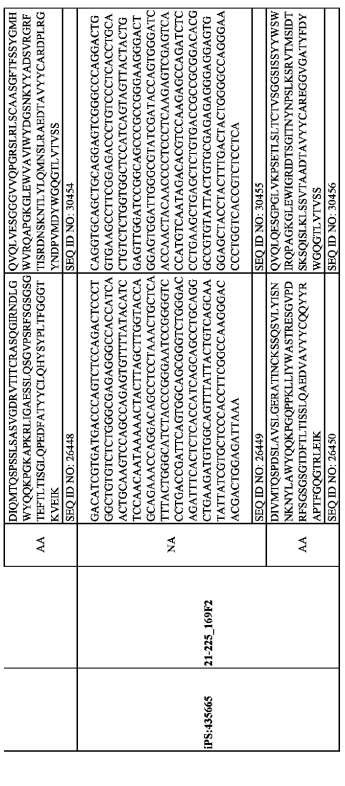
【図５０－７７８】



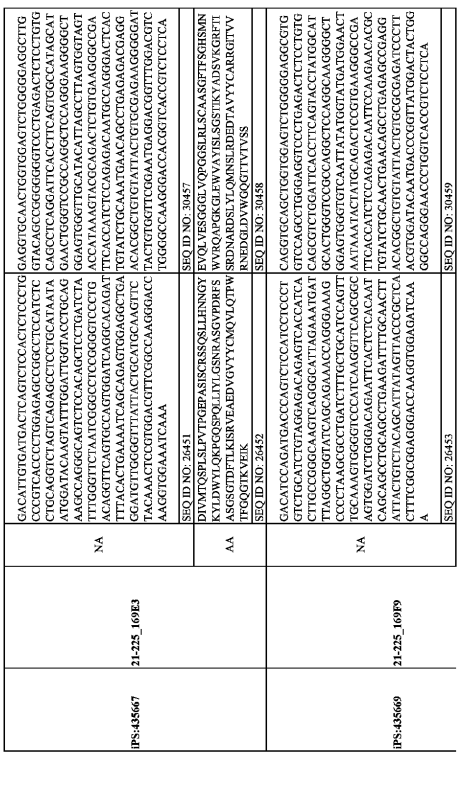
【図５０－７７９】



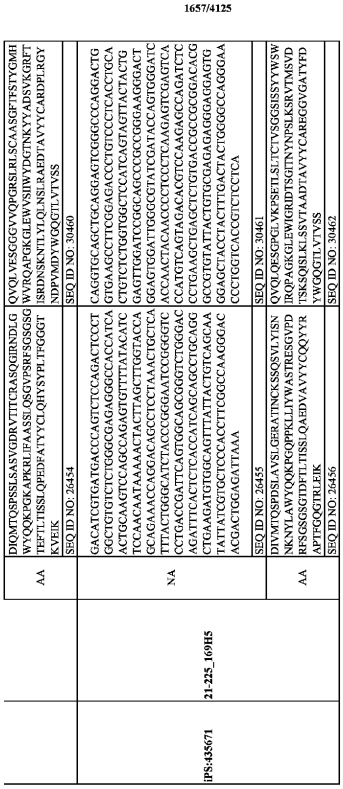
【図５０－７８０】



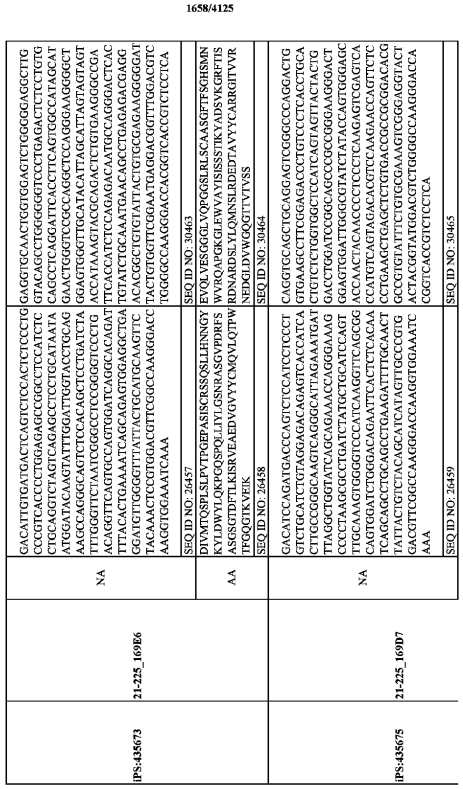
【図５０－７８１】



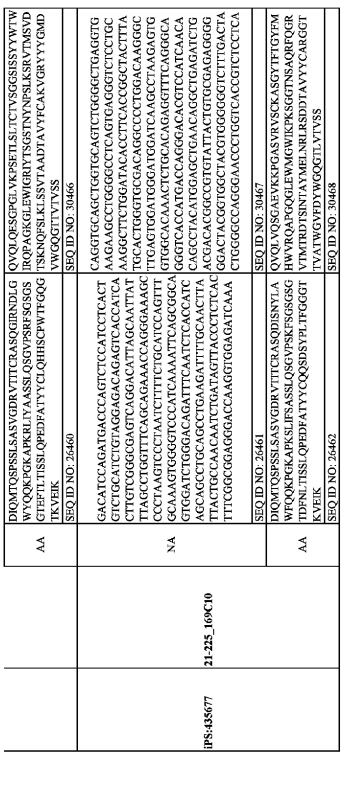
【図５０－７８２】



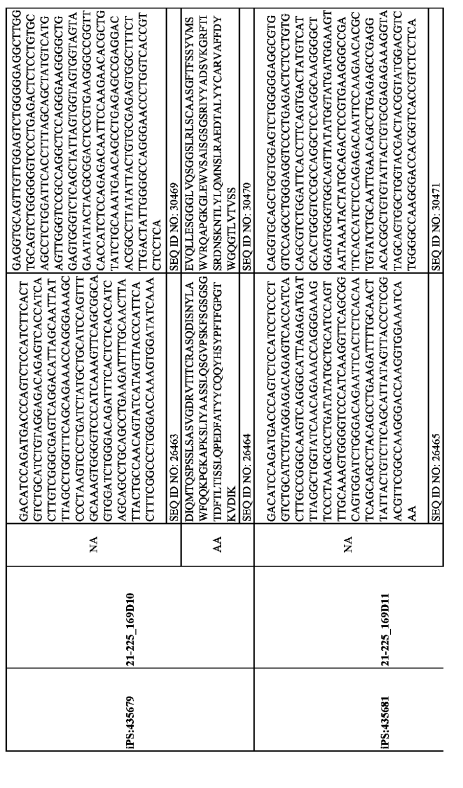
【図５０－７８３】



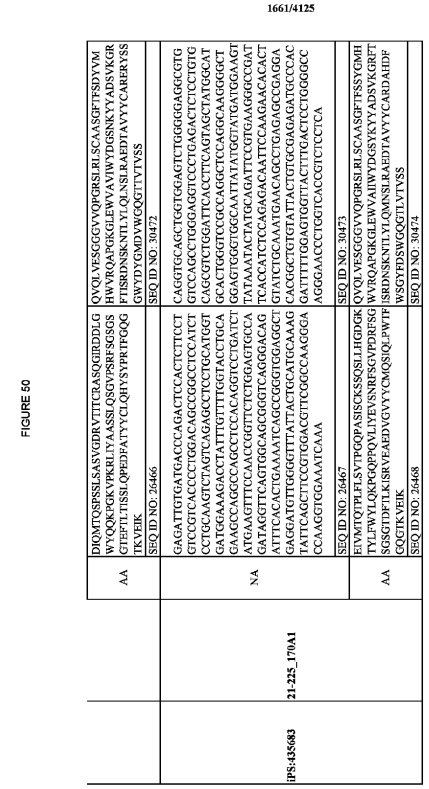
【図５０－７８４】



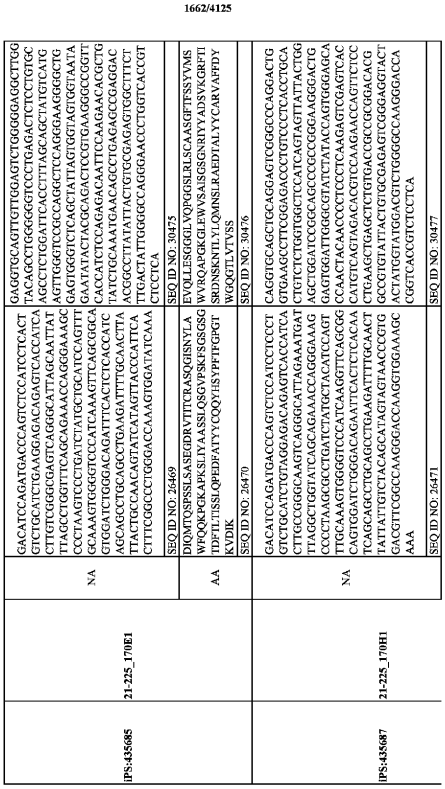
【図５０－７８５】



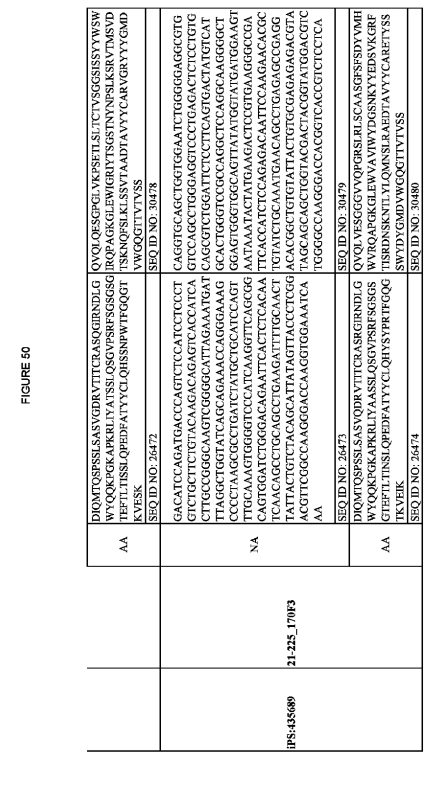
【図５０－７８６】



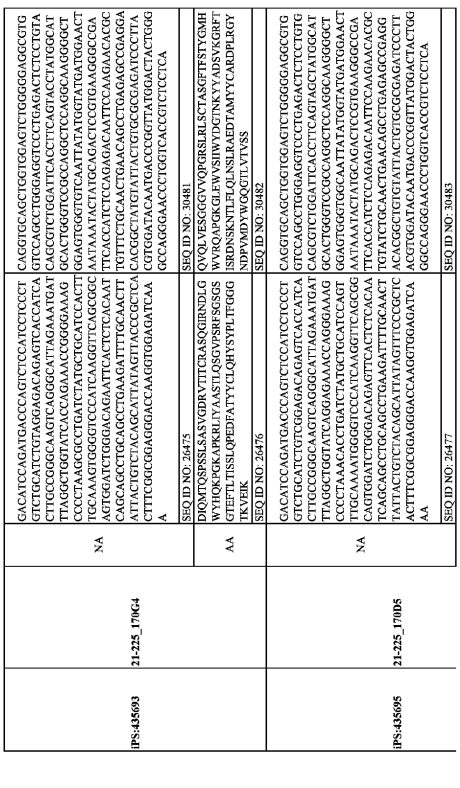
【図５０－７８７】



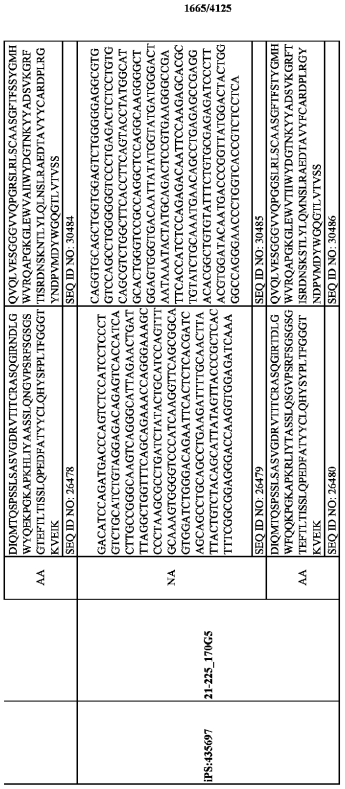
【図５０－７８８】



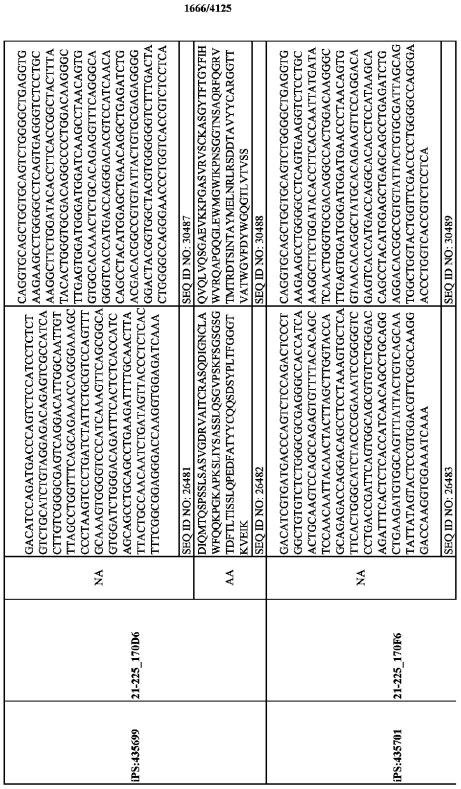
【図５０－７８９】



【図５０－７９０】


1665/4125
FIGURE 50
iPS:435697
21-225_170G5
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQEKPGKAPKHLIYAASSLQNGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYSPPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26478
SEQ ID NO: 30490
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCTAAAGCGCCTGATCTATGCTGCATTCCAGT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26479
SEQ ID NO: 26480
iPS:435698
21-225_170D5
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRTDLG
WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDYNYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 30485
SEQ ID NO: 30486
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCGCCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTGGCAATTGT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGATCTATTCTGCGTCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAATCTGATAGTTACCCTCTCAC
TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26481
SEQ ID NO: 26482
iPS:435699
21-225_170D6
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVAITCRASQDIGNCLA
WFQQKPGKAPKSLIYSASSLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSDSTPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 30487
SEQ ID NO: 30488
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTTTA
TGAGCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATTCTGCGTCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAATCTGATAGTTACCCTCTCAC
TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26483
SEQ ID NO: 30489

【図５０－７９１】



【図５０－７９２】

【図５０－７９３】

10

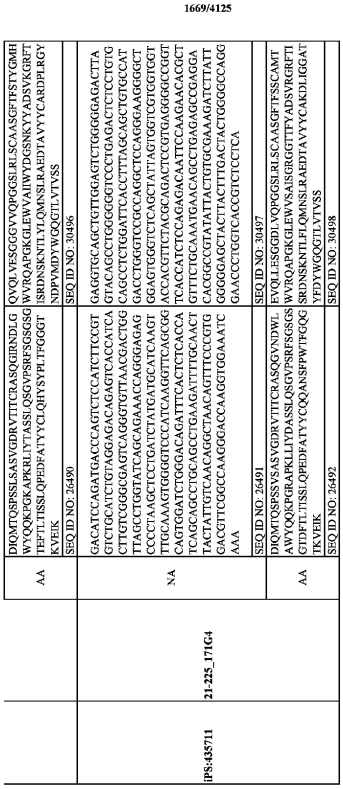
20

30

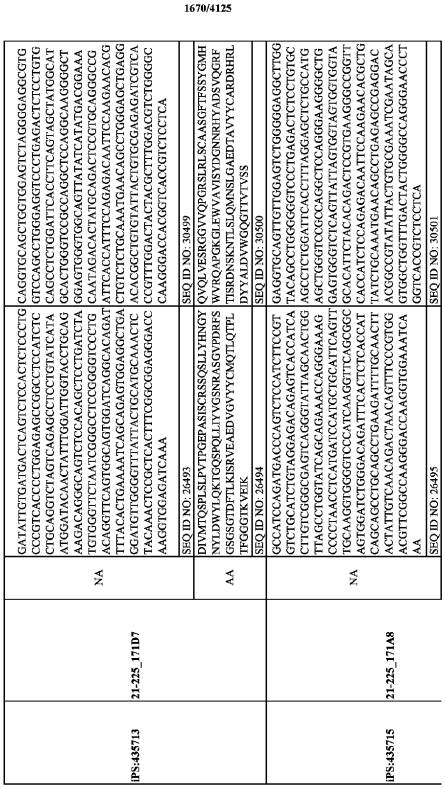
40

50

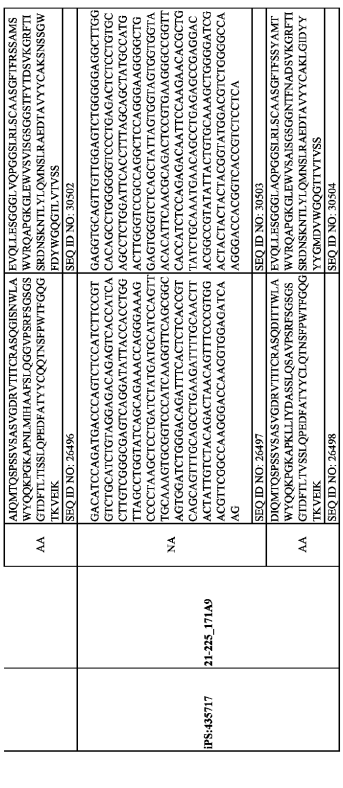
【図５０－７９４】



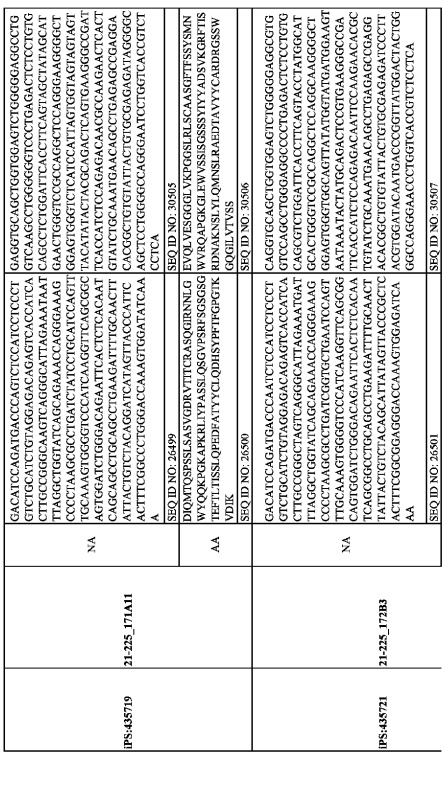
【図５０－７９５】



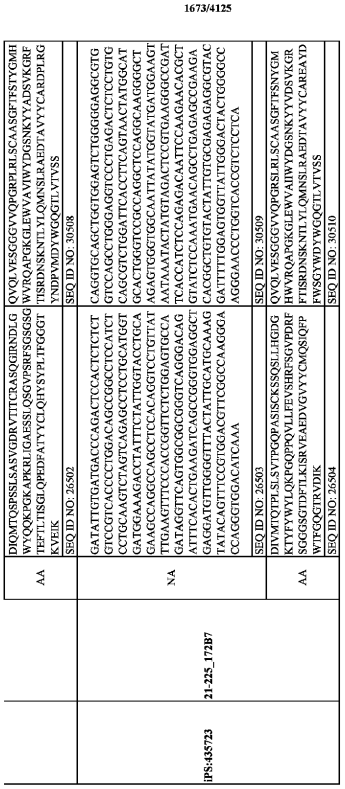
【図５０－７９６】



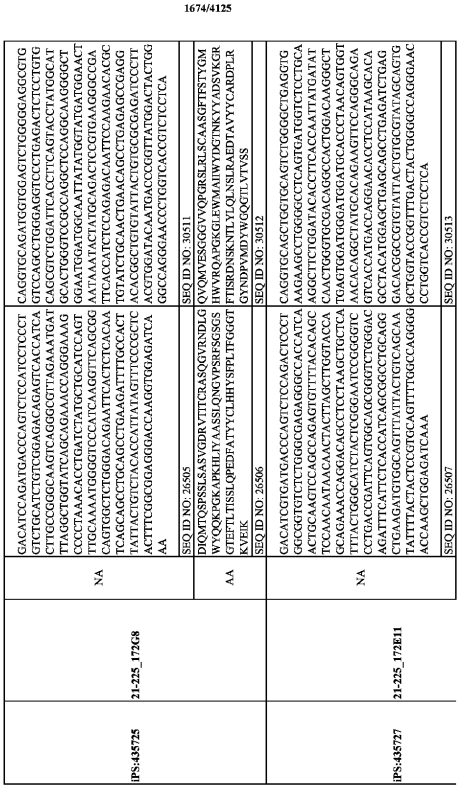
【図５０－７９７】



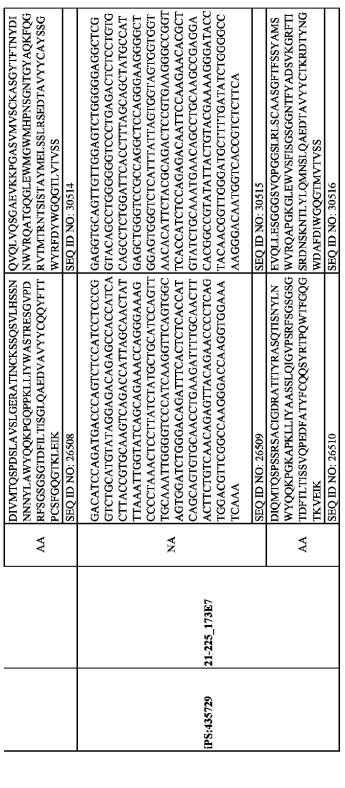
【図５０－７９８】


1673/4125
FIGURE 50
iPS:435723
21-225_172B7
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDNDLG
WYQQKPGKAPKRLIGAESSLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHVSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26502
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCCT
GTCCGTCACCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT
CTTACCGTGCAAGTCAGACCATTAGCAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAATTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGTGCAACCTGAAGATTTGCAACTT
ACTTCTGTCAACAGAGTTACAGAACCCCTCAG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 26504
SEQ ID NO: 30510
iPS:435724
21-225_172B8
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26505
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTTCCCTCCT
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26506
SEQ ID NO: 30511
iPS:435725
21-225_172C8
AA
NA
DIQMTQSPSSLSAASVGDRVTITCRASQGVRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQNGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLHHYSPFLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26507
CAGGTGCAGATGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGC
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGC
TTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGA
AGCAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCG
GGCCAGGGGACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30512
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
GAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGAT
CGGGCCAGGGGACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30513

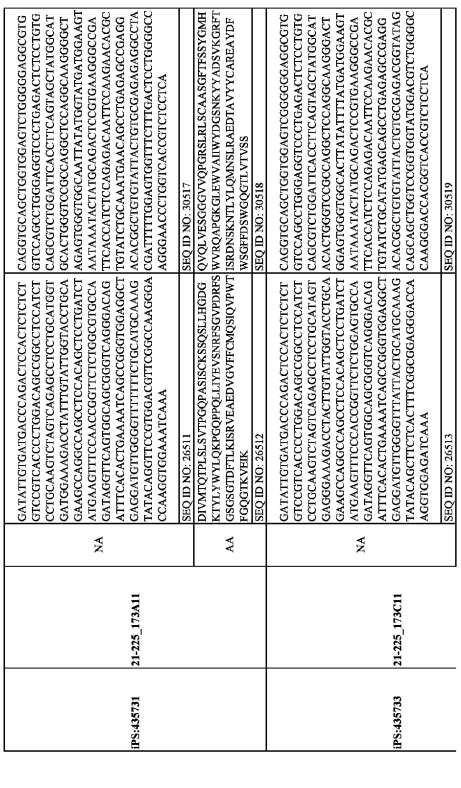
【図５０－７９９】


1674/4125
FIGURE 50
iPS:435727
21-225_172E11
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQNGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLHHYSPFLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26506
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTTCCCTCCT
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26507
CAGGTGCAGATGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGC
ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGC
TTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGA
AACAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCC
GATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCG
GGCCAGGGGACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30513

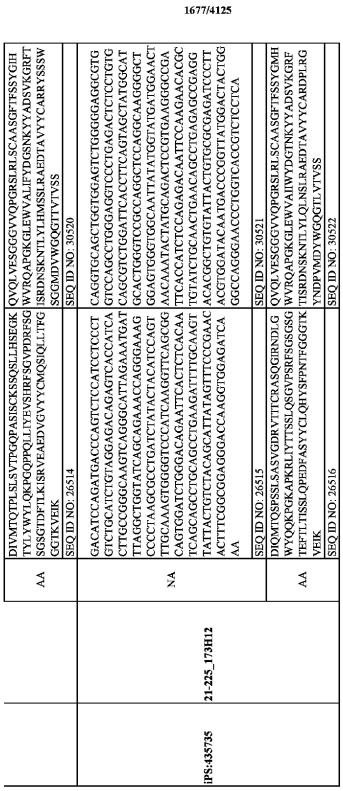
【図５０－８００】


1675/4125
FIGURE 50
iPS:435729
21-225_173B7
AA
NA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFILTISGLQAEDVAVYYCQQYYFT
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 26508
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCC
GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTACCGTGCAAGTCAGACCATTAGCAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGT
TGCAAATTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGTGCAACCTGAAGATTTGCAACTT
ACTTCTGTCAACAGAGTTACAGAACCCCTCAG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 26509
SEQ ID NO: 30515
iPS:435730
21-225_173C7
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPYSFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26510
SEQ ID NO: 30516
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGACCTGGGAGGTCCCTCAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCT
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AGAGTACATTACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
GAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGAT
CGGGCCAGGGGACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26511
SEQ ID NO: 30517
iPS:435731
21-225_173A11
AA
NA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHGDG
KTYLAWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVFFCMQSIQVPWT
FGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26512
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGACAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATGGT
GATGGAAACACCTATTTGTATTGGCTTCAGCAG
AAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCTA
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TATACAGCTTCCCATTCACTGCGGCCAAGGGA
CACGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26513
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTTCCCTCCT
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26514
SEQ ID NO: 30518
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGACCTGGGAGGTCCCTCAGACTCTCCTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATGCTA
TGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AGTACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATCGG
GCCAGGGGACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30519

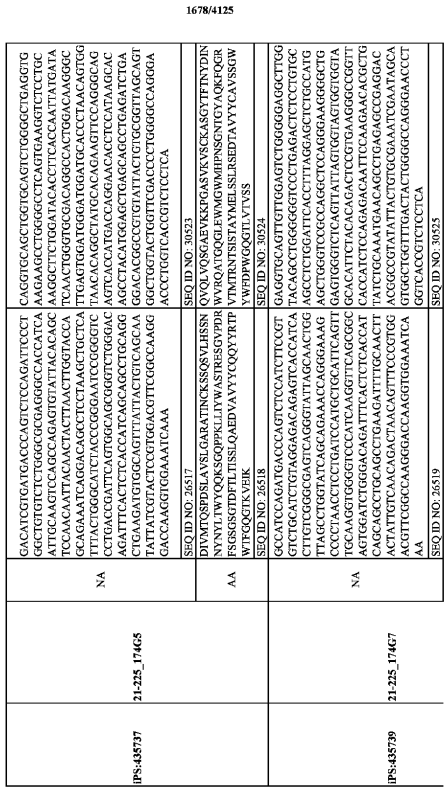
【図５０－８０１】



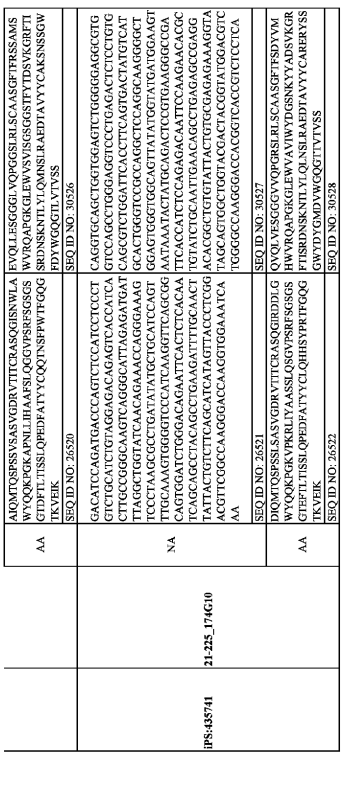
【図５０－８０２】



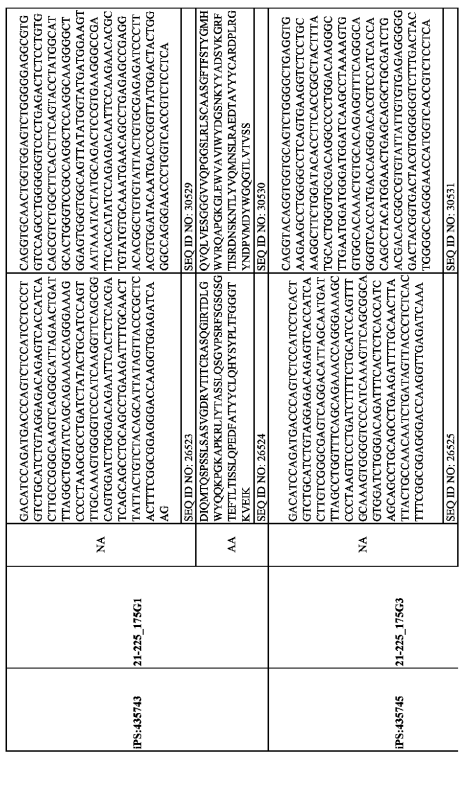
【図５０－８０３】



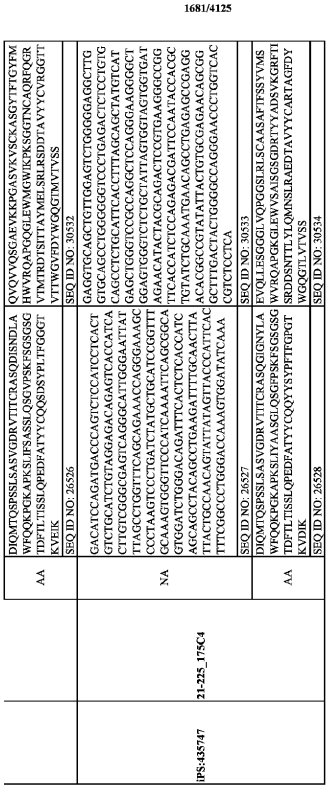
【図５０－８０４】



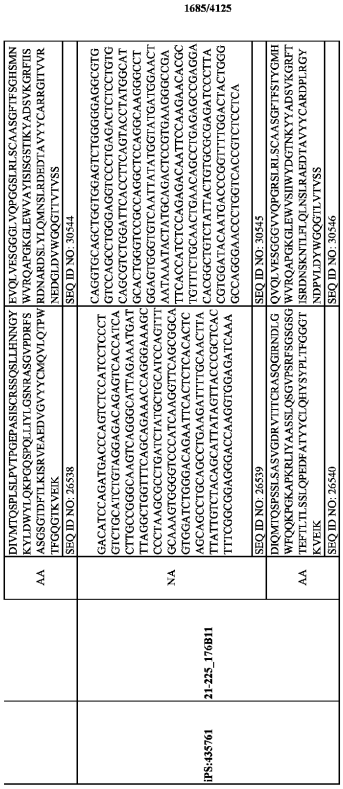
【図５０－８０５】



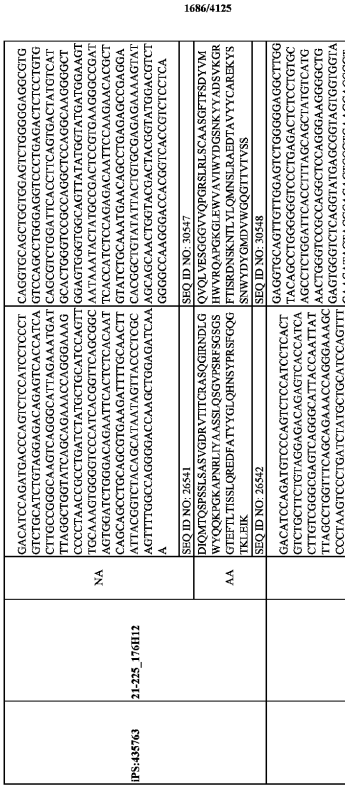
【図５０－８０６】


1681/4125
FIGURE 50
iPS:435747
21-225_175C4
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINYLA
WFQQKPGKAPKSLIFSASSLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPFTFGPGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26526
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGTATA
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATT
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATTATAGTTACCCATTCAC
TTTCGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26527
iPS:435747
21-225_175C4
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASQLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSTFPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 26528
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGTTA
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTACAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATTATAGTTACCCATTCAC
TTTCGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26527
iPS:435747
21-225_175C4
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASQLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYTSFPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 26528
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGTTA
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTACAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATTATAGTTACCCATTCAC
TTTCGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26528
iPS:435747
21-225_175C4
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASQLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYTSFPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 26528
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAGTTA
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTACAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATTATAGTTACCCATTCAC
TTTCGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26527
iPS:435747
21-225_175C4
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASQLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYST

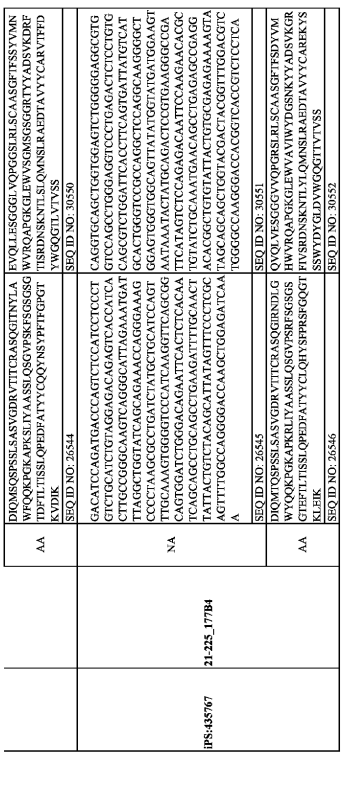
【図５０－８１０】



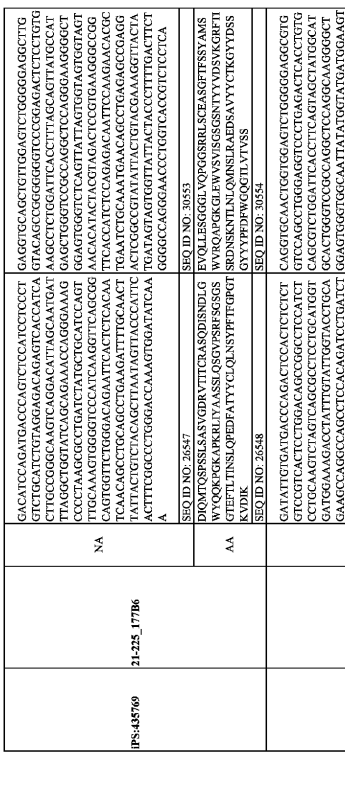
【図５０－８１１】



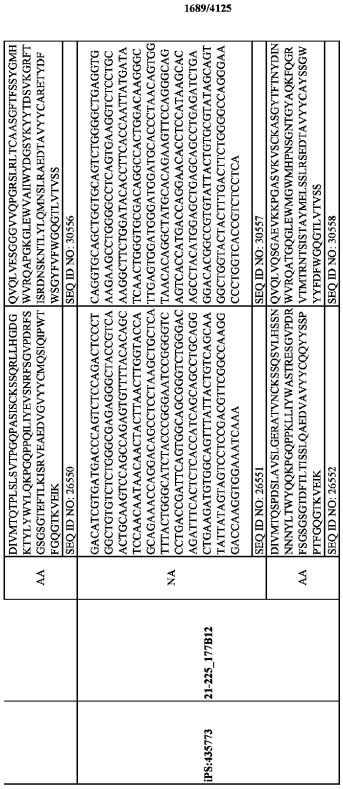
【図５０－８１２】



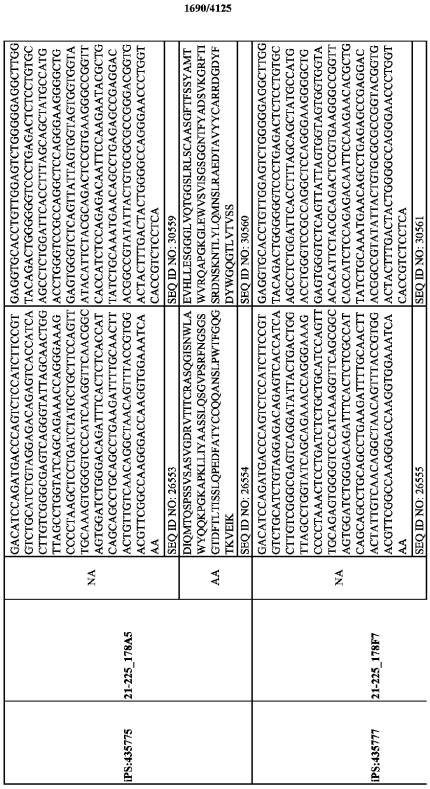
【図５０－８１３】



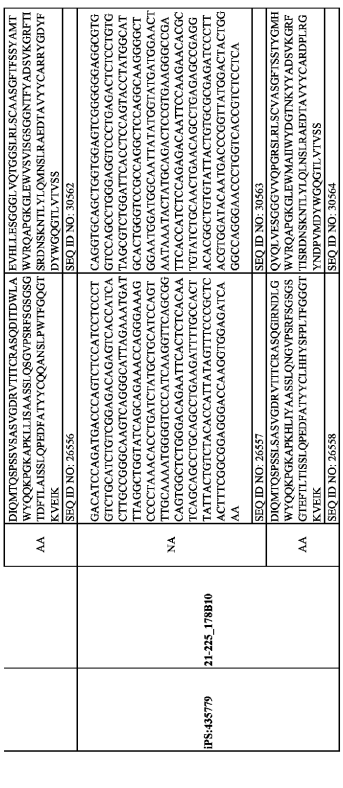
【図５０－８１４】



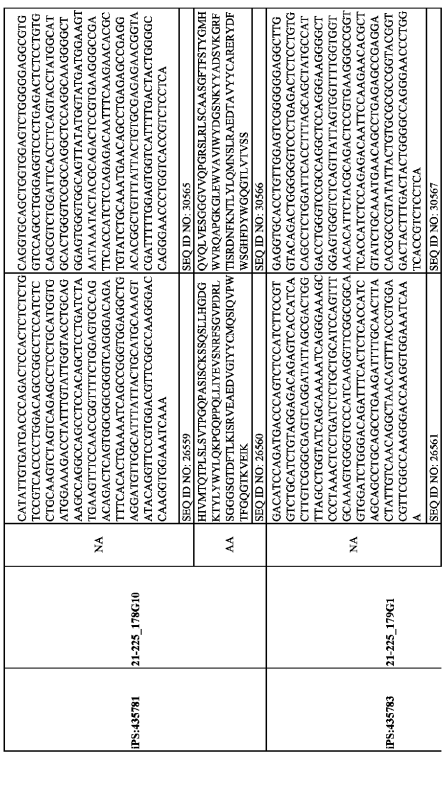
【図５０－８１５】



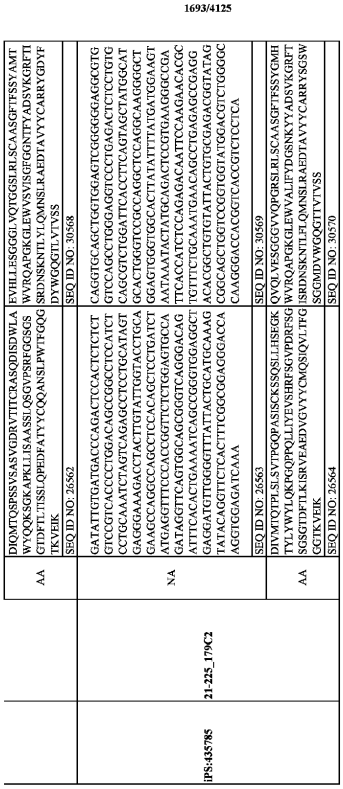
【図５０－８１６】



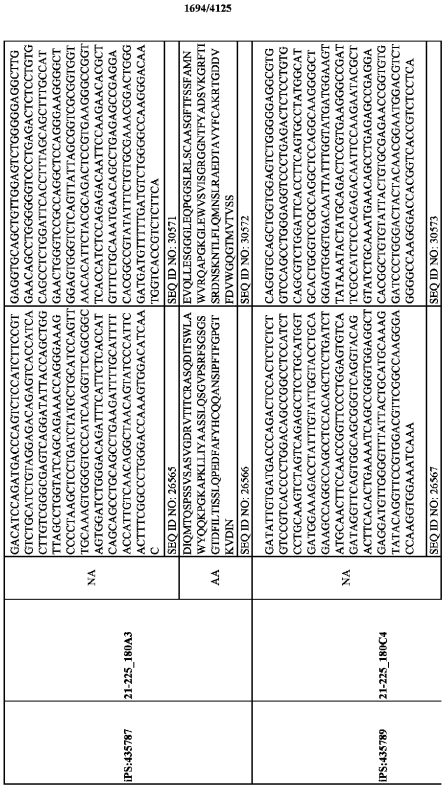
【図５０－８１７】



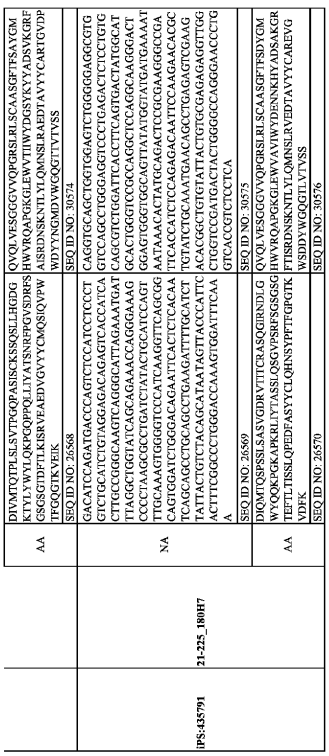
【図５０－８１８】



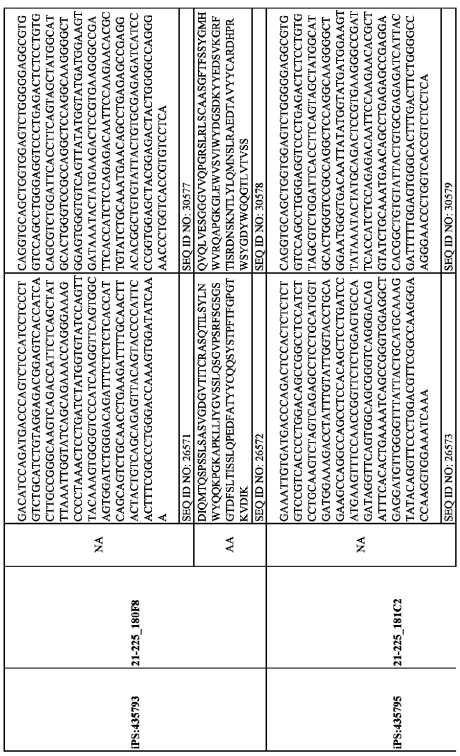
【図５０－８１９】



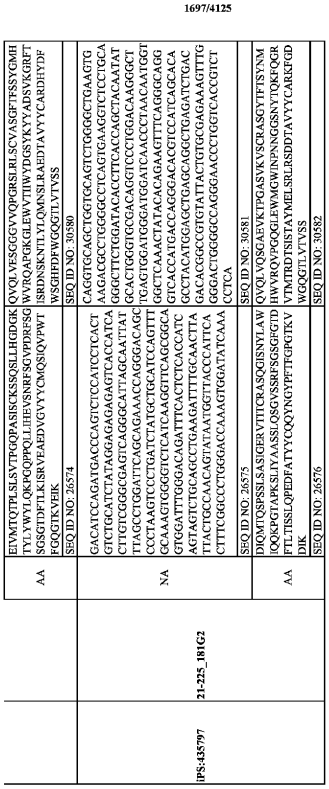
【図５０－８２０】



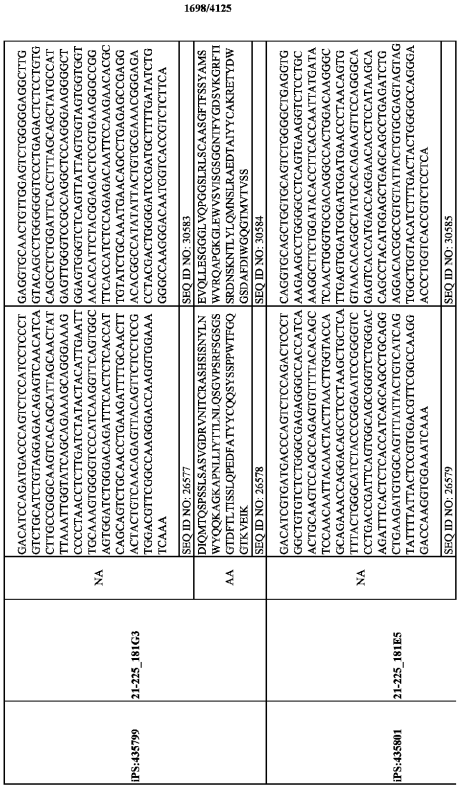
【図５０－８２１】



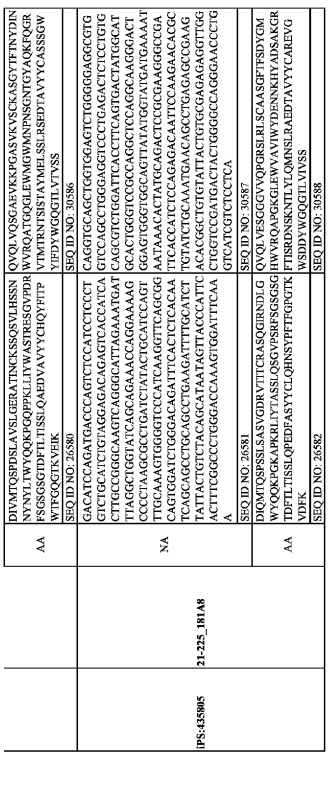
【図５０－８２２】



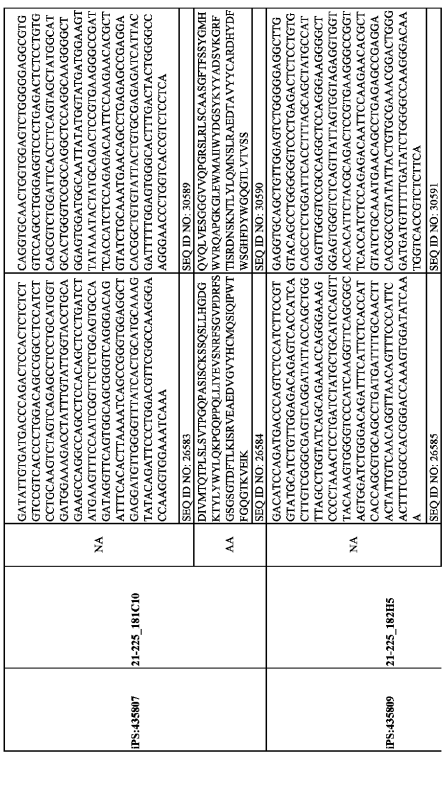
【図５０－８２３】



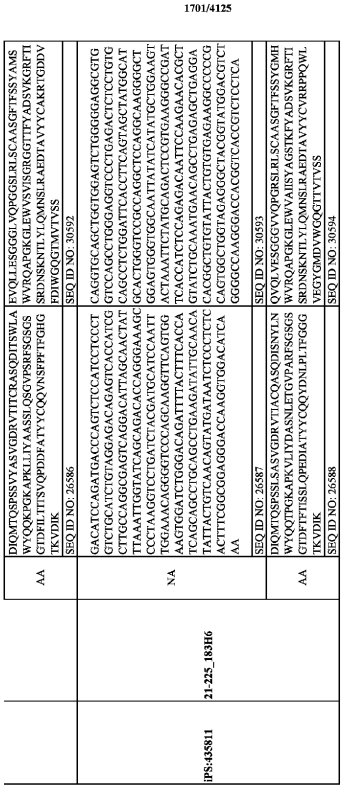
【図５０－８２４】



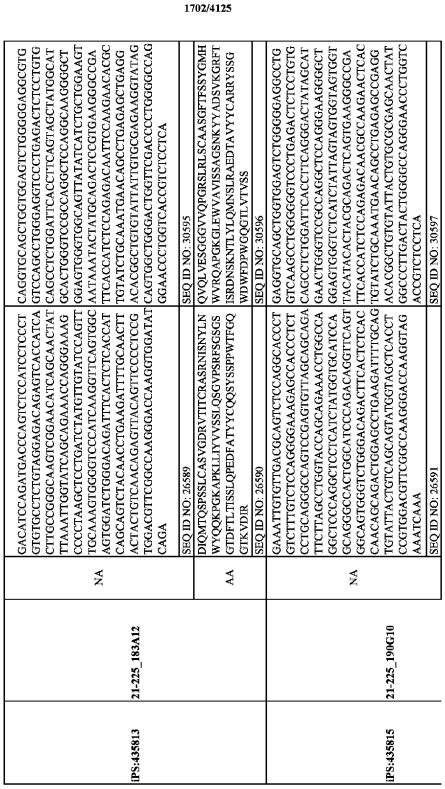
【図５０－８２５】



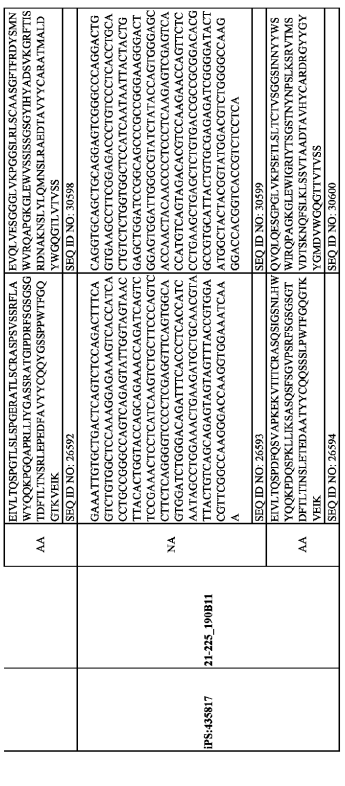
【図５０－８２６】


1701/4125
FIGURE 50
iPS:435811
21-225_183H6
AA
DIQMTQSPSSVYASVGDRVTITCRASQDITSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFILTITSVQPEDFATYYCQQVNSFPFTFGHG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26586
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACA
TATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCTCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGACATCA
AA
SEQ ID NO: 26587
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACA
TATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCTCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGACATCA
AA
SEQ ID NO: 26588
iPS:435811
21-225_183H6
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLN
WYQQKPGKAPKVLIYDASNLETGVPARFSGSGS
GTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYDNLPLTFGGG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26593
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTGTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCGGAACATCAGCAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGTTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTACAACTGGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTTCCCTCCG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGATAT
CAGA
SEQ ID NO: 26589
iPS:435813
21-225_183A12
AA
DIQMTQSPSSLCASVGDRVTITCQASRDVNTYLN
WYQQKPGKAPKLLIYVASDLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSSPPWTFGQ
GTKVDIR
SEQ ID NO: 26590
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
TCAGCAGTCTACAACTGGAAGATTTTGCAACT
TACTACTGTCAACAGAGTTACAGTTCCCTCCG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGATAT
CAGA
SEQ ID NO: 26591
iPS:435815
21-225_190G10
AA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAATTATATCATATGATGGAAGT
ACTAAATTCTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGTGAGAAGGCCCCG
GGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30593
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAIISYAGSTKFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRTYSSG
FDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30594
iPS:435811
21-225_183H6
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASPSVSSRFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTNSRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26592
NA
GAAATTGTGCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTCCAGGAGAAAGTCACCATCACTTGCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGAGTATTGGTAGTAACT
TTACACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCGAAACTCCTCATCAAGTTCGCTTCCCAGTC
CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACCCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACGTA
TTACTGTCAGCAGAGTAGTTACCGTGGA
A
SEQ ID NO: 26593
iPS:435817
21-225_190B11
AA
EIVLTQSPVPQSYAPKEKVTITCRASQSISNLHW
YQQKPDQSPKLLIKSASQSFSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTINSLETEDAATYYCQQSSSLPWTFGQGT
VEIK
SEQ ID NO: 26594
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGACGAGTCAGGGCATTGGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGCTCTATAAAACATCCAGTTT
ACAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATGCACTTCCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26595
iPS:435819
21-225_190C11
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIGNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYKTSSLQSGVPSKFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYMTFPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26596
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGACGAGTCAGGGCATTGGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGCTCTATAAAACATCCAGTTT
ACAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATGCACTTCCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26597
iPS:435821
21-225_190E11
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGV
GYDGLDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30602
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGTGAAAGACCCCG
GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30603
iPS:435815
21-225_190G10
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVISDDGSNKYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRTYSSG
FDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30597
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTATTGTGTGAAAGACCCCG
GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30597
iPS:435815
21-225_190G10
AA
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSVISGRGGTTFYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKRTTGDV
FDIWGQGTMVTVSS
SEQ ID NO: 30592
NA
GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAATTATATCATATGATGGAAGT
ACTAAATTCTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGTGAGAAGGCCCCG
GGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30594

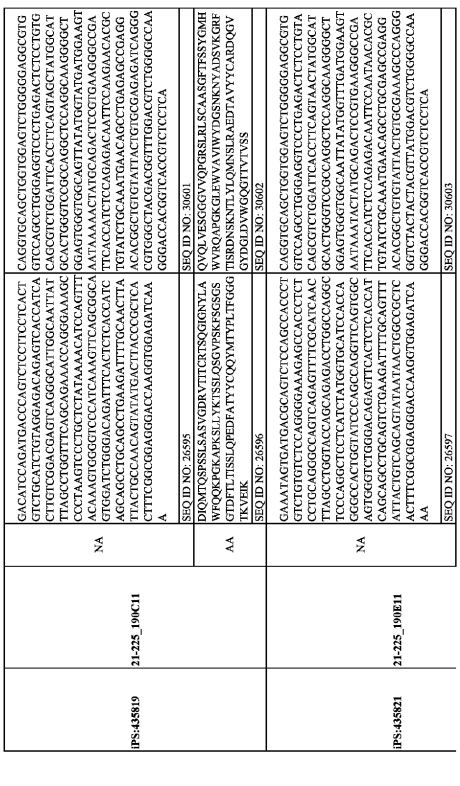
【図５０－８２７】


1702/4125
FIGURE 50
iPS:435813
21-225_183A12
AA
DIQMTQSPSSLCASVGDRVTITCQASRDVNTYLN
WYQQKPGKAPKLLIYVASDLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSSPPWTFGQ
GTKVDIR
SEQ ID NO: 26589
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTGTGCCTCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCGGAACATCAGCAACTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGTTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGCAGTCTACAACTGGAAGATTTTGCAACTT
ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTTCCCTCCG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGATAT
CAGA
SEQ ID NO: 26590
iPS:435811
21-225_183H6
AA
DIQMTQSPSSVYASVGDRVTITCRASQDITSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFILTITSVQPEDFATYYCQQVNSFPFTFGHG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26586
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACA
TATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCTCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGACATCA
AA
SEQ ID NO: 26587

【図５０－８２８】


1703/4125
FIGURE 50
iPS:435817
21-225_190B11
AA
EIVLTQSPVPQSYAPKEKVTITCRASQSISNLHW
YQQKPDQSPKLLIKSASQSFSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTINSLETEDAATYYCQQSSSLPWTFGQGT
VEIK
SEQ ID NO: 26593
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGACGAGTCAGGGCATTGGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGCTCTATAAAACATCCAGTTT
ACAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATGCACTTCCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26595
iPS:435819
21-225_190C11
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIGNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYKTSSLQSGVPSKFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYMTFPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26596
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGACGAGTCAGGGCATTGGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCCTGCTCTATAAAACATCCAGTTT
ACAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATGCACTTCCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26597

【図５０－８２９】



【図５０－８３０】

FIGURE 50

1705/4125

iPS:435823	21-225_190F11	AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSFRNLA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCTASGFTFSNYGMH
			WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSG	WVRQAPGKGLEWVAIIWFDGSNKYYADSVKGRFT
			TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPLTFGGGT	ISRDNSSNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKAQGVY
			KVEIK	YYYMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26598	SEQ ID NO: 30604
		NA	GAAATTGTGTCGTCAGACTCATCA	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGG
			GTCTGTCTCCACCTTCCCAGAAAC	GACAGCCTGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGC
			CCTGCCGGGCCAGTCAGAGTATTGGTAGTAGC	AGCCTCTGGATTCACCTTTGACGATATGGCCATG
			TTACACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCCAGTC	AACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTG
			TCCAAAGGTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGT	GAGTGGGTCTCAACTATTAGTGGTACTGGTCGTA
			CCTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTCAGTGGC	GGACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGT
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACCCTCACCAT	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			CAATAGCCTGCAGCCTGAAGATGCTGCAACGT	GTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGAGCCGAGGA
			ATTACTGTCATCAGAGTTATAGTTTCCCTCGG	CACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAAGAGGAGGA
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	TTACTATGATAGTAGTGGCCCGGGTTCGACCCC
			AA	TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26599	SEQ ID NO: 30605
		NA	EIVLTQSPDSQSVTPGEKVTITCRASQNIGSSLHW	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTDSYAMN
			YQQKPEQSPKVLIKYASQSFSGVPSRFSGSGSGT	WVRQAPGKGLEWVSTISGTGRRTYYADSVKGRFTI
		AA	DFTLTINSLEAEDAATYYCHQSSSFPRTFQQGTK	SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKEHDYYD
			VEIK	SSGFGFDPWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26600	SEQ ID NO: 30606

【図５０－８３１】

FIGURE 50

1706/4125

iPS:435825	21-225_190G11	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTTCCTCACT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGTCGGACGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTATTTATGGCAT
			TTAGCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAAGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			CCCTAAGTCCCTGCTCTATAAAGCATCCAGTTT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGGAAGT
			GCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA	AATAAAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
			GTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCATC	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			TTACTGCCAACAGTATATGACTTACCCGCTCA	ACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGGG
			CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA	GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			A	
			SEQ ID NO: 26601	SEQ ID NO: 30607
		NA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNYLA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSTYGMH
			WFQQKPGKAPKSLLIYKASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKNYADSVKGRF
		AA	GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTQMTFPLTFGGG	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGDV
			TKVEIK	GYDGLDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26602	SEQ ID NO: 30608
		NA	GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT	CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCTCCATCTC	GTGAAAGCCTGAGGGTCTCGTGAACCCTCTCCC
			CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTCCATAGT	CTCTCTCTGGTGGCTCCATCAGAAGCTACCACTG
			GAGTGGAAGGAGCTATTTGTATTGGTACTGCA	GAGCTGGATCCGGCAGCCCGCCGGGAAGGACT
			GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT	GGAGTGGATTGGGCGTTATCTATCATAGTGGGAGC
			GTCTAGGTTTCCAACCGGTTGCGTGACA	ACCATTTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
		NA	GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG	CCCTCGTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
			ATTTCACACTCAGAAATCAGCCGGGTCGAGGCT	CCTGAAGCTGACTCTGTGACCGCCGCGGACACG
			GCGGATATTTGGGGTTTATTACTGCCAAAGG	GCCGTGTATTACTGTGGCAGACTCCGGTATAACT
iPS:435827	21-225_190H11		TATACAGTTTCCCTGGACTTCGGCCAAGGGA	GGAACTTCCCTTACTTTGACTACTGGGGCCAGGG
			CCAAGGTGGAAATCAAA	AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26603	SEQ ID NO: 30609

【図５０－８３２】

FIGURE 50

1707/4125

iPS:435829	21-225_190B12	AA	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGR	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSIRSYHWSW
			TYLYWYLQKPGQPPQLLICEVSNRFAGVTDRFS	IRQPAGKGLEWIGLIYTSRSTTYNPSLKSRVTLSVDT
			GSGSGTDFTLKISRVEAGDVGVYYCMQSIQFPW	SKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARLRYNWNPPYF
			TFGQGTKVEIK	DYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26604	SEQ ID NO: 30610
		NA	GAAATTGTGCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA	CAGGTGCAGCTACAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA	GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			CCTGCCGGGCCAGTCAGAGTATTGGTAGTAGC	CTGTCTCTGGTTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTTA
			TTACACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC	CTACTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAA
			TCCAAAGGTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGT	GGGCCTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGT
			CCTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTCAGTGGC	GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACCCTCACCAT	GAGTTACCATATCAGTAGAGCACGTCTAAGAACCA
			CAATAGCCTGCAGCCTGAAGATGCAGCAACGT	GTTTTTCTGAAGCTGAACTCTGTGACTGCCGCG
			ATTACTGTCATCAGACTAGAAGTTTACCTCTC	GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATCCGGGT
			ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA	ATAATTGGGACGCCGGGTCGACCCTGGGGCC
			AA	GGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26605	SEQ ID NO: 30611
		NA	EIVLTQSPPQSVTPKEKVTITCRASQSIGSSLHW	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYW
			YQQKPDQSPKLLIKYASQSFSGDPSRFSGSGSGT	SWIRQHPGKGLEWIGYIYYNFSLKSRVTIS
		AA	DFTLTINSLEAEDAATYYCHQTRSLPAFTFGGGTK	VDTSKNQFPLKLNSVTAADTAVYYCARSGTNWDA
			VEIK	GVDPWGRGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26606	SEQ ID NO: 30612

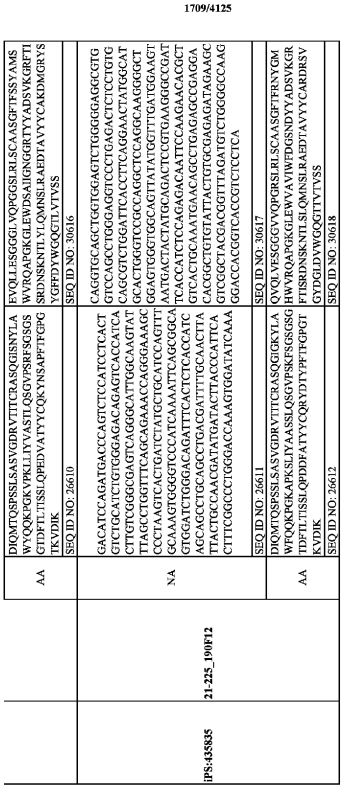
【図５０－８３３】

FIGURE 50

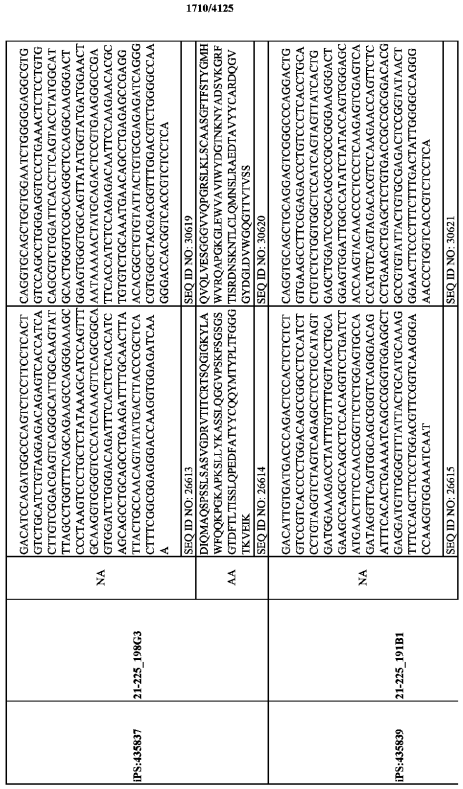
1708/4125

iPS:435831	21-225_190C12	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GTCTGTCTGCATAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAAAGAT	CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCTACT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGGATCGAGGT
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATTAAGGTTCAGCGG	TATAAAAACTATGTGACTCCGTGAAGGGCCGAT
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTATCCGTG	CACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGGTACCCAC
			GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC	GGGTACTACTACGGTGTGGACGTCTGGGGCCAA
			AAA	GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26607	SEQ ID NO: 30613
		NA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRKDLG	QVQLVESGGAVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
			WYQQKPGKAPKRLIHTASSLQSGVPLRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVAVISYDGSYKNYVDSVKGRF
		AA	GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGTHG
			TKVEIK	YYYGVDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26608	SEQ ID NO: 30614
		NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACCGAGTCACCATC	GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTCT
			ACTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTA	GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
			GAGCTGGCTTCAGCCAGAAACCAGGGAAAGT	CTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT
			TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGT	TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGT
			CCCTAAACTCCTGATCTATGTTGCATCCACTTT	CCCTAAACTCCTGATCTATGTTGCATCCACTTT
		NA	AGGACATACTCCAGCAGTCCTGAACGGCCGG	AGGACATACTCCAGCAGTCCTGAACGGCCGG
			TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCATCACGTC	GCAATCAGGGGTCCCATCTCGGTTCAGTGGCA
			GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCATCACGTC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACTTA	GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
			CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA	TATACAGCTTCCCTGGACTTCGGCCAAGGGACA
			CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA	AGCCATGGTCCAAAGTCAAA
			SEQ ID NO: 26609	SEQ ID NO: 30615

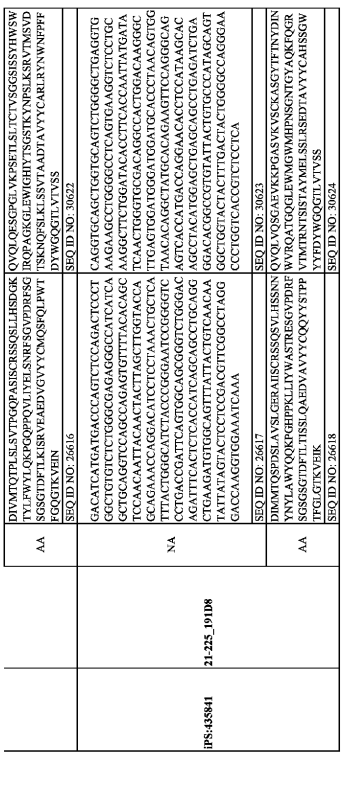
【図５０－８３４】


1709/4125
FIGURE 50
iPS:435835
21-225_190F12
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLA
WYQQKPGKVPKLLIYVASTLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNSAPFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26610
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTGGCAAGTAT
TTAGCCTGGTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAATTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGATATGATACTTACCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26611
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYDTFPTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 26612
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAATCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGAAGGTCCCTGAAACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTACCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTTTGATGGAAGT
AATGACTACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTACCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATAGAAGC
GTCGGCTACGACGGTTTGGACTACTGGGGCCAAG
GGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30617
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSTYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWFDGSNDYYADSVKGR
FTISRDNSKNTLSLQMNSLRAEDTAVYYCARDRSV
GYDGLDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30618

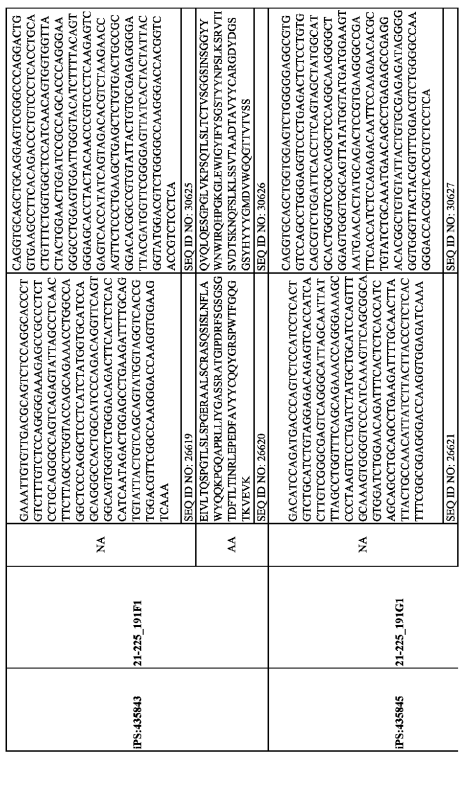
【図５０－８３５】


1710/4125
FIGURE 50
iPS:435837
21-225_198G3
AA
DIQMAQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIGKYLA
WFQQKPGKAPKSLIYKASSLQSGVPSKFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSMTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26614
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGACGAGTCAGGGCAATTGGCAAGTAT
TTAGCCTGGTTCAGCAGAAGCCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCTGCTCTATAAAGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATGACTTACCCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26613
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSTYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGSV
GYDGLDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30620
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGCGCCTG
GTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
GAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGAT
CGTTGGGACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAA
GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30619
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLKLSCAASGFTFSTYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGTNKNYADSVKGRF
TISRDNSKNTLSLQMDSLRAEDTAVYYCARDGSV
GYDGLDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30621

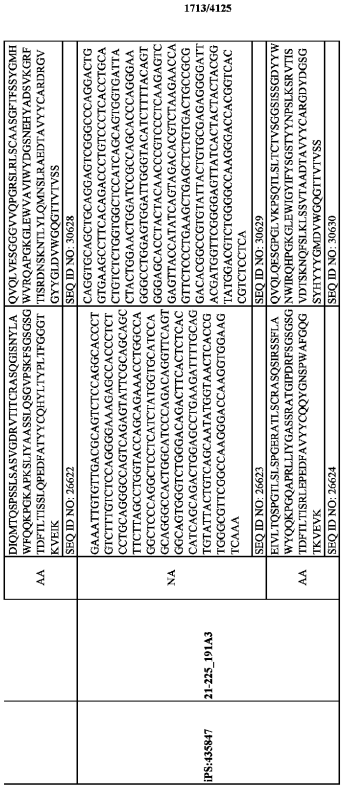
【図５０－８３６】


1711/4125
FIGURE 50
iPS:435841
21-225_191D8
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRSSQSLLHSDGK
TYLFWYLQKPGQPPQVLIYELSNRFSGVPDRFSG
SGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSFQLPWT
FGQGTKVEIN
SEQ ID NO: 26616
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCACTCTCCCT
GCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATC
TCCTGCAGGTCTAGTCAAAGCCTCCTACATA
GATGGAAACACCTATTTGTTCTGGTACCTG
CAGAAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTG
ATCTATGAGCTTTCCAACCGGGCCTCTGGAG
TCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCAG
GCACTGATTTCACACTGAAAATCAGCAGAGT
GGAGGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTG
CATGCAAAGTATACACTTCCGTACACTTTT
GGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26617
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERAIISCKSSQSVLHSSNN
KNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPP
TFGLGTKVEIK
SEQ ID NO: 26618
NA
GACATTGTGATGACACAGTCTCCAGACTCCCTG
GCTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAAC
TGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGCTC
CAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCAGC
AGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATT
TACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCC
TGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTCCGACGTTCGGCCAAGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26621
NA
CAGGTTCACCTGCAAGGCACCCT
GTGAAGCCTTCACAGACCCTCTCCCTCACCTGCA
CTGTTTCTGGTGGCTCCATCAACAGTGGTGGTTA
CTACTGGAACTGGATCCGGCAGCACCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTCACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCC
GCAGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGG
TTATACGGTTCGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30624
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSGW
YYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30625
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCGCCCTCT
CTCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGCCTCAAC
TTCTTAGCCTGGTACCAGAAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
ACCATCAGCAGACTGGAGCCTGGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGGATATGGTAGCTCA
CCTCAAATAGACTGGAGCCTGAAGATTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGGATATGGTAGCTCA
TGTACTTTTGGCCAGGGGACCAAGGTGGAAAT
CAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTC
ATCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGG
AACTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACT
TCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAA
GGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAAGG
ACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGAC
GCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAA
GTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCC
TGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAG
GGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 30626
NA
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTAGTTA
CTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGACTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGT
CGAGTCACCATATCCGTAGACACGTCCAAGAAC
CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCC
GCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGG
TTATACGGTTCGGGGAGTTATCACTACTATTAC
TACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30627

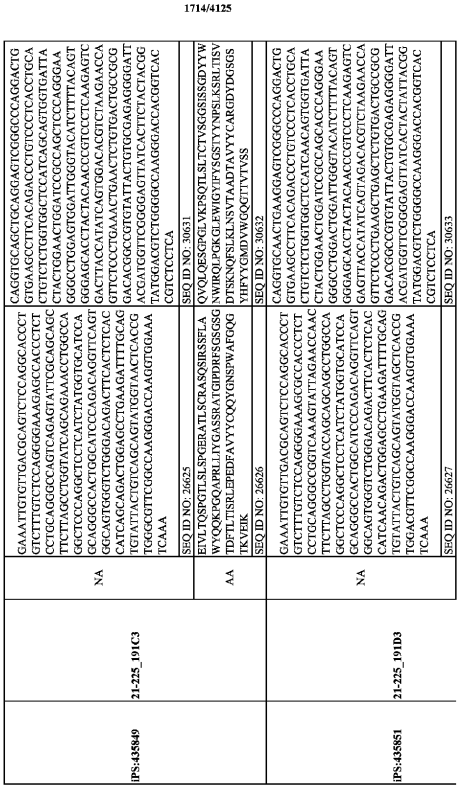
【図５０－８３７】


1712/4125
FIGURE 50
iPS:435843
21-225_191F1
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERAALSCRASQSISLNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGRSPWTFGQG
TKVEVK
SEQ ID NO: 26620
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCTGCCCTCT
CTCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGCAGCAACT
TCTTAGCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGGATATGGTAGCTCA
CCTCAATAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGGATATGGTAGCTCA
TCAAA
SEQ ID NO: 30628
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTGGCAAGTAT
TTAGCCTGGTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAATTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26621
NA
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCC
GCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CGTTGGGACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAA
GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30629
NA
GACATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGACAGCCGGCCTCCATC
TCCTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTCGACA
GTGATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTTTCTG
CAGAGGCCAGGCCAATCTCCACAACTCCTGA
TTTATCTGGTGTCTAAACTGGACTCTGGAGTC
CCTGACAGGTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCA
CTGATTTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAG
GCTGAGGATGTTGGAGTTTATTACTGCATGC
AAAGTATACAGTTTCCGTACACTTTTGGCCAG
GGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 30630

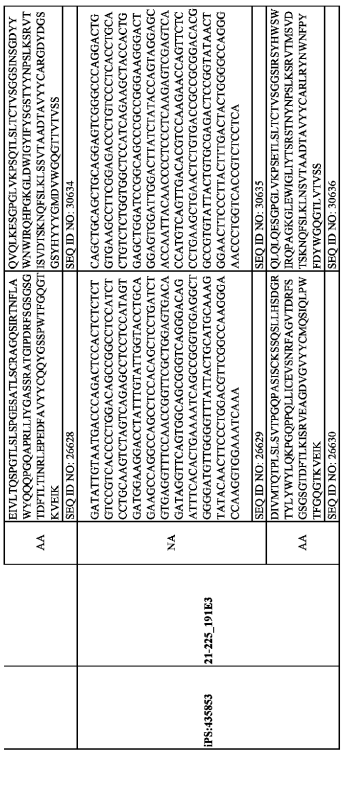
【図５０－８３８】



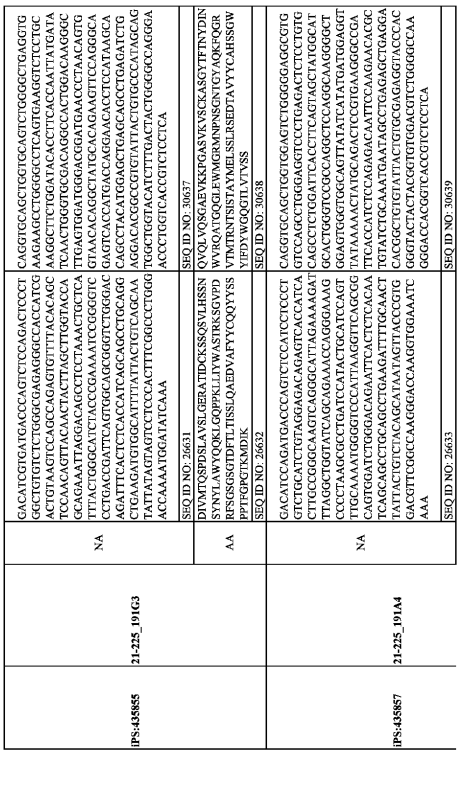
【図５０－８３９】



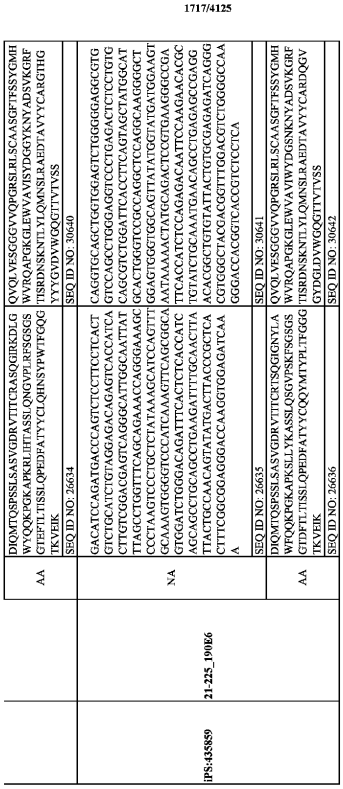
【図５０－８４０】



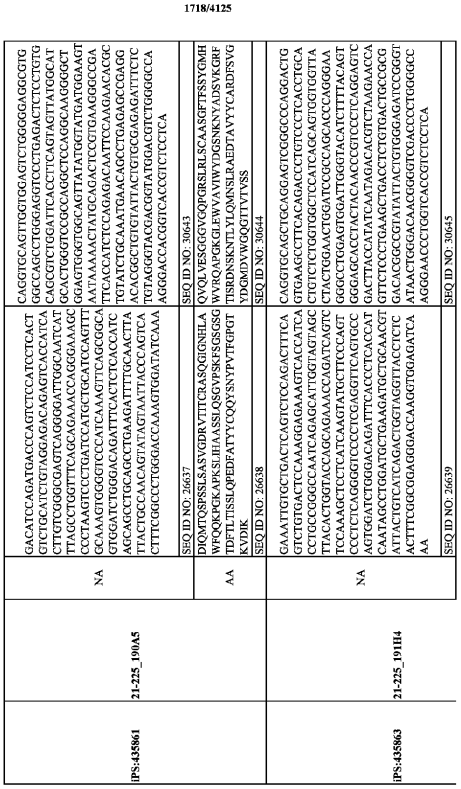
【図５０－８４１】



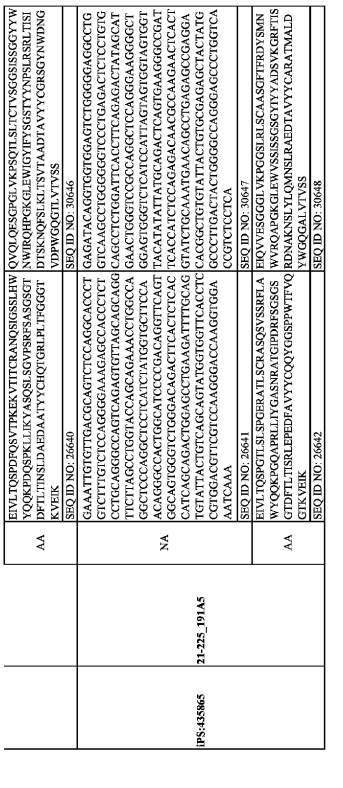
【図５０－８４２】



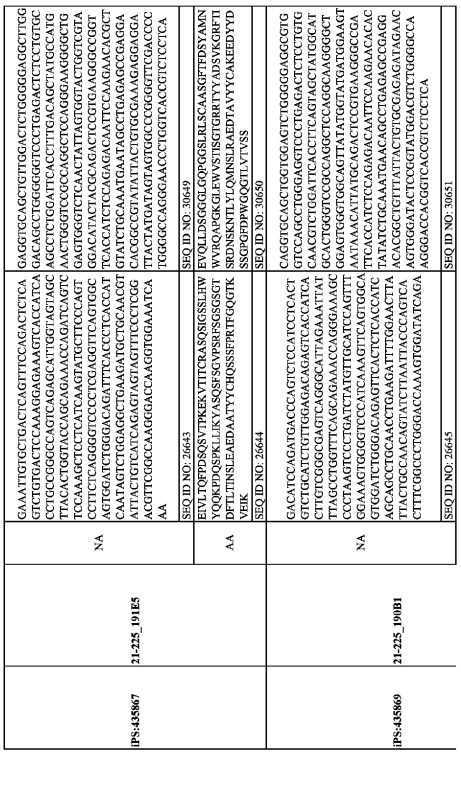
【図５０－８４３】



【図５０－８４４】



【図５０－８４５】



【図５０－８４６】

1721/4125

FIGURE 50

	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINNWLA WYQQKPGKAPKLLIYGVSSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYSCQQANSFPWTFGQG TKVEIR	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMS WVRQAPGKGLEWVSAISRSGGNTHYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYSCAKDGFGGS SYFDYWGQGTLVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINNYLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVSPSKFSGSGSG SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYSCAKDGFGGS SYFDYWGQGTLVTVSS
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAG TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATTC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCTGTG TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG GCACTGGGTCCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAAGTGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAG TGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCATTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTGGCAGATAT TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAGC CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A
	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGTAPKSLIYAASSLQSGVSSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTKV DIK	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSYYAMS WVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGSNYAQKFQG RVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARKFGD WGQGTLVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVSSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTKV DIK	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATTC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCTGTG TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG GCACTGGGTCCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAAGTGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAG TGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC ACCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A
	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK	EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCVASGFTFSDYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDETNKHYGDSVKGR FTISRDNSKDTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDVG WHDDYWGQGTLVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT ATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATTC ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC ACCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC ACCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A

【図５０－８４７】

1722/4125

FIGURE 50

	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINNYLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSTFPLTFGGGT KVEIK	EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKHYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAMYYCARDQGV YSGMDVWGQGTTVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINNYLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSTFPLTFGGGT KVEIK	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINNYLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPENFATYYCQQYSTFPLTFGGGT KVEIK
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCACT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTGGCAGATAT TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAGC CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCACT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTGGCAGATAT TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAGC CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCA TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCAGTTATAGTGGTAGTAGTATA TACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACC ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTAT CTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCCGTATTACTGTGCGAGAGATCGGGGTTAC AGCTGCTCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC CCTGGTCACCGTCTCCTCA
	AA	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGR TYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFAGVPDRFS GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQSHIPWT FGQGTKVEIK	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISYHWSW IRQPAGKGLEWIGLITYSGSTNYNPSLKSRVTMSVD TSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARLRTVNWFDP DFWGQGTLVTVSS	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGR TYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFAGVPDRFS GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQSHIPWT FGQGTKVEIK	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGR TYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFAGVPDRFS GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQSHIPWT FGQGTKVEIK
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCACTCTCCCT GTCTGCCCGTCACAGCCTGGAGATCCGCGC CTCCATCAGTCTTCTAGACAGCGATGGAA CTTATTTGTATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGC CAGCCTCCACAGCTCCTGATCTATGAAGTTT CCAACCGGTTCGCTGGAGTGCCAGACAGA TTCAGTGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTT CACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCTG AGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAA GTATACACTTTTCGGCGGAGGGACCAAGG TGGAGATCAAA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT GTCTGCACCTGTGAGGAGACAGATCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTCGCGATAT TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAGC CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCA TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCAGTTATAGTGGTAGTAGTATA TACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACC ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTAT CTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACAC GGCCGTATTACTGTGCGAGAGATCGGGGTTAC AGCTGCTCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC CCTGGTCACCGTCTCCTCA

【図５０－８４８】

1723/4125

FIGURE 50

	AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGINNWLA WYQQKPGKAPKLLIYAASGLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYSCQQANSFPWTFGQG TKVEIR	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMS WVRQAPGKGLEWVSAISRSGGNTHYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYSCAKDGFGGS SYFDYWGQGTLVTVSS	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGINNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASGLQSGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPWTFGQGTKV EIK	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASGLQSGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTKV DIK
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGCTGGTGACTTCTCCTGTG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG GCACTGGGTCCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAAGTGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAG TGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC ACCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A
	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGTAPKSLIYAASSLQSGVSSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTKV DIK	EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCVASGFTFSDYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDETNKHYGDSVKGR FTISRDNSKDTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDVG WHDDYWGQGTLVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGCTGGTGACTTCTCCTGTG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG GCACTGGGTCCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAAGTGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAG TGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC ACCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A

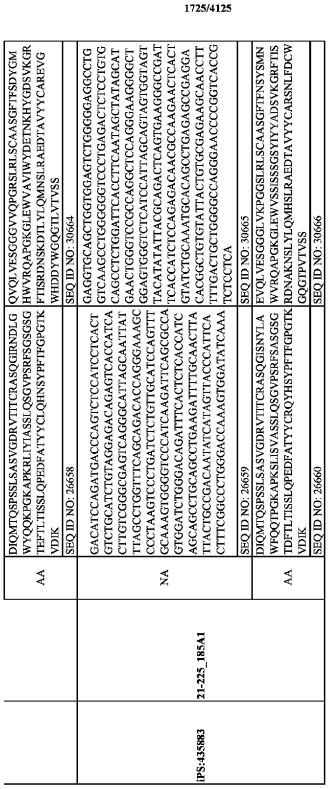
【図５０－８４９】

1724/4125

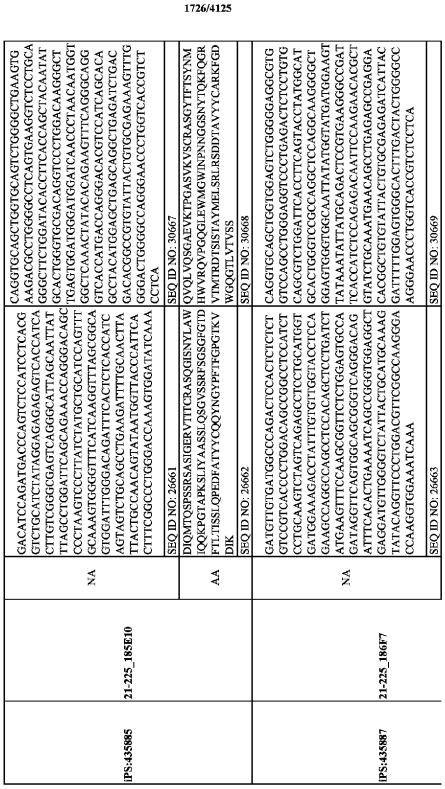
FIGURE 50

	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK	EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCVASGFTFSDYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDETNKHYGDSVKGR FTISRDNSKDTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDVG WHDDYWGQGTLVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCTGTG TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG GCACTGGGTCCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAAGTGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAG TGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A
	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK	EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAMYYCARDQGV YSGMDVWGQGTTVTVSS	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAW YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQPEDFATYYCQQTSNTPPTFGHGTK VDIK
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCTGTG TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG GCACTGGGTCCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAAGTGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAG TGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAACAACTGG TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTA TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCA CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A

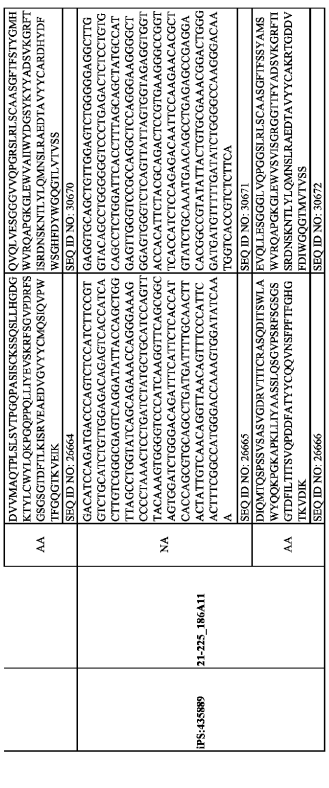
【図５０－８５０】



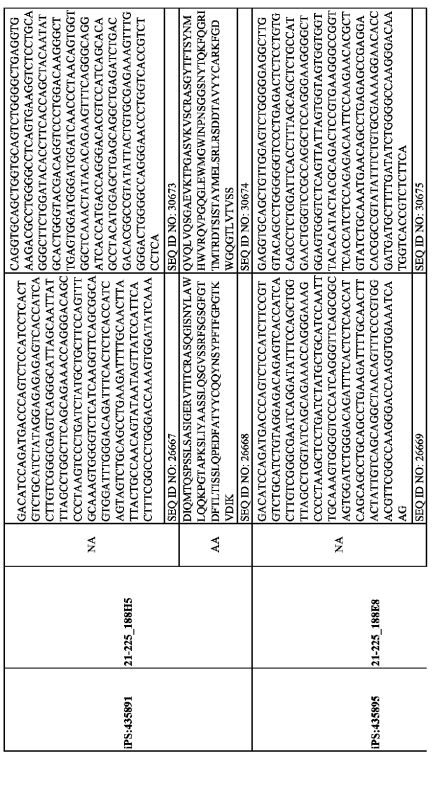
【図５０－８５１】



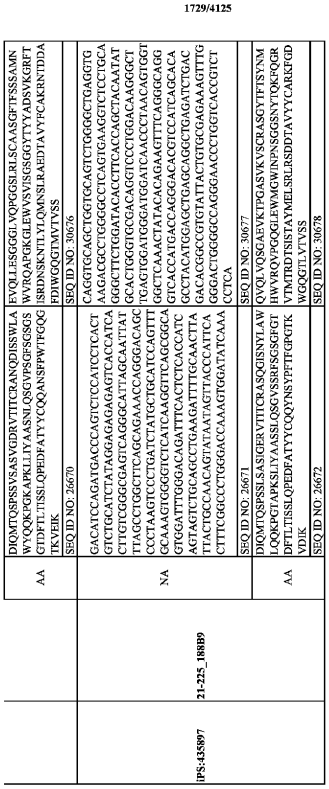
【図５０－８５２】



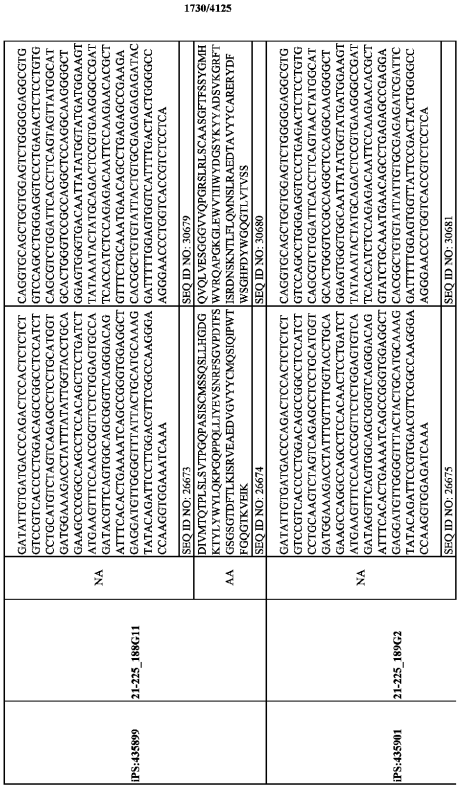
【図５０－８５３】


1728/4125
FIGURE 50
IPS:435895
21-225_188E8
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCRASQSISSYLAW
YQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATTYCQQSYSTPPITFGQGT
RLEIK
SEQ ID NO: 26653
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACG
GTCTGCATCTATAGGAGAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TTCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCACTT
TGCAAAGTGGGGTCTCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTTAACAGTTTCCGTTCACG
TTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26654
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCTCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTATAATAGTTATCCATTCA
CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
CCTCA
SEQ ID NO: 26655
DVQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQDISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQVNSFPFTFGHG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26680
DVVMAQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHGDG
KTYLCWYLQKPGQPPQLLIYEVSKRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQVPW
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26681
DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCRASQDISNYLAW
YQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSYPFTFGHGTK
VDIK
SEQ ID NO: 26682
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26683
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAC
AC
SEQ ID NO: 26684
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26685
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26686
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26687
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26688
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26689
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26690
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26691
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26692
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26693
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26694
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATAGGAGACCAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGACATTTCCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTT
ACTATTGTCAGCAGTTAACAGTTTCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
AG
SEQ ID NO: 26695
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTATA

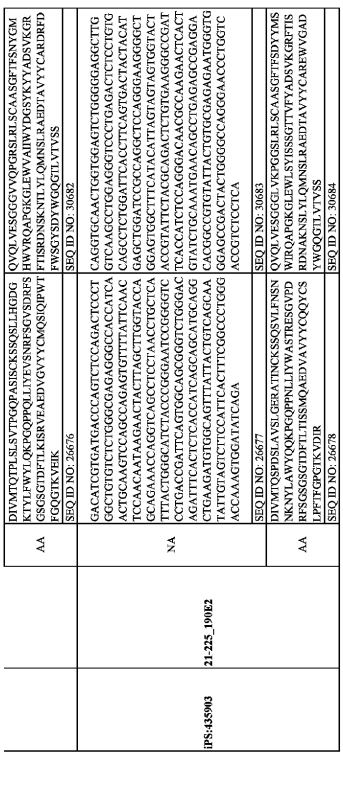
【図５０－８５４】



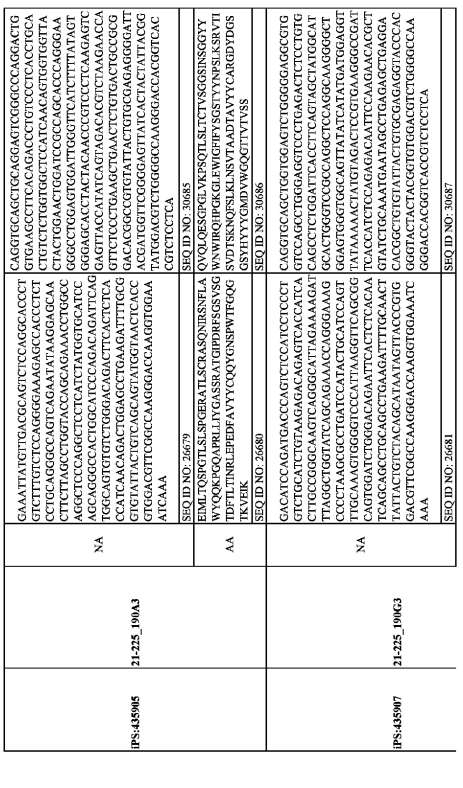
【図５０－８５５】



【図５０－８５６】



【図５０－８５７】



【図５０－８５８】

1733/4125

FIGURE 50

iPS:435909	21-225_190H3	AA	DIQMTQSPSSLSASVRDRVTITCRASQGIRKDLG	SEQ ID NO: 30689
			WYQQKPGKAPKRLIITASSLQSGVPLRFSGSGS	
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG	
			TKVEIK	
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT	SEQ ID NO: 30690
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA	
			CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTCTTAACAACTG	
			TTAGCCTGGTATCAGCTGAAACCAGGGAAAGC	
			CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGTGTCCAGTT	
			GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA	
			GTGGATCTGGGTCAGAGTTCACTCTCACCATC	
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	
			CCATTGTCAACAGGCTAACAGTTCCCGTGGA	
			CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA	
			A	
		AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGLNNWL	SEQ ID NO: 30691
			AWYQLKPGKAPKLLIYAVSSLQSGVPSRFSGSGS	
			GSEFTLTISSLQPEDFATYHCQQANSLPWTFGQG	
			TKVEIK	
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	SEQ ID NO: 30692
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	
			CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTAT	
			TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGT	
			CCCTAAGCGCCTGATCTACGCTGCATCCAGTT	
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC	
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC	
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	
			TTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGTACA	
			CTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAA	
			A	

【図５０－８５９】

1734/4125

FIGURE 50

iPS:435911	21-225_190B4	AA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	SEQ ID NO: 30693
			GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCTCT	
			CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCAGCAGC	
			TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA	
			GCCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCCA	
			GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT	
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	
			CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG	
			TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCG	
			TCAAA	
		NA	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG	SEQ ID NO: 30694
			GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA	
			CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTATA	
			CTACTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAA	
			GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT	
			GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC	
			GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA	
			GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACTGCCGCG	
			GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGGGGATT	
			ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTACTACTACG	
			GTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCAC	
			CGTCTCCTCA	
		AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA	SEQ ID NO: 30695
			WYQQKPGQAPRLLIYGASRATGIPDRFSGSGS	
			GTEFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWTFGQG	
			TKVEIK	
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	SEQ ID NO: 30696
			GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCTCT	
			CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCAGCAGC	
			TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA	
			GCCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCCA	
			GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT	
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	
			CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG	
			TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCG	
			TCAAA	
		AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA	SEQ ID NO: 30697
			WYQQKPGQAPRLLIYGASRATGIPDRFSGSGSG	
			TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWTFGQG	
			TKVEIK	
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	SEQ ID NO: 30698
			GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCTCT	
			CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCAGCAGC	
			TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA	
			GCCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCCA	
			GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT	
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	
			CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG	
			TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCG	
			TCAAA	

【図５０－８６０】

1735/4125

FIGURE 50

iPS:435915	21-225_190H4	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRSNFLA	SEQ ID NO: 30699
			WHQQKPGQAPRLLIYGAYRRATGIPDRFSGSGS	
			GTDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWTFGQ	
			GTKVEIK	
		NA	GCCAACGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	SEQ ID NO: 30700
			GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCA	
			ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGC	
			TCCAACAATTACAACTACTTAGCTTGGTACCG	
			GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA	
			TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC	
			CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGTAC	
			AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG	
			CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA	
			TATTATAGTATTCCTCCCACTTTCGGCCCTGGG	
			ACCAAAGTGGATATCAAA	
		AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLA	SEQ ID NO: 30701
			WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS	
			GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQVYGSSPWTFGQG	
			TKVEIK	
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	SEQ ID NO: 30702
			GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCTCT	
			CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCAGCAGC	
			TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA	
			GCCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCCA	
			GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT	
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	
			CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG	
			TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG	
			TCAAA	

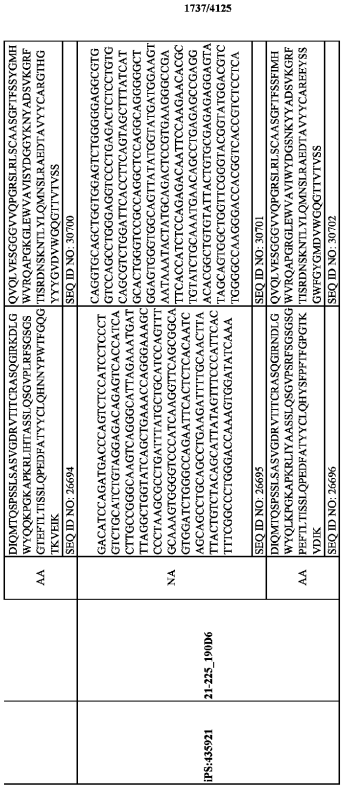
【図５０－８６１】

1736/4125

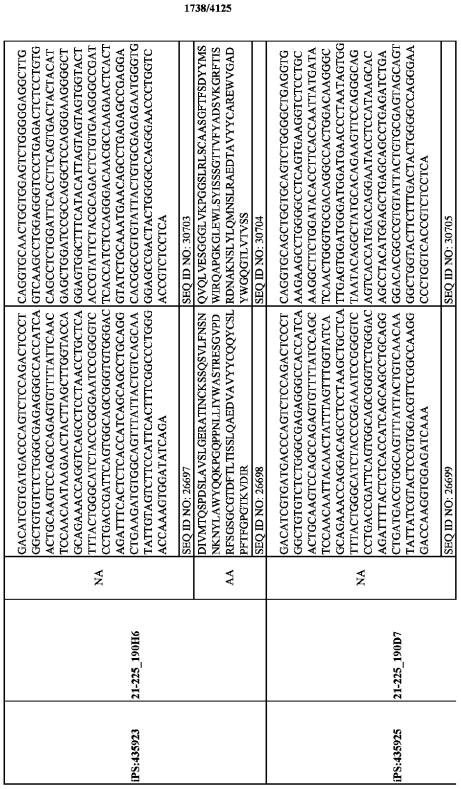
FIGURE 50

iPS:435917	21-225_190D5	AA	EIVLTQSPDFQSVAPKEKVTITCRASQSIGSNLHW	SEQ ID NO: 30703
			YQQKPDQSPKLLIKSASQSFSGVPSRFSGSGSGT	
			DFTLTINSLETEDAATYYCQQSSSLPWTFGQGTK	
			VEIK	
		NA	GAAATTGTGTTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA	SEQ ID NO: 30704
			GTCTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCA	
			CCTGTCTGGGCCAGTCAGAGTATTGGTAGTAAC	
			TTACACTGGTACCAGCAGAAACCTGATCAGTC	
			TCCAAAGCTCCTCATCAAGTTCTCCTTCCAGTC	
			CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTCAGTGGCA	
			GTGGATCTGGGACAGATTTCACCCTCACCATC	
			AATAGCCTGGAAGCTGATGATGCTGCAACATA	
			TTACTGTCAGCAGAGTTATAGTACTCCTCCGA	
			CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA	
			A	
		AA	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGSNLHW	SEQ ID NO: 30705
			YQQKPDQSPQLLIKSASQSFSGVPSRFSGSGSGT	
			DFTLKINSLETEDVATYYCQQSSSLPWTFGQGTK	
			VEIK	
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCCCT	SEQ ID NO: 30706
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAAGAT	
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	
			CCCCTAAGCGCCTGATCTACGCTGCATCCAGT	
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATTAAGGTTCAGCGG	
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACA	
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	
			TATTACTGTCTACAGCATAATTATCCTCCGTG	
			GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC	
			AAA	

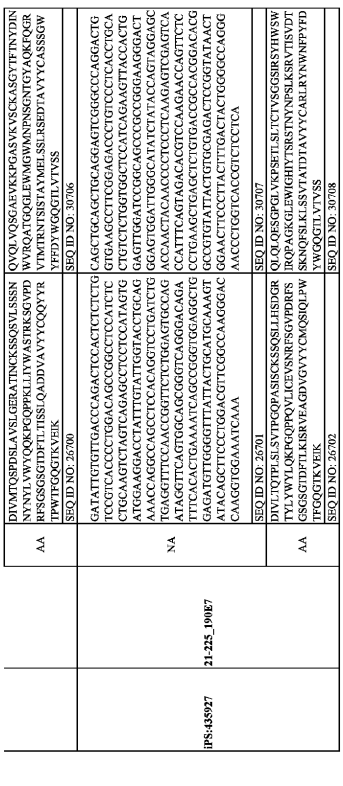
【図５０－８６２】



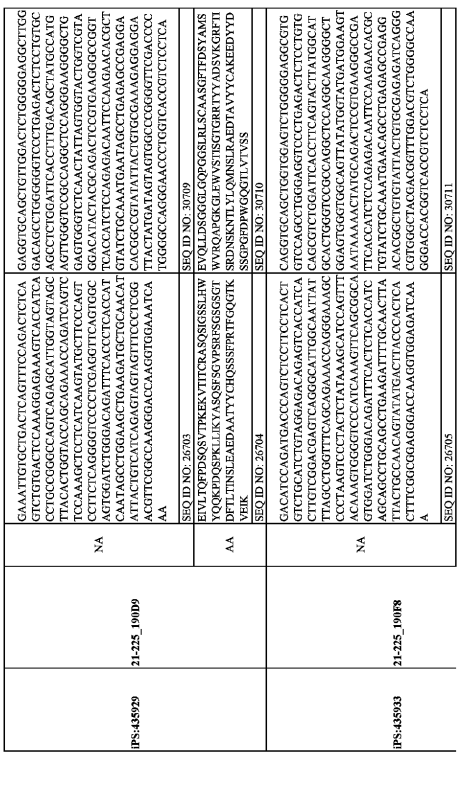
【図５０－８６３】



【図５０－８６４】



【図５０－８６５】



10

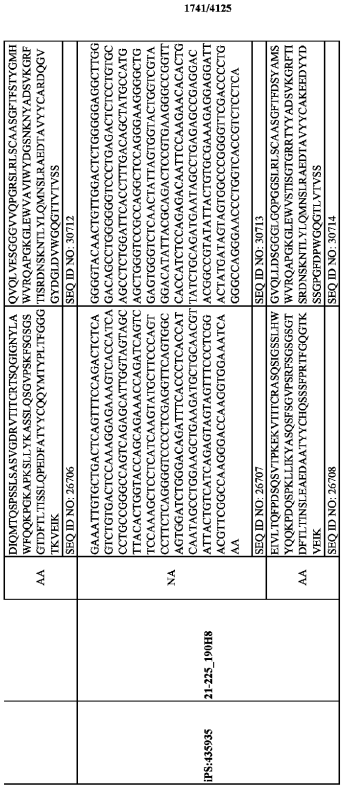
20

30

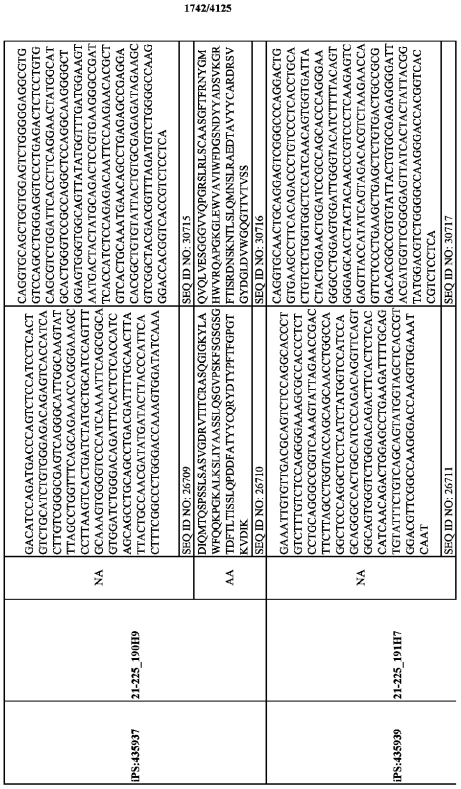
40

50

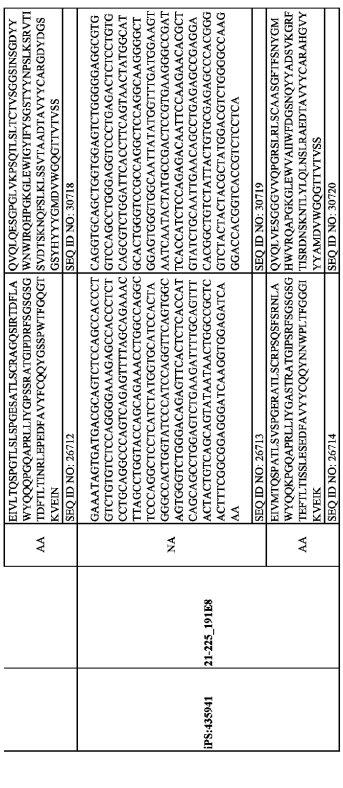
【図５０－８６６】



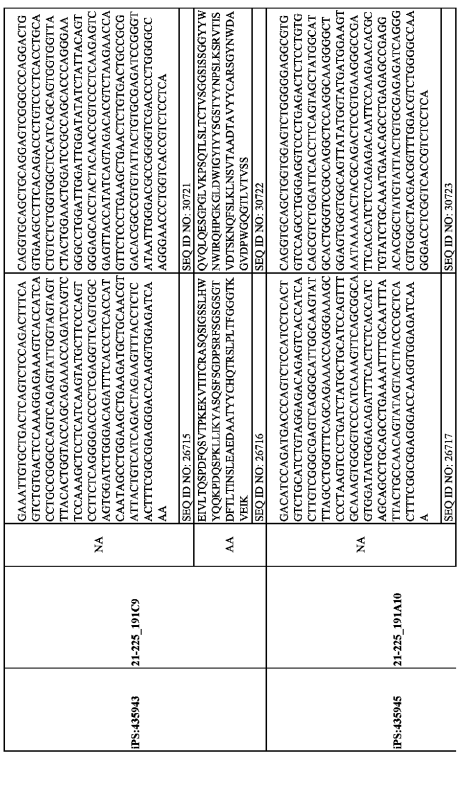
【図５０－８６７】



【図５０－８６８】



【図５０－８６９】



10

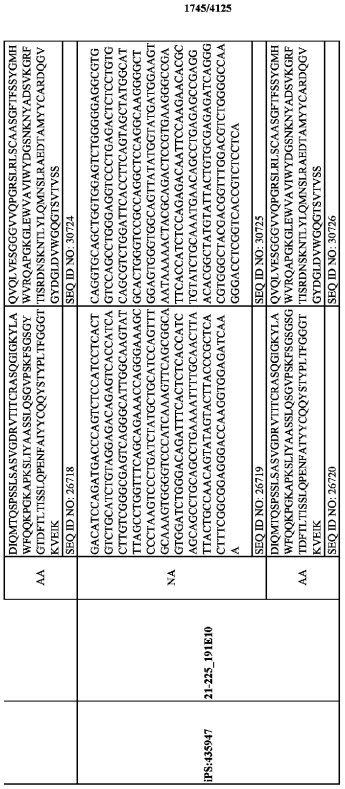
20

30

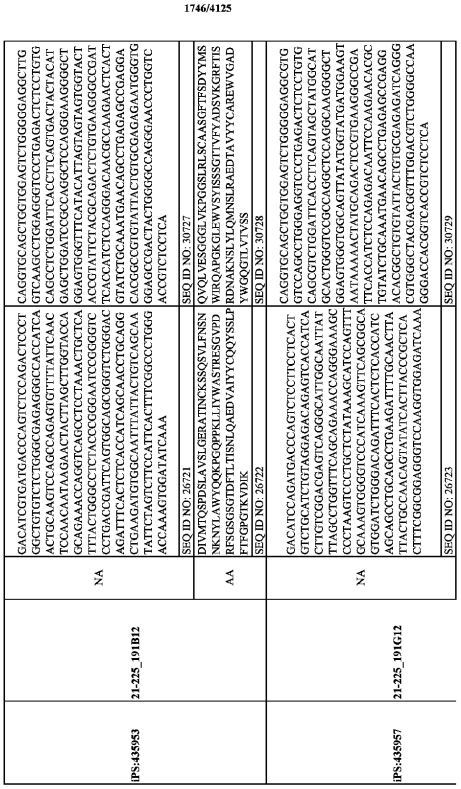
40

50

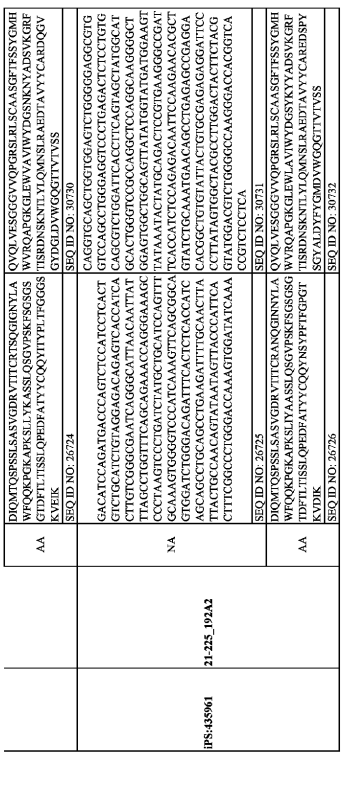
【図５０－８７０】



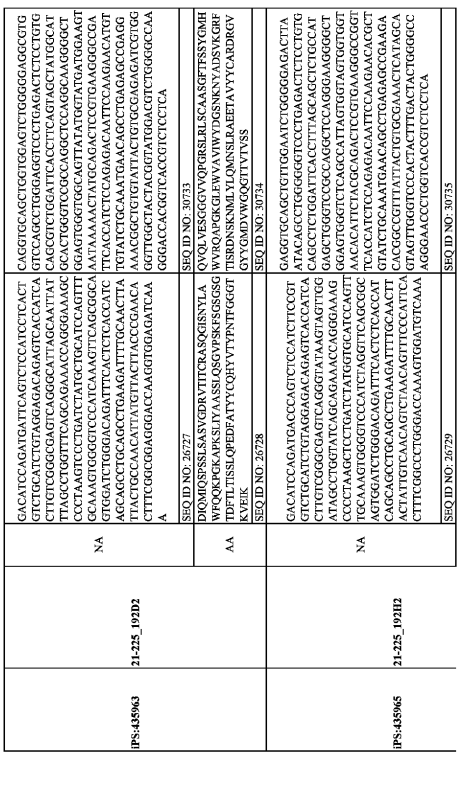
【図５０－８７１】



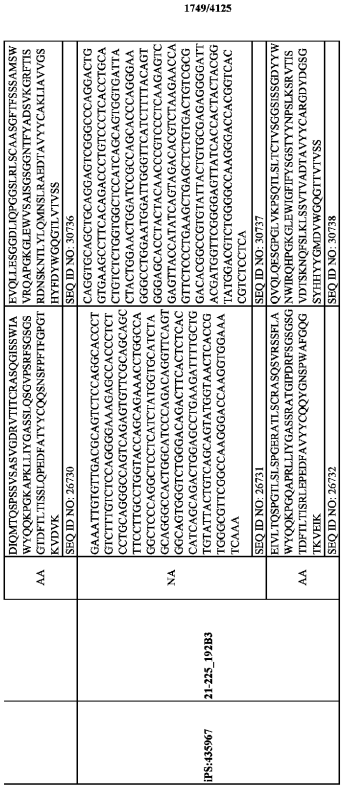
【図５０－８７２】



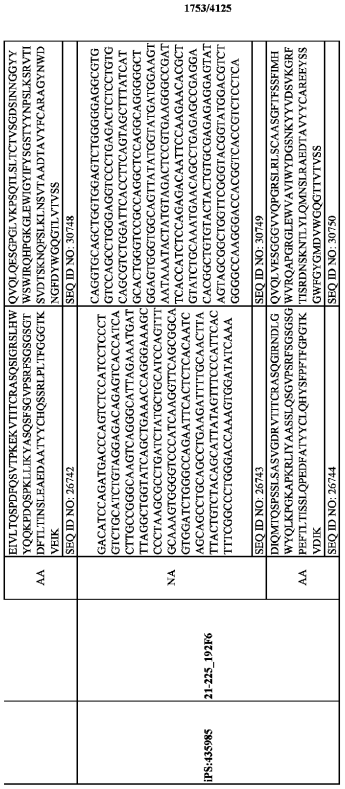
【図５０－８７３】



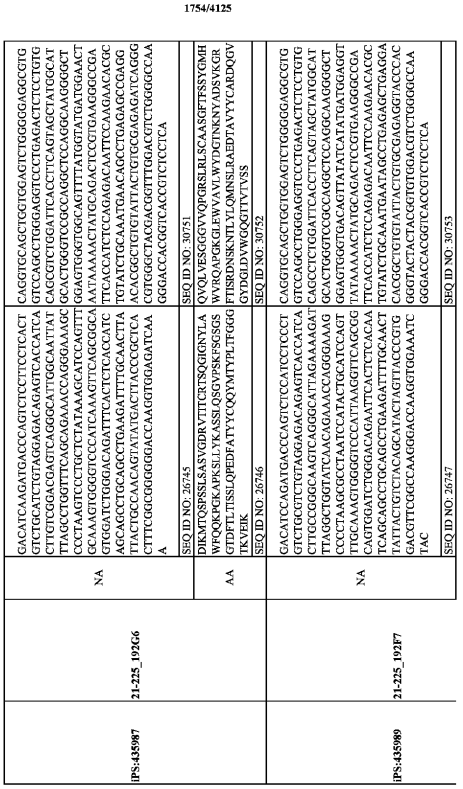
【図５０－８７４】


1749/4125
FIGURE 50
iPS:435967
21-225_192B3
AA
NA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQSIVSSWLA WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSNSFPFTFGPGT KVDVK
SEQ ID NO: 26730
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGCCACCCT GTCTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTCGCAGCAGC TTCCTTGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GCCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCTG TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCG TGGCGCGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26731
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSFLA WYQQKPGQAPRLLIYGASRATGIPDRFSGSGS GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26732
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQSISSYLN WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPPTFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26733
EIVLTQSPGTLSLSAASVGDRVTITCRASQSISSYLA WYQQKPGKAPKLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG TKVEIK
SEQ ID NO: 26734
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLA WYQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLHYLTYPLTFGGT GTKVEIK
SEQ ID NO: 26735
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSNFLA WYQQKPGQAPRLLIFGASSRATGIPDRFSGSGS GTDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQGT KVEIK
SEQ ID NO: 26736
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTATTA CTACTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAA GGGCCTGGAATGGATTGGGTTCATCTTTTACAGT GGGAAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACTGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGATT ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACCACTACTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCAC CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26737
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYGDSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRSVG YHYYYHGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26738
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRSVG YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26739
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGV GYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26740
CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CACCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26741
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGCCACCCT GTCTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTCGCAGCAGCC TTCCTTGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA GCCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCG TGGCGCGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA TCAAA
SEQ ID NO: 26742
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26743
CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CACCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26744
CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CACCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26745
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26746
CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CACCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26747
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26748
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26749
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26750
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26751
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26752
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26753
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26754
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26755
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26741
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26742
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26744
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26747
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26745
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26750
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26748
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26749
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26751
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26752
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26753
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26754
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26755
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26741
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26742
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26744
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26747
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26745
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26750
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26748
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCA GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCG GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA TCGTATTACTGTCAGCAATATGGTATCCTCACCGT TCAAA
SEQ ID NO: 26749
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTACTA CTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAG GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC GAGTTAC

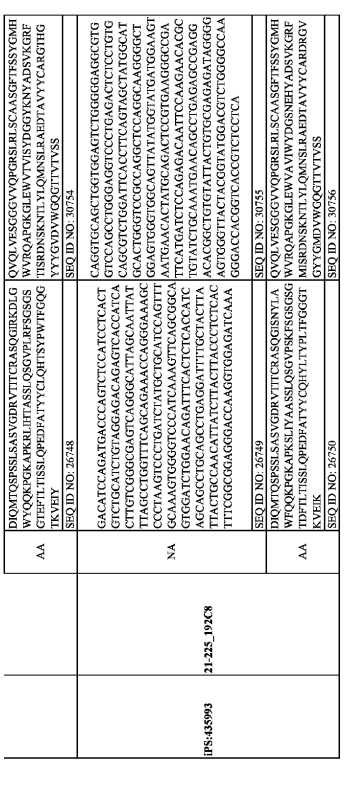
【図５０－８７８】



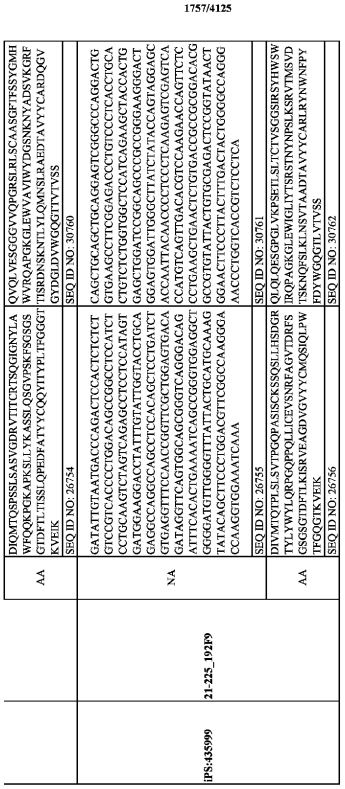
【図５０－８７９】



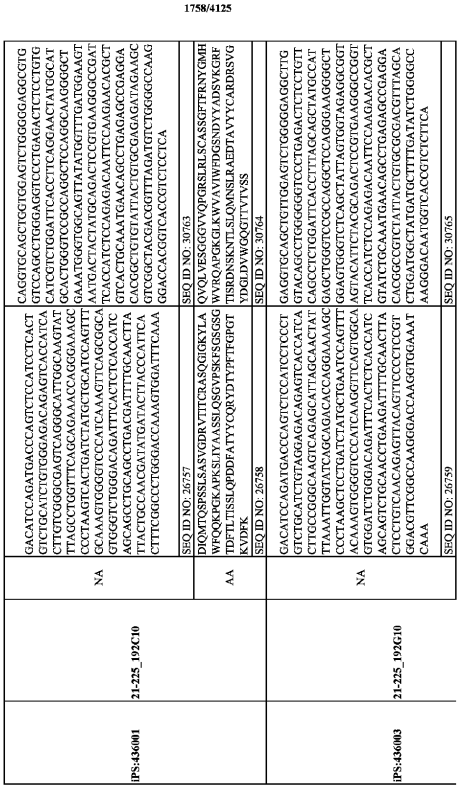
【図５０－８８０】


1755/4125
FIGURE 50
iPS:435985
21-225_192F6
AA
EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGRSLHW
YQQKPDQSPKLLIKYASQSFSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLEAEDAATYYCHQSSRLPLTFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 26742
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCTGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCAATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCTACAGCATTATAGTTTCCCATTCAC
TTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA
SEQ ID NO: 26743
iPS:435989
21-225_192F7
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIHTASSLQSGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQG
TKVEIY
SEQ ID NO: 26744
NA
G

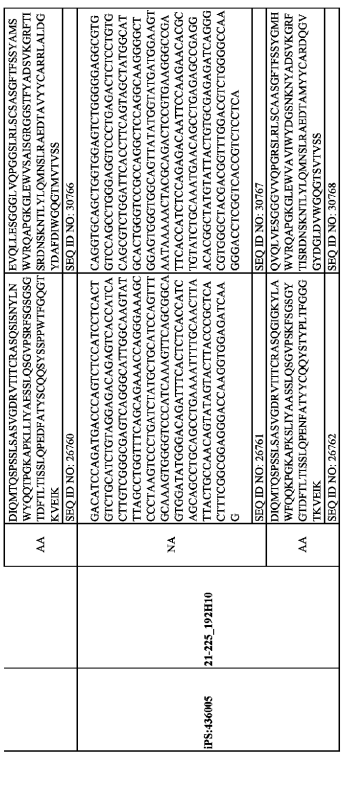
【図５０－８８２】



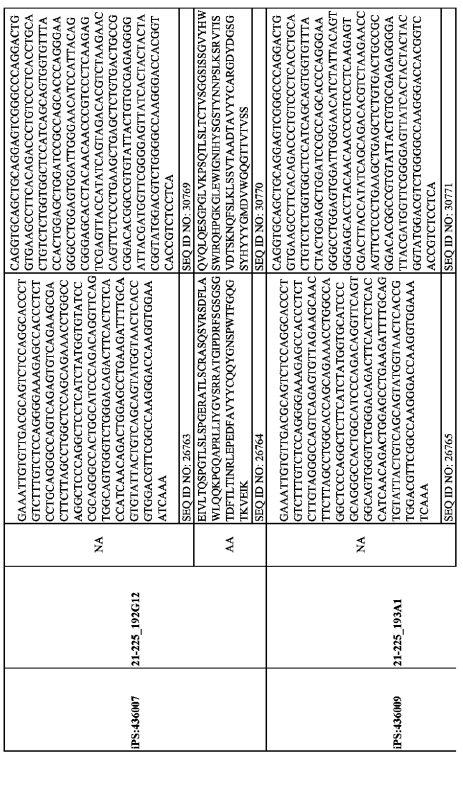
【図５０－８８３】



【図５０－８８４】



【図５０－８８５】



【図５０－８８６】

1761/4125

FIGURE 50

iPS:436011	21-225_193B1	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRSNFLA	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGVYYW
			WHQQKPGQAPRLIYGASNRATGIPDRFSGSGSG	SWIRQHPGKGLEWIGNIYYSGSTYNNPSLKSRLTIS
			TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWTFGQG	ADTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGDYDGSG
			TKVEIK	SYFHYYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26766	SEQ ID NO: 30772
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGCCACCCT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCACCCTCT	GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			CTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGAAGCAAC	CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTATA
			TTCTTAGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT	CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAA
			GGCCTCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA	GGGCCTGGAGTGGATTGGGAAACATCTATTACAGT
			GCAGGGCCACTGGCTTCCCAGACGAAACCTGGCCA	GGGAGCACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGT
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACTGCCGC
			CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG	GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGA
			TGTATTTCTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCGT	TTACGATGGTTTCGGGGAGTTATCACTACTACTAC
			GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	GGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTC
			CAAA	ACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26767	SEQ ID NO: 30773
		AA	EIVLTQSPGTLSLSPGDRATLSCRASQSVRSNFLA	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGVYYW
			WHQQKPGQAPRLLIYGASNRATGIPDRFSGSGSG	SWIRQHPGKGLEWIGNIYYSGSTYNNPSLKSRVTIS
			TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWTFGQG	VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGDYDGSG
			KVEIK	SYFHYYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26768	SEQ ID NO: 30774

【図５０－８８７】

1762/4125

FIGURE 50

iPS:436013	21-225_193F2	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCTGTG
			CTTGTCGGCCGAGTCAGGGATTAGCAATTAT	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
			TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAGTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT	GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTGGTGGT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC	AACACACACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAATACGC
			CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			ACTCTTGTCAACAGGCTTACATTTCCCGTGG	ACACGGCCGTATATTCTGTGCGAAAGATGGATT
			ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA	CGGTGGGAGCTCTACTTTGACTACTGGGGCCAG
			CGA	GGAACCCTGGTCACCGTCTCTTCA
			SEQ ID NO: 26769	SEQ ID NO: 30775
		AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGINNWLA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTFAMS
			WYQQKPGKAPKLLIYGVSSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGNTHYADSVKGRFTI
			GTDFTLTISSLQPEDFATTYSCQQANSFPWTFGQG	SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDGFGGS
			TKVEIK	SYFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26770	SEQ ID NO: 30776
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGCCACCCT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCACCCTCT	GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCAACTT	CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGATTA
			TTACCTGGTATCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT	CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCTCCAGGGAA
			CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCACTAGG	GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTTTACAGT
			GCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAG	GGACAGCACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCC
			TGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATC	GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
			AGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAACTTA	CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTG
			CTACTGTCAACAGGCTTACAGTTTCCCGTGGA	GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC
			CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA	ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTT
			ACGA	ATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTTC
			SEQ ID NO: 26771	GGCGGAACGAAGGTCGAGATCAAA
				SEQ ID NO: 30777

【図５０－８８８】

1763/4125

FIGURE 50

iPS:436017	21-225_193F3	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGDYYW
			WYQQKPGQAPRLLIYGASNRATGIPDRFSGSGS	NWIRQLPGKGLEWIGYIFYSGSTYYNPSLKSRLTISV
			GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQ	DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCTRGDYDGSGSY
			GTKVEIK	HFYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26772	SEQ ID NO: 30778
		NA	CAGGTTGCAACTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA	GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAACAGTGGTGATTA	CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTATTA
			CTACTGGAGCTGGATCCGGCCAGCACCCAGGGAA	CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAA
			GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT	GGGCCTGGAGTGGATTGGGAAACATCTATTACAGT
			GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA	GGGAGCACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
			GCAGGGCCACTGGCTTCCCAGACGAAACCTGGCCA	GGGAAGCACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	GAGTCACCATATCCGGACACGTCTAAGAACCA
			CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG	GGCCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCAC
			TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCGT	CATCAGCAGACTGGAGCCTGCAGATTTTGCAG
			GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGT
			CAAA	TCGGCGGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
			SEQ ID NO: 26774	AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 30780	SEQ ID NO: 30783

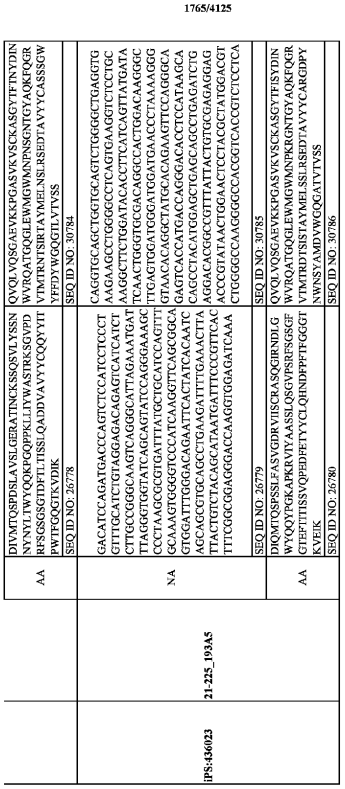
【図５０－８８９】

1764/4125

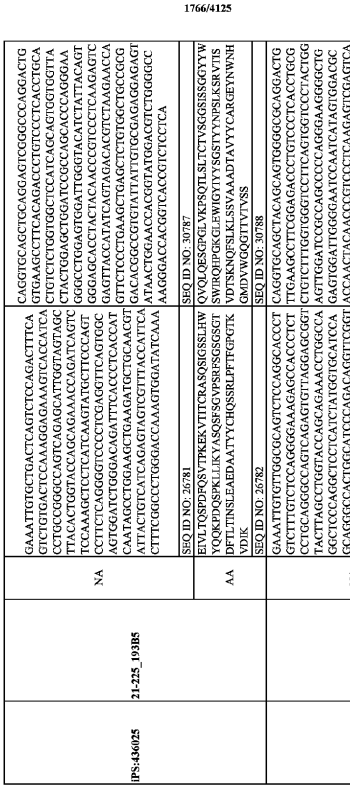
FIGURE 50

iPS:436019	21-225_193C4	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT	GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
			GTCTGCATCTGTTGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGCCGGCCGAGTCAGGGCATTAGCATTTAT	CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
			TTAGCCTGGCATCAGCAGAAACCAGGGAAATGT	GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			TCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAATTT	GGAGTGGGTCTCAGCTATTATTGGTGATGGTGGT
			ACAATCAGGGGTCCCATCTCGGTTCAGTGGCA	AGAACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
			GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC	TTCTCCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT	TGTTTCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			TTACTGTCAAAAGTATAACAGTGCCCCATTCA	ACACGGCCGTATATTCTGTGCGAAAGATCTGGG
			CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA	CAGGGAACCCTCGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 30781
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRPSQGISTYLAW	EVQLLESGGGLAQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMN
			YQQKPGNVPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGT	WVRQAPGKGLEWVSAIGNGGRTYYADSVKGRFSI
			DFTLTISSLQPEDVATTYCQKYNSAPFTFGPGTK	SRDNSKNTLFLQMNSLRAEDTAVYYCAKDLGRYS
			VDIK	YGPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26776	SEQ ID NO: 30782
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			GGCTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACAGC	AAGGCTTCTGGATACACCTTTACTAGCTATGATA
			TCCAACAATTATTACTTGGCTTCAGCAGAAA	TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
			GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACTGCTCA	TTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAACAGTG
			TTTACTGGGCATCTACCCGAAAATCCGGGTC	GTAACAGGCACTACTCAGAAGTTCCAGGGCA
			CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	GAGTCACCATGACCAGGGACACCTCCATAGAA
			AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTACAG	CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
			CTGCAGCTGGAAGATTTTGCAACTTATTACTG	AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGG
			TCAGCAGTATCAGAGTTACCCTCTCACTTTC	ACGATGGTTTCGGGGAGTTATCACTACTACGG
			GGCGGAACGAAGGTCGAGATCAAA	AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26777	SEQ ID NO: 30783

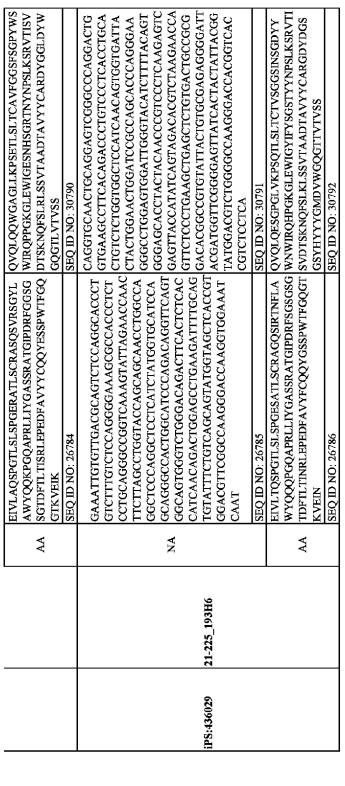
【図５０－８９０】



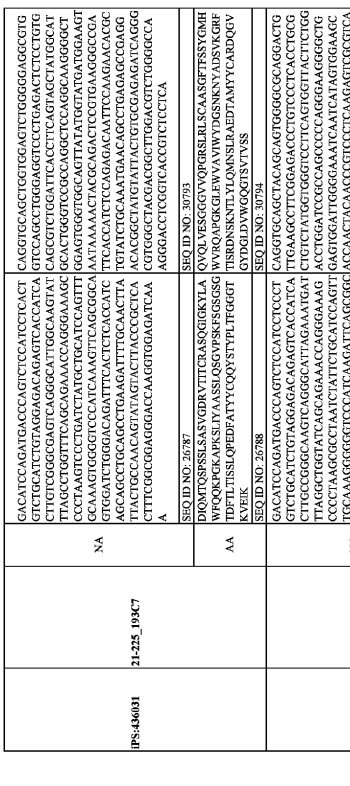
【図５０－８９１】



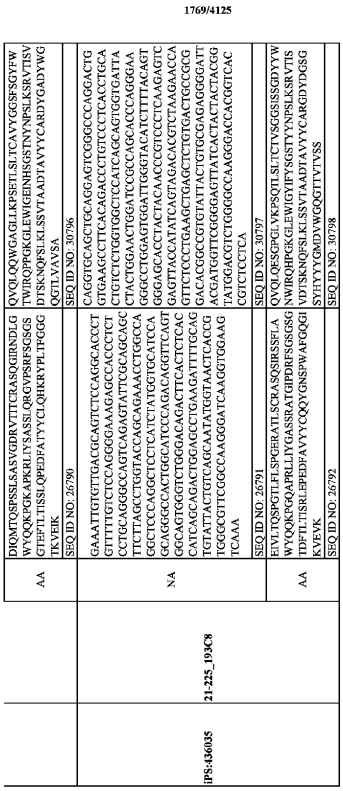
【図５０－８９２】



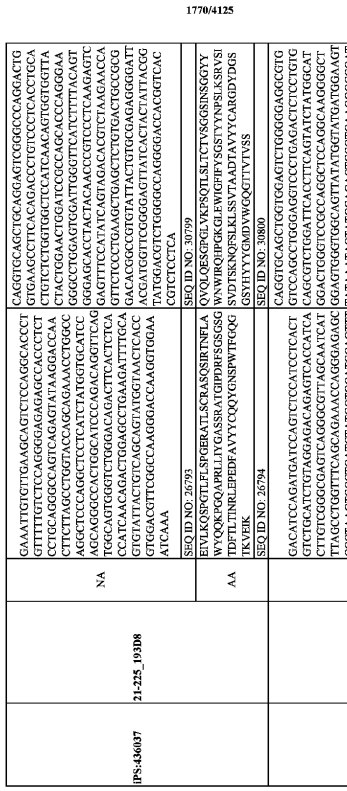
【図５０－８９３】



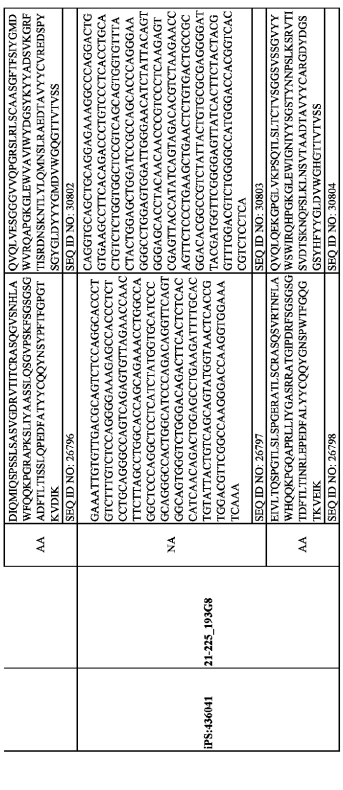
【図５０－８９４】



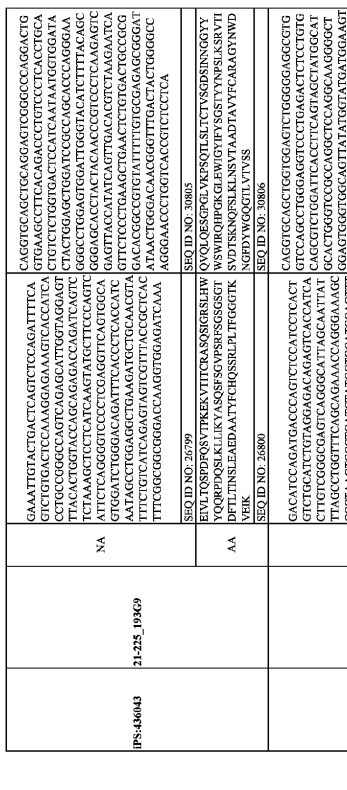
【図５０－８９５】



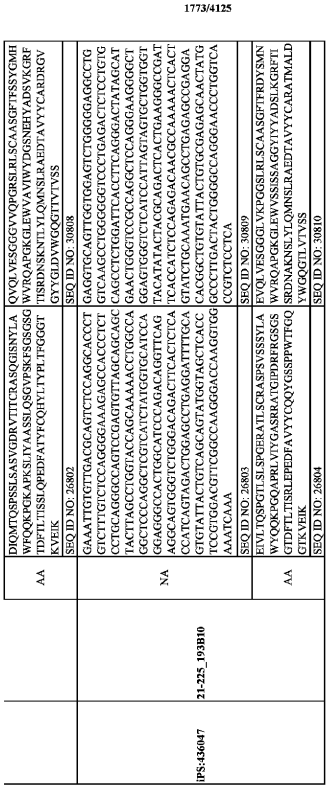
【図５０－８９６】



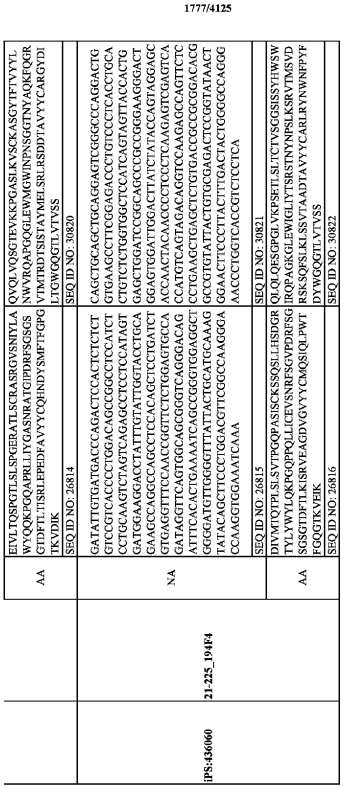
【図５０－８９７】



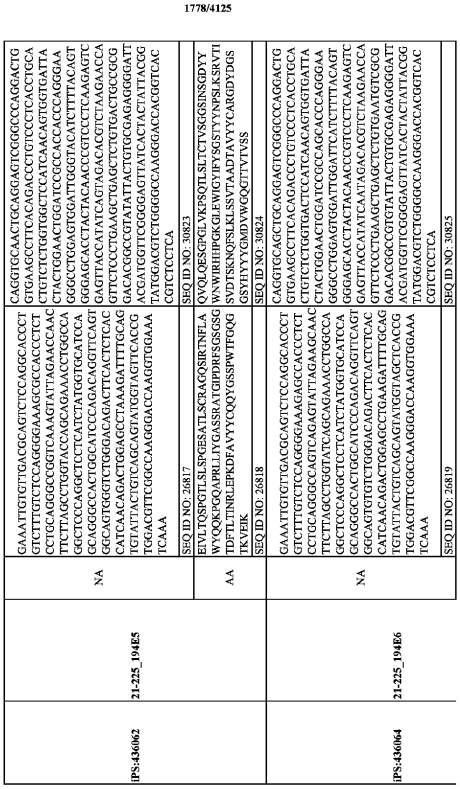
【図５０－８９８】


1773/4125
FIGURE 50
iPS:436047
21-225_193B10
AA
NA
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYFCQHYLTYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26802
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCGAGTTATCAGCAGCAC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAAAAACCTGGCCA
GACTCCCAGGCTCGTCATCTATGGTCTTCA
GCAAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAG
AGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCA
CCATCAGTAGACTGGAGCCTGAAGCAGTTTGCA
GTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACC
ITCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGG
AAATCAAA
SEQ ID NO: 26803
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSY
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNEHYADSVKGR
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGLDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26804
GAAGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
GTCAAGCCTCGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCGGATTCACCTTCAGGGACTATAGCAT
GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTAGTCGTCGTGGT
TACATATACTACGCAGACTCACTGAAGGGCCGAT
TCACCAATCTCCAGAGACAACGCCAAAAACTCACT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGCAACTATG
GCCCTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCA
CCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26809
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA
WYQQKPGQAPRLVIYGASRRATGIPDRFSGSGS
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPWTFGQ
GTKVEIK
SEQ ID NO: 26810
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26811
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26812
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACA
CGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
GGACACGGCCGTATTTTATTGTGCGAAAGATCGT
CCTATTACTATGGTTCGGGGAGTTATTATAACTA
CTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26813
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCGAGTTATCAGCAGCAC
CTACTTAGCCTGGTACCAGCAAAAACCTGGCCA
GACTCCCAGGCTCGTCATCTATGGTCTTCA
GCAAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAG
AGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCA
CCATCAGTAGACTGGAGCCTGAAGCAGTTTGCA
GTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACC
ITCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGG
AAATCAAA
SEQ ID NO: 26814
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26815
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26816
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACA
CGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
GGACACGGCCGTATTTTATTGTGCGAAAGATCGT
CCTATTACTATGGTTCGGGGAGTTATTATAACTA
CTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26817
QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSINNYYWS
WIRQPAGKGLEWIGRIYASGSTNYNPSLKSRVTMSI
DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVHYCARDRGYTGYY
GMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26818
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGACTCCATCAATAATTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGCCT
GGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGC
ACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATGTCAATAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATACTT
ATGGCTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAG
GGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26819
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCGAGTTATCAGCAGCAC
CTACTTAGCCTGGTACCAGCAAAAACCTGGCCA
GACTCCCAGGCTCGTCATCTATGGTCTTCA
GCAAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAG
AGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCA
CCATCAGTAGACTGGAGCCTGAAGCAGTTTGCA
GTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACC
ITCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGG
AAATCAAA
SEQ ID NO: 26820
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26821
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26822
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACA
CGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
GGACACGGCCGTATTTTATTGTGCGAAAGATCGT
CCTATTACTATGGTTCGGGGAGTTATTATAACTA
CTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
GTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26823
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26824
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26825
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26826
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26827
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26828
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26829
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26830
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26831
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26832
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26833
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26834
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26835
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26836
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26837
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26838
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26839
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26840
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26841
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26842
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26843
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26844
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26845
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26846
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26847
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26848
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26849
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26850
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26851
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26852
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26853
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26854
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26855
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26856
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26857
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26858
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26859
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26860
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26861
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26862
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26863
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26864
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26865
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26866
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26867
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26868
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTCATTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GACTTACCATATCAGTGGACACGTCTAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGACTGTGACCGCCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATT
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTTCTACTACG
CGATGGACGTCTGGGGCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26869
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYDASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ

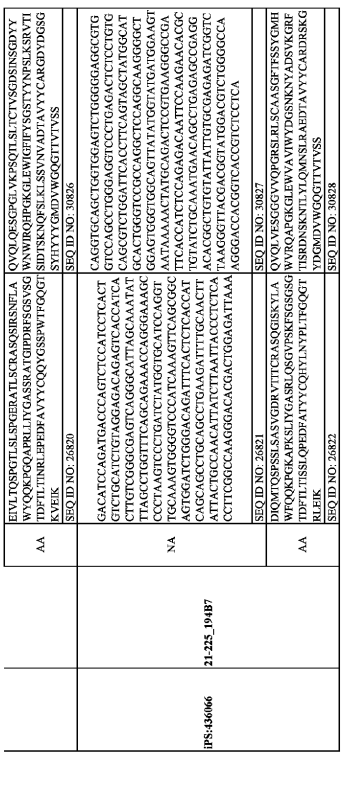
【図５０－９０２】


1777/4125
FIGURE 50
iPS:436060
21-225_194F4
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASRGVSNYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASNRATGIPDRFSGSGS
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQHINDYSMFTFGPG
TKVDIK
SEQ ID NO: 26814
NA
GATATTGTTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTCCATAGT
GATGGAAGGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
GTGAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATATTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAG
TACACAGCTTCCGTCCGGCCAAGGGACA
CCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26815
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGR
TYLAWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFSG
SGSGTDFTLKISRVEAGDVGVYYCMQSIQLPWT
FGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26816
iPS:436060
21-225_194F4
NA
CAGGTGCAACTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAAAGTGGTACTA
CTACTGGAACTCGGATCCCCCACCACCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGACACGTTCAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACTGCCGCG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAA
CTTACTACTGTCAGCAGATTATCACTATTACGG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 26819
iPS:436062
21-225_194E5
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCGGTCAAAGTATTAGAACCAAC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATAATGATTGGCCT
TCAAA
SEQ ID NO: 26817
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRAGQSIRTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26818
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGAACCAAC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTCAGTCACCG
TCAAA
SEQ ID NO: 26820
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSVSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26821
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTATCTGCATAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCAATTAGCAAATAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAAAGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
ATTACTGCCAACATTATCTTAATTACCCTCTCA
CCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
SEQ ID NO: 26822
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLA
WFQQKPGKAPKSLIYGASRLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQHYLNYPLTFGQGT
RLEIK
SEQ ID NO: 26823
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGATCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCGTGTGGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26824
iPS:436066
21-225_194B7
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISWLA
WFQQKPGKAPKLLIYAASLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQFNSYPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26825
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCACTCTCCTCA
GCCCGTCACAGCCTGGAGAGCCGAGCCTCCATC
TCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGT
AATGGATACAACTATTTGGATTGGTACCTGCAG
AAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTAT
TTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGAC
AGGTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGATTT
TACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGG
ATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGCTCTA
CAAACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGAT
CAAA
SEQ ID NO: 26826
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26827
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCTTCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA
CCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
TCAAA
SEQ ID NO: 26828
AA
DIQMTQSPSTLSASVGDRVTITCQAHDSIGSWLA
WFQQKPGKAPKLLIYKASELQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPDDFATYYCQQFTTLNPLTFGQGT
RLEIK
SEQ ID NO: 26829
NA
CAGGTTGCAGCTGGTTCGAGTCTGGGGCCTGAGGTTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGACTACTACA
TACACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAATGG
TGGCACAAACTATGCACAGAAATTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAAACCC
CTTGGTTACTATGGTTCGGGGAGTTATGGGCCT
ACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGG
TCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26830
iPS:436068
21-225_194F7
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGATCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCGTGTGGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26831
iPS:436072
21-225_194C10
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TTCTTAGCCTGGTAGCCAGAAACCTGGCCAG
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC
ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGT
GTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGT
GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26832

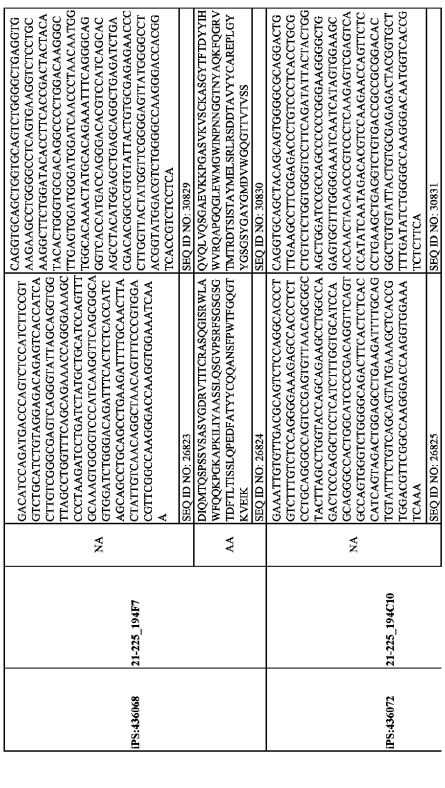
【図５０－９０３】


1778/4125
FIGURE 50
iPS:436064
21-225_194E6
AA
QVQLVQSGTEVKKPGASLKVSCKASGYTFTVYYL
NWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGYDI
LTGWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30820
NA
CAGCTGCAAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACCACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCGGGAAGGGACT
GGAGTGGATTGGGACTTATCTATACCAGTAGGAGC
ACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATGTCAGTAGACACGTTCCAAGAGCCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCCGTGTATTACTGTGCGAGCTCCGGTATTACT
GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30821
AA
QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYYWSW
IRQPAGKGLEWIGRLYTSGSTNYNPSLKSRVTMSVD
TSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARLRYIWNFFF
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30822
iPS:436062
21-225_194E5
NA
CAGGTGCAACTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAAAGTGGTACTA
CTACTGGAACTCGGATCCCCCACCACCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGACACGTTCAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACTGCCGCG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGATTATCACTATTACGG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 26817
AA
QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSINSGDYY
WYQQHPGKAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPKDFAVYYCQQYGSSPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26818
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGAACCAAC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
CAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC
ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGT
GTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGT
GGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 30823
iPS:436064
21-225_194E6
NA
CAGGTGCAACTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAAAGTGGTACTA
CTACTGGAACTCGGATCCCCCACCACCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGACACGTTCAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACTGCCGCG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGATTATCACTATTACGG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 30825

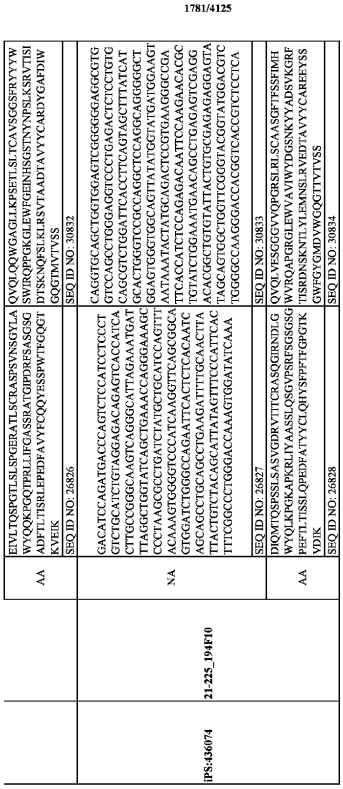
【図５０－９０４】


1779/4125
FIGURE 50
iPS:436066
21-225_194B7
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISKYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASQSISGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQFNSYPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26821
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGCAAATAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAAAGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGCCAACATTATCTTAATTACCCTCTCA
CCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
SEQ ID NO: 26822
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISKYLA
WFQQKPGKAPKSLIYGASRLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQHYLNYPLTFGQGT
RLEIK
SEQ ID NO: 26823
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTATCTGCATAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCAATTAGCAAATAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCGTGTGGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26824
iPS:436068
21-225_194F7
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGATCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCGTGTGGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 30829
iPS:436072
21-225_194C10
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTGTCTCCAGGGGAAAGCGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TTACTTAGCCTGGTAGCCAGAAACCTGGCCA
GACTCCCAGGCTCCTCATCTTTGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGTAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTATTGTCAGCAGATTATCACCGTCCCT
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 26831

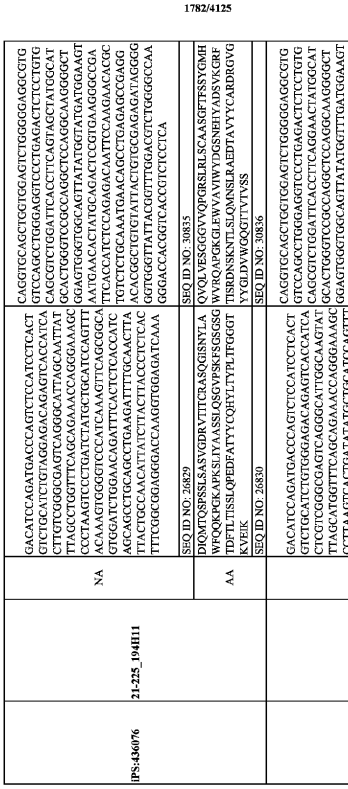
【図５０－９０５】



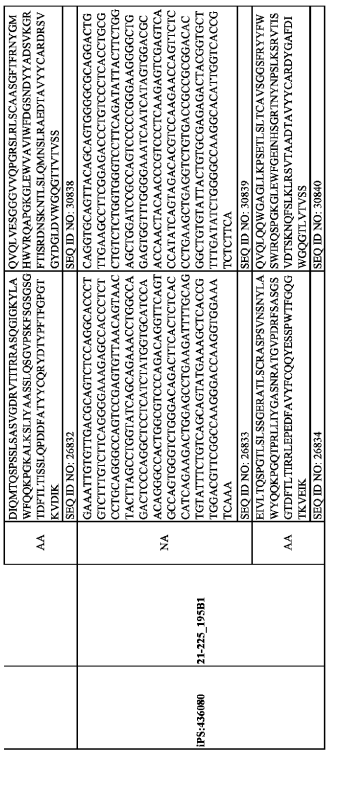
【図５０－９０６】



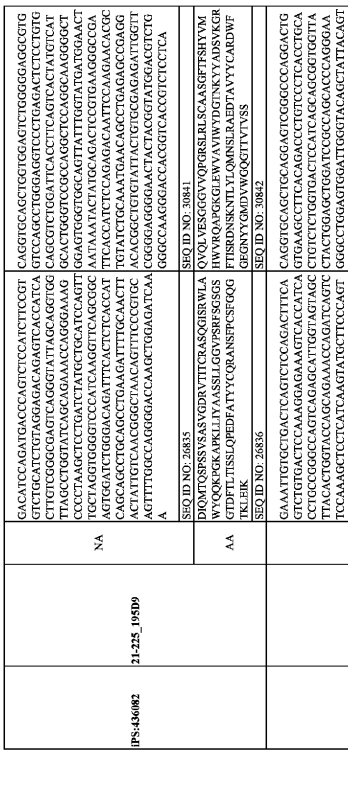
【図５０－９０７】



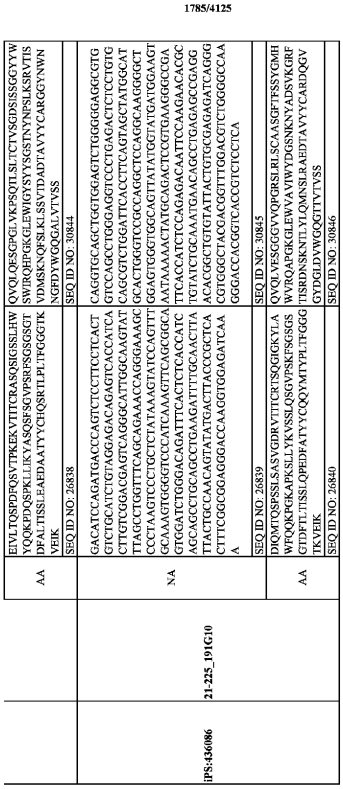
【図５０－９０８】



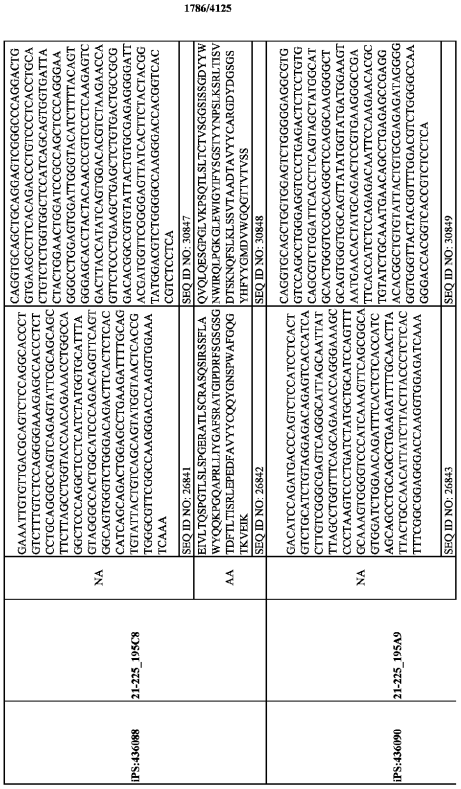
【図５０－９０９】


1784/4125
FIGURE 50
iPS:436088
21-225_194H11
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSINSYLA
WYQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQHSYSTPPTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26829
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCAGGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
ACAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGTATGAAAGTCCACCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGTAAG
SEQ ID NO: 26830
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTGGAATTTCACCTTCAGTAGCTATGGCA
TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA

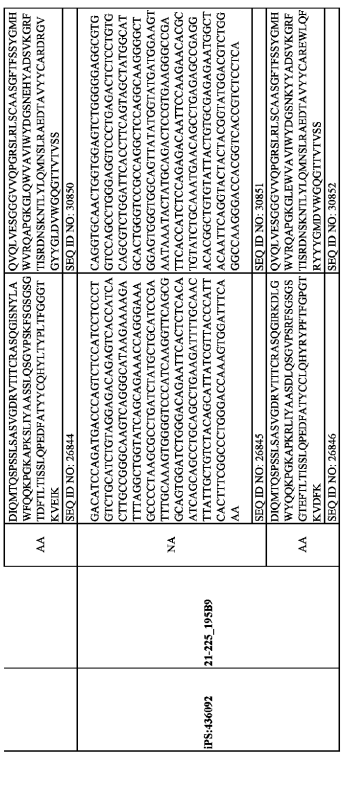
【図５０－９１０】



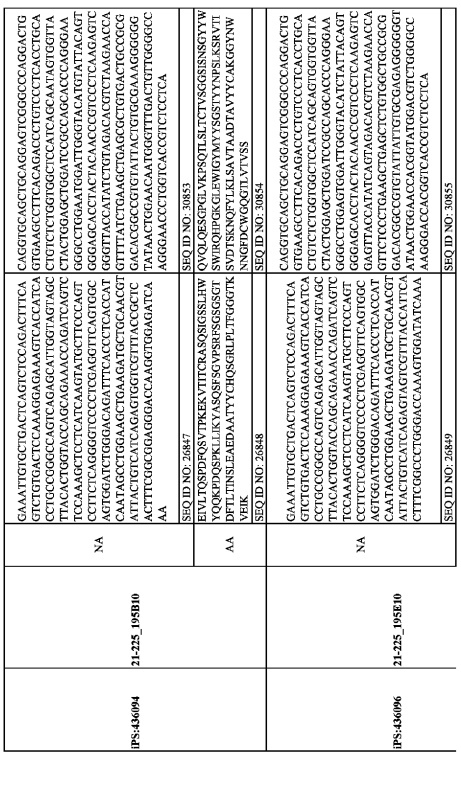
【図５０－９１１】



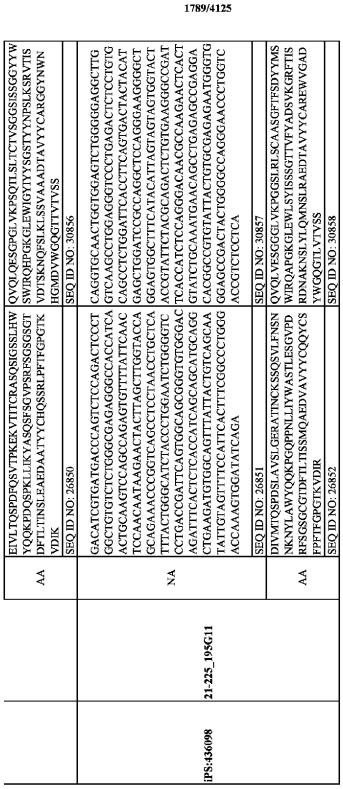
【図５０－９１２】



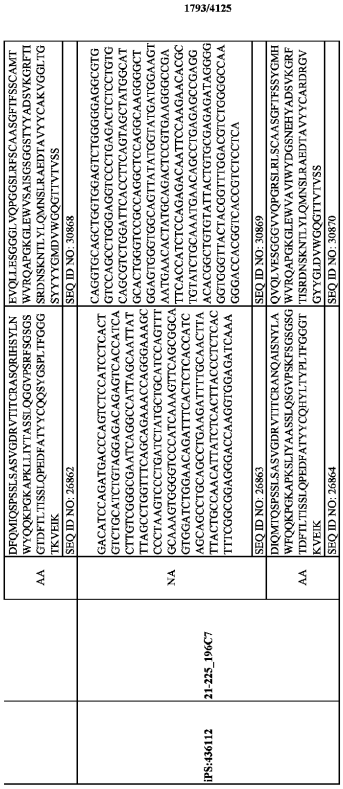
【図５０－９１３】



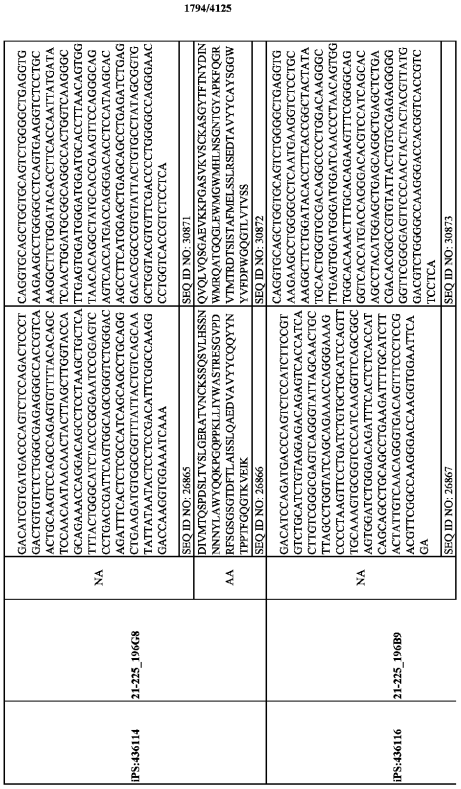
【図５０－９１４】


1789/4125
FIGURE 50
iPS:436098
21-225_195G11
AA
NA
EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGSSLHW
YQQKPDQSPKLLIKYASQSFSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLEAEDAATYYCHQSSRLPFTFGPGTK
VDIK
SEQ ID NO: 26830
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATTCAAC
TCCAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCCGGTCAGCCTCCTAACCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCCTGGAATCTGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTGTAGTTTTCCATTCACTTCGGCCCTGGG
ACCAAAGTGGATATCAGA
SEQ ID NO: 26857
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLFNSN
NKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGCGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYCS
WTPPTFGPGTKVDIR
SEQ ID NO: 26858
QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMS
WIRQAPGKGLEWISYISSSGSTIMYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERWVGAD
YWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26864
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATTCAAC
TCCAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCCGGTCAGCCTCCTAACCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCCTGGAATCTGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTGTAGTTTTCCATTCACTTCGGCCCTGGG
ACCAAAGTGGATATCAGA
SEQ ID NO: 26857
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLFNSN
NKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGCGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYCS
WTPPTFGPGTKVDIR
SEQ ID NO: 26858
CAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATGGG
GGTATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG
TCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26861
QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMS
WIRQAPGKGLEWLSYISSSGTTIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERWVGAD
YWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26862
CAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCACCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTTTGCCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATTAATGATGGAAGT
AATYAAAAGTYCGACTCCGTGAAGGGCCGA
TGCACCATTTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTTTATTACTGTGCGAGACGAGCA
GTGGCTGGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACAGC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26865
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTNSVPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 26860
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGACTTACCCATTC
ACTTTTGGCCAGGGGACCAAGGTATATCAA
A
SEQ ID NO: 26859
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTNSVPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 26860
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACAGACTTACCCATTC
ACTTTTGGCCAGGGGACCAAGGTATATCAA
A
SEQ ID NO: 26861
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCACCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTTTGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGATGGTAGTAAT
AAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTTTATTACTGTGCGAGAGATCGGG
GGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30865
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMH
WVRQAPGKGLEWVAVLSYDGSNKYYADSVKGRC
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGQQW
LVNGYDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30866
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTATTCAAC
TCCAACAATAAGAGGTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAACCCGGTCAGCCTCCTAACTGCTCCA
TTTACTGGGCATCTACCCTGGAATCTGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTTGCAACTTATTACTGTCAGCAA
TATTGTAGTTTTCCATTCACTTCGGCCCTGGG
ACCAAAGTGGATATCAA
SEQ ID NO: 26855
QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMS
WIRQAPGKGLEWLSYISSSGTTIYYADSVKGRFTIS
RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERWVGAD
YWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30838
QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYW
SWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTIS
VDTSKNQFSLKLSSVAAADTAVYYCARGGYYWN
HGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30856
CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCC
ATGTCTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTGGTGGT
AACACACACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCGTGTATCTG
CAGATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCCGTATATTTCTGTGCGAAAGATGGATT
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAATACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCCGTATAT

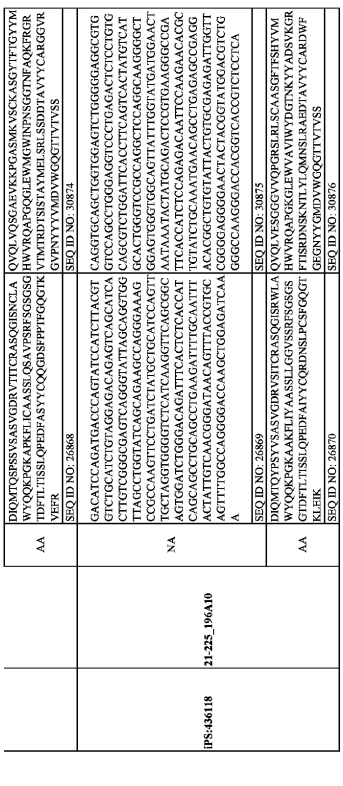
【図５０－９１８】


1793/4125
FIGURE 50
iPS:436112
21-225_196C7
AA
NA
DFQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQRIHSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYTASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSGPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26862
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAATCAGGCCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGTTATCCTCCTCTTCAC
TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26863
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLA
WYQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQHFDSLPFTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26864
DFQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQRIHSYLN
WYQQKPGKAPKSLIYTASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSGPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26865
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCGTCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAATACTCCTCCGACATTCGGCCAAGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26866
DIVMTQSPDSLTVSLGERATVNCKSSQSVLHSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLASSLQAEDVAVYYCQQYYN
TPFTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26867
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGATGCGGCAGGCCCACTGGTCAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCTTAACAGTGG
TTACAACAGGCTCTACAGGGCAC
AGTCACCATGACCAGGGACACCTCCATAAGCAC
AGCTTCACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCCTATAGCGGTG
CCTGGTTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26873
iPS:436116
21-225_19G89
AA
NA
EVQLLESGGGLVQPGGSLRFSCAASGFTFSSCAMT
WVRQAPGKGLEWVSAISGSGGSTYYADSVKGRFTI
SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKVGGLTG
SYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30868
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
AATGAACACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACC
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGGGAGATAGGGG
GGTGGGTTACTACGGTTTGGACGTCTGGGCCAA
GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30869
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLA
WYQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQHFDSLPFTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 30870
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCGTCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCTA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAATACTCCTCCGACATTCGGCCAAGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 30871
DIVMTQSPDSLTVSLGERATVNCKSSQSVLHSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLASSLQAEDVAVYYCQQYYN
TPFTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 30872
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGATGCGGCAGGCCCACTGGTCAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCTTAACAGTGG
TTACAACAGGCTCTACAGGGCAC
AGTCACCATGACCAGGGACACCTCCATAAGCAC
AGCTTCACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCCTATAGCGGTG
CCTGGTTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30873
iPS:436114
21-225_19G68
AA
NA
EVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNEHYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGLDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30870

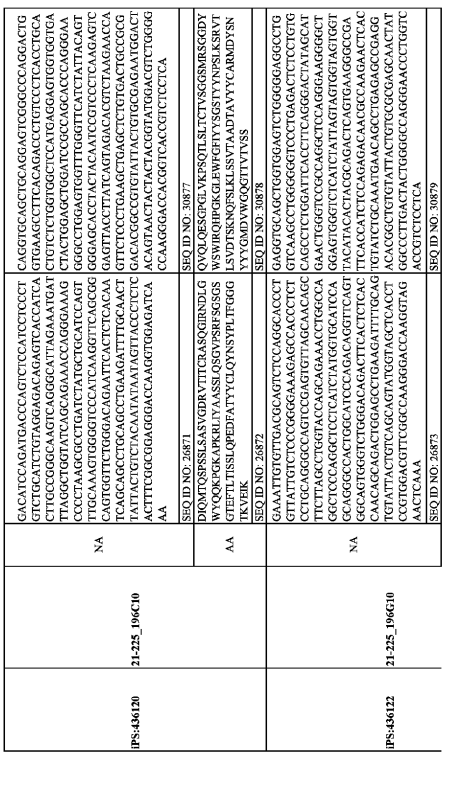
【図５０－９１９】



【図５０－９２０】


1795/4125
FIGURE 50
iPS:436118
21-225_196A10
AA
NA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISNWLA
WYQQKPGKAPKFLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQHDSLPSFQGQT
FTISSLQPEDFASYYCQQGDSFPPTFGQGTK
VEFR
SEQ ID NO: 26868
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCAGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGGAAAG
CCGCCAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TGCTATGGTGGGGTCTCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ACTATTGTCAACGGGATCAACTACGGTATGCGA
AGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 26869
DFQMTQSPSSVSASVGDRVSITCRASQGISRWLA
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQRDSAYPGQGT
KLEIK
SEQ ID NO: 26870
CAGGTCCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTGA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGAGACACGTCTAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCG
CAGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATC
TCGTTTGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGT
CACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30875
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSHYVM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGTNKTYADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDWF
GEGNYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30876
iPS:436120
21-225_196C10
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDYNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26871
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGTTCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAATTATAATTACCCTCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26872
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTTATTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTT
CCTGCAGGGCCAGTCCGAGTGTTAGCAACAGC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CAACAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGATATGGTAGCTCACCT
CCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTAG
AACTTCAAA
SEQ ID NO: 26873
iPS:436122
21-225_196G10
AA
NA
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTGA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGAGACACGTCTAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCG
CAGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATC
TCGTTTGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGT
CACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30879
iPS:436124
21-225_19G10
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDYNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 30877
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGATCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGTTCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAATTATAATTACCCTCTC
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 30878
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTTATTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTT
CCTGCAGGGCCAGTCCGAGTGTTAGCAACAGC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CAACAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGATATGGTAGCTCACCT
CCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTAG
AACTTCAAA
SEQ ID NO: 30879

【図５０－９２１】



【図５０－９２２】

1797/4125

FIGURE 50

iPS:436132	21-225_196C12	AA	EIVLTQSPGTLLLSPGERATLSCRASPSVSNSFLA	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFRDYSMN
			WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG	WVRQAPGKGLEWVSSISSGSGYIHYADSVKGRFTIS
			TDFTLTNSRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPWTFGQ	RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARATMALD
			GTKVELK	YWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26874	SEQ ID NO: 30880
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCGTCTCCTCACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			GTTTGCATGTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT	AAGGCTTCTGGATACACCTTCATCAGTTATGATA
			CTAGGCTGGTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC	TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
			CCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT	TTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAAAAGGG
			GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA	GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
			GTGGATCTGGGACAGAATTTCACTATCACAATC	GAGTCACCATGACCAGGGACACCTCCATAACA
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
			TTACTGTCTACAGCATATAATGATTTCCCGTTCAC	AGGACACGGCCGTGTTTATTACTGTGCGAGAGAG
			TTTCGGCCGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA	ACCCGTATAACTGGAAACTCCTACGCTATGGACGT
				CTGGGGCCAAGGGGCCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26875	SEQ ID NO: 30881
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGINYLA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFISYTDIN
			WYQQKPGKAPKSLLYKTSSLQSGVPSKFSGSGS	WVRQAPGQGLEWMGWINPKGGNTNYAQKFQGR
			GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYDSLPGWTFGQ	VTMTTDTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGDPY
			GTKVEIK	YWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26876	SEQ ID NO: 30882

【図５０－９２３】

1798/4125

FIGURE 50

iPS:436134	21-225_196H12	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTTTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT	GTGAACCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGAAGCAAC	CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTTTA
			TTCTTAGCCTGGCACAGCAGAAACCTGGCCA	CTACTGGAGCTCGATCCGCCCAGCAGCCCAGGGAA
			GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA	GGGCCTGGAGTGGATTGGGAAACCTATTACAGT
			GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC	GGGAGCACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGT
			GAATTACCATATCAGTACAGGTTCAGT	CGAATTATCATATCAGTACAGGTTCAAGAACC
			GTTCTCCCTGAAGCTGACGCTCTGTGACTGCCGCG	AGTTCTCCCTGAAGCTGACGCTCTGTGACTGCCGC
			GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAGGGGGA	GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAGGGGGA
			TGTATTACTGTCAGCAGTATAGTGATTACCCGCG	TGTATTACTGTCAGCAGTATAGTGATTACCCGCG
			ACGATGGTTCGGGGAGTTTATCACTACTACTAC	TTACGATGGTTCGGGGAGTTTATCACTACTACTAC
			TTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCACGGTCACC	GGTTTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTC
			GTCTCCTCA	ACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26877	SEQ ID NO: 30883
		AA	EIVLTQSPGTLFLSPGERATLSCRASQSVRSNFLA	QVQLQESGPGLVNPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYW
			WYQQKPGQAPRLLIYGAYRKATGIPDRFSGSGS	SWIRQHPGKGLEWIGNIYYSGSTNNPSLKSRITISV
			GTDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWTFGQ	DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGDYDGSGS
			GTKVEIK	YHYYYGLDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26878	SEQ ID NO: 30884
		NA	GACATCCAGATGATCCAGTCTCCTCTCACT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GTCTGCATCGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
			CTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCAT
			TTACAGTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAAGT	GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
			TTAAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCACTTTG	GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGG
			CAAAGTGGGGTCTCATCAGGTTCAGTGGCAG	TAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
			TGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATC	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			AGCAGCCTGCAGCCTGATGATTTTGCAACTTA	GTATATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			TTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCGTACACT	ACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGATCCCTC
			TTTCGGCCGGGGACCAAAGTGGATATCAAG	CTTTGGGCCAGGGCACCATGGTCACCGTCTCGAG
			SEQ ID NO: 26881	SEQ ID NO: 30887
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINSYLA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCVASGFTFSSYGMH
			WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
			GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSNYPVTFGPGT	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPSVG
			KVDIK	YDGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26882	SEQ ID NO: 30888

【図５０－９２４】

1799/4125

FIGURE 50

iPS:436140	21-225_197G3	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTCTCCACGTCGTCAGGAAAGAGCCACCCTCT	GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCAGCAGC	CTGTCTCTGGTTGGCTCCATCAGCAGTGGTTATTA
			TTCTTAGCCTGGTACCTGCAGAAGCCTGGCCA	CTACTGGAACTGGATCCGGCAGCCCCAGGGAAA
			GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA	GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
			GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT	GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	GAATTATCCATATCAGTACAGGTTCAAGAACC
			CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG	GTTCTCCCTGAAGCTGACGCTCTGTGACTGCCGC
			TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCG	GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAGGGGGA
			TTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA	TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCG
			TCAAA	TTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
				TCAAA
			SEQ ID NO: 26883	SEQ ID NO: 30889
		AA	EIVLTQSPGTLSLSPGEGATLSCRASQSIRSSFLA	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGDYYW
			WYLQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG	SWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRITISV
			TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG	DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGDYDGSGS
			TKVEIK	YHYYYGLDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26884	SEQ ID NO: 30890
		NA	GACATCAGATGATGACCCAGTCTTCAGACTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGCTGAGGTG
			GACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACATCTA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			GCTGCAGGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC	AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
			TCCACAAATTACAACTACTTAGCTGGTACCA	TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
			GCAGAAACAGACAGATCCTCCTAACCTGCTCA	TTGAGTGGATGGGATGGAATCAACCCTAACAGTGG
			TTTACTGGGCATCTACCCGGAATCCGGGGTC	TAACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG
			CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	AGTCACCATGACCAGGGACACCTCCATAAGCAC
			AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAG	AGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA
			CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA	GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGG
			TATTATAGTACTCCTCCGACGTTCGGCCTAGG	GGCTGGTACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			GACCAAGGTGGAAATCAAA	CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26885	SEQ ID NO: 30891

【図５０－９２５】

1800/4125

FIGURE 50

iPS:436138	21-225_197F2	NA	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
			GTGAACCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTTTTA	AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGCTATGCTA
			CTACTGGAGCTCGATCCGCCCAGCACCCAGGGAA	TCAACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
			GGGCCTGGAGTGGATTGGGAAACCTATCTATACT	TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
			GGCTCCCAAGAGTCACCATGTCACCAGAGACA	TAACAGGCGCTTTGTCTTCTCCTTGGACACCTCT
			CGAATTTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCC	GTCAGCACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGCCGA
			GCACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGA	TTACGATTTTGGAGTGGTTATTATCCCTTTGACTAC
			TTACGATGGTTCGGGGAGTTTATCACTACTAC	TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCGAG
			TACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG	AGCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
			GTCACCGTCTCCTCA	CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCA
			SEQ ID NO: 26879	SEQ ID NO: 30885
		AA	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYW	QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMS
			SWIRQHPGKGLEWIGNIYYSGSTYNNPSLKSRITISV	WIRQAPGKGLEWVSYISSSGSTIYYADSVKGRFTI
			DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGDYDGSGS	SRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPQGV
			YHYYYGLDVWGQGTTVTVSS	YYDILTGYYNPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 26878	SEQ ID NO: 30884
		NA	GACATCCAGATGATCCAGTCTCCTCTCACT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GTCTGCATCGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
			CTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCAT
			TTACAGTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAAGT	GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
			TTAAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCACTTTG	GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGG
			CAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA	GCAAACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
			GTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAATC	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA	AGCACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGG
			TATTATAGTACTCCTCCGACGTTCGGCCTAGG	ACACGGCCGTCTGTTATTACTGTGCGAGAGATCAGG
			GACCAAGGTGGAAATCAAA	CGTCGGCTACGACGGTTCGGCCTGGGCCAAGGG
				GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 26879	SEQ ID NO: 30885

10

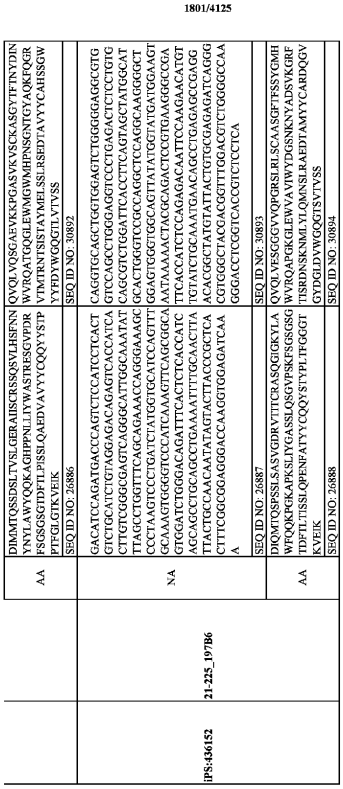
20

30

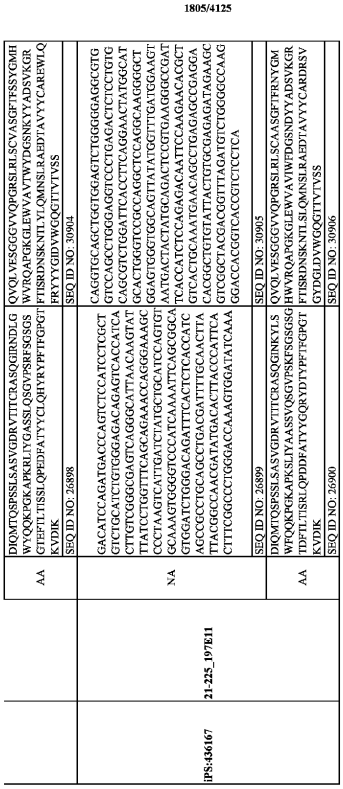
40

50

【図５０－９２６】

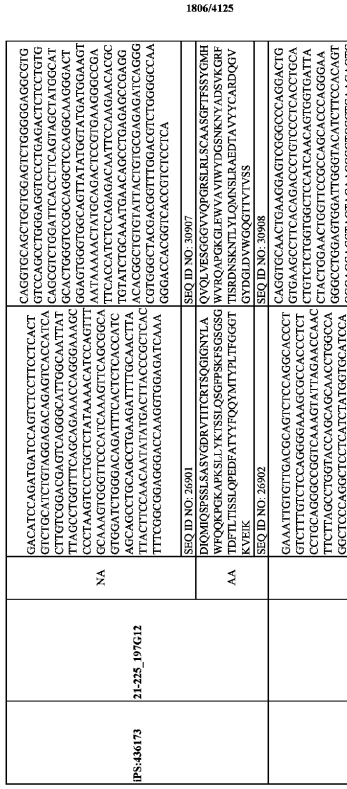

1801/4125
FIGURE 50
iPS:436152
21-225_197B6
AA
DIMMTQSSDSLLTVSLGERAIISCRSSQSVLHSFNN
YNYLAWYQQKAGHPPNLLIYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLSISSLQAEDVAVYYCQQQYYSTP
PTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26886
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTGTTCTGGGCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGG
AAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATC
CAGTTTGCAGAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCA
GTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTC
ACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGC
AACTTACTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCC
GTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGA
TCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTC
ATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATC
TGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATA
ACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTG
GAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACT
CCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTG
ACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACA
AAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGG
CCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAAC
AGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26887
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIKYLA
WFQQKPGKAPKSLIYGASSLQSGVPSKFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSTVPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26888
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
GCCTGTACCTGCAGGCCAGAGTGTTTACACAGC
GCTGCAGGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATTACAACTTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACTGCTCA
TTTACTGGGCATCTCACCGGGAATCCGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTCCGACGTTCGGCCAAGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26889
AA
DIMMTQSPDSLAVSLGERAIISCKSSQSVLHSSNN
YNYLAWYQQKPGHPPNLLIYWASTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPP
TFGLGTKVEIK
SEQ ID NO: 26890
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCATCATCA
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26891
AA
DIMMTQSPSSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSNN
YNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPP
TFGLGTKVEIK
SEQ ID NO: 26892
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTGTTCTGGGCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGG
AAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATC
CAGTTTGCAGAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCA
GTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTC
ACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGC
AACTTACTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCC
GTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGA
TCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTC
ATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATC
TGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATA
ACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTG
GAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACT
CCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTG
ACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACA
AAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGG
CCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAAC
AGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26893
AA
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSSAMT
WVRQAPGKGLEWVSAIIGNGGRAYYADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRTEDTAVYYCAKDRGYSR
PTFGLGTKVDNK
SEQ ID NO: 26894
NA
GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTAGAGGTGGT
ACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAAAGATAGC
CGTGGTTACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26894
AA
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFRSYAMS
WVRQAPGKGLEWVSGISGSGGSGSG
YADSVKGRFT
ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKGHAVAG
SHYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26895
AA
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISNWLA
WYQQKPGKAPQLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFSLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPWTFGQGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26896
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTGTTCTGGGCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGG
AAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATC
CAGTTTGCAGAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCA
GTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTC
ACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGC
AACTTACTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCC
GTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGA
TCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTC
ATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATC
TGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATA
ACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTG
GAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACT
CCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTG
ACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACA
AAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGG
CCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAAC
AGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26897
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLA
WYQQKPEKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPDDFATYYCQQYNSYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26898
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTGTCTGGGCGATTCAGCGACTATTTAGCCTGG
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGTTCCTAAGCT
CCTGATCTATGCTGCATCCACTTTGCAAAGTGG
GGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTG
GGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGC
AGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAAC
AGAGTTACAGTACCCCTCACTTTCGGCGGAGG
GACCAAGGTTGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26899
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26900
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26901
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26902
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCATCATCA
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26903
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26904
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26905
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26906
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCATCATCA
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26907
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26908
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26909
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26910
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26911
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26912
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26913
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26914
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26915
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26916
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26917
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26918
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26919
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26920
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26921
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26922
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26923
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26924
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26925
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26926
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26927
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26928
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26929
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26930
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26931
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26932
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26933
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26934
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26935
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26936
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26937
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26938
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26939
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26940
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26941
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26942
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26943
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26944
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26945
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26946
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26947
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26948
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26949
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26950
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACATGGTG
TAACAAGCCTACAGGCTATGCAGAAGTTCCAGGG
CAGAGTCACCATTACCGCGGACAAATCCACGAGC
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCT
GAGGACACGGCCGTATTATTACTGTGCGAGAGA
CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26951
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARHSSGW
YYFPDYWGQGTLVTVS

【図５０－９３０】



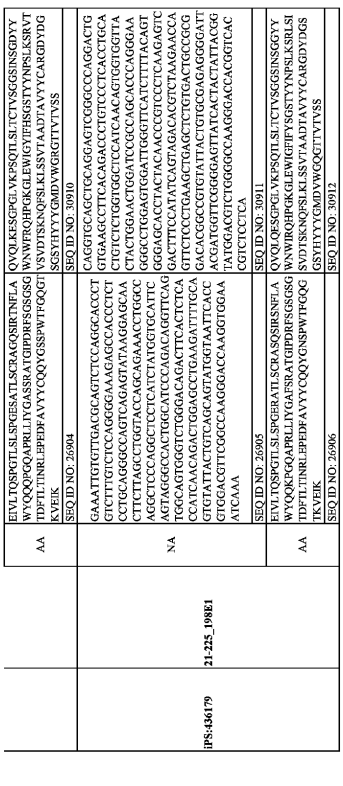
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIDNDLG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCVASGFTFSSYGMH
			WYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	WVRQAPGKGLEWVAVTWYDGSNKYYADSVKGR
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYRYPFTFGPGT	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERWLQ
			KVDIK	PRYYYGIDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26898	SEQ ID NO: 30904
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTG	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			CTCTACCGTCAATCTTCCGGGACGAGAAAGCC	GTCCAGCCTGGTAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
			CTTGTCTCACCGTCACTAAGGACGAGATTACT	GCAGCGTCTGGATTTCACCTTCAGTAGCTATGC
			TTATCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC	GCACTGGGTCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGCT
			CCCTAAGTCATTGATCTATGCTGCATCCAGTTT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTTTGATGGAAGT
			GCAAAGTGGGGTCCCATCAAATTCAGCGGCA	AATACTACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
			GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			AGCGCCTCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	GTCACTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			TTACTGCCAACAGATATGACACTTACCCATTCA	CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATAGAAGC
			CTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA	GTCGGCTACGACGGTTTAGATGTCTGGGGCCAAG
				GGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
iPS:436167	21-225_197E11		SEQ ID NO: 26899	SEQ ID NO: 30905
			DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINKYLS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFNYGM
			WFQQKPGKAPKSLITAASSVQSGVPSKFSGSGSG	HWVRQAPGKGLEWVAVIWFDGSNDYYADSVKGR
		AA	TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQRYDTYPPTFGPGT	FTISRDNSKNTLSLQMNSLRAEDTAVYYCARDRSV
			KVDIK	GTDGLDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26900	SEQ ID NO: 30906

【図５０－９３１】



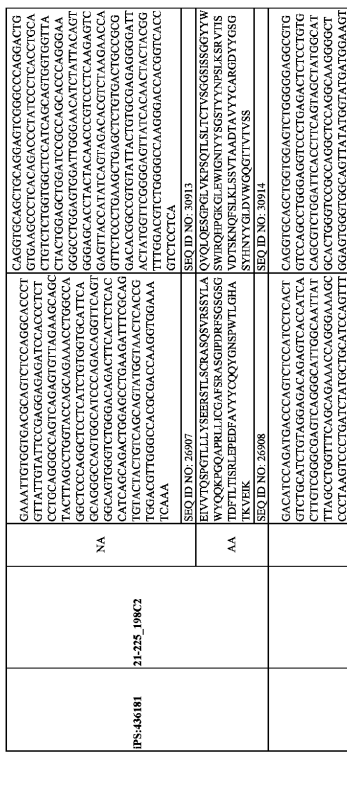
				CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GACATCCAGATGATCCAGTCTCCTCCTCACT	GTCCAGCCTGGTAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	CAGCGTCTGGATTTCACCTTCAGTAGCTATGGC
			CTTGTCGGACGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT	GCACTGGGTCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGCAT
			TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGACT
			CCCTAAGTCCCTGCTCTATAAAACATCCAGTTT	AATAAAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
		NA	GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAAG
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCGTAGG
			TTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGTACA	CAGTGGCTACGACGGTTTAGACTACTGGGGCCAG
			CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA	GGAACCACGGTCACCGTCTCCTCA
iPS:436173	21-225_197G12		SEQ ID NO: 26901	SEQ ID NO: 30907
			DIQMIQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGINTLA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
			WFQQKPGKAPKSLLTKISSLQSGFPSKFSGSGSG	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKNYADSVKGRF
		AA	TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNSLPAEDTAVYYCARDQGV	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRSV
			KVEIK	GTDGLDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26902	SEQ ID NO: 30908
			GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	CAGGTGCAACTGAAGGAGTCGGCCCAGACTG
			GTCTCTTGTCCACCTTCCAACGAAAGCGCCACCCT	GTGAAGCCTCACAGACCCTCACACTCACCTGCA
			CCTGCAGGCCAGTCAGAGTTATAGCAGCAAC	CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAACAGTGGTGATTA
			TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCTGGCCAG	TTACTTGGCTACGACGGCCGTCAAAGTATCAAC
		NA	GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA	GGCCTCGGAGTGGATTGGGTACATCTTCCACAGT
			GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT	GGGAAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	GAGTAACCGTATCAGTAGACACGTCTAAGAACC
			CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCGGTG	AGTTCTCCCTGAAGCTGAGTTCTGTGACTGCCGC
			TATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCAG	GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGA
			TTCACT	TTACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTATTTAC
iPS:436177	21-225_198B1			GGTATGGACGTCTGGGGCCGAGGGACCACGGTC
				TCAAA
			SEQ ID NO: 26903	SEQ ID NO: 30909
				ACCGTCTCCTCA

【図５０－９３２】



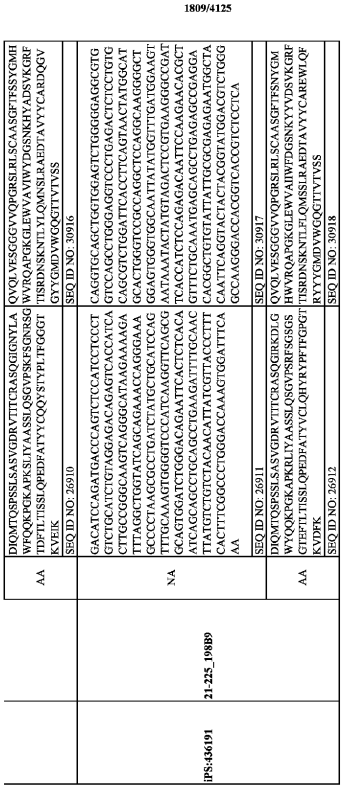
			EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRAGQSIRTNFLA	QVQLKESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSINSGDYY
			WYQQQPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG	WNWFRQHPGKGLEWIGYIFHSGSTYYNPSLKSRVT
		AA	TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGSSPWTFGQGT	ISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGDYDG
			KVEIK	SGSYHYYYGMDVWGRGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26904	SEQ ID NO: 30910
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GTCTCTTGTCCACCTTCCAACGAAAGCGCCACCCT	GTGAAGCCTCACAGACCCTCACACTCACCTGCA
			CCTGCAGGCCAGTCAGAGTTATAGCAGCAAC	CTACTGGAGCTGGATCCGGCCAGCACCCAGGGAA
			TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCTGGCCA	GGGCCTGGAGTGGATTGGGTATCTATTACAGT
		NA	GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATTCA	GGGAGTACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
			GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT	GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCGGTG
			CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCGGTG	TGTTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCAG
			TGTTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCAG	TTCACT
			TTCACT	
iPS:436179	21-225_198E1		SEQ ID NO: 26905	SEQ ID NO: 30911
			EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISNFLA	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSINSGGYY
			WYQQKPGQAPRLLIYGAFSRATGIPDRFSGSGSG	WNWIRQHPGKGLEWIGHIFYSGSTYYNPSLKSRLSI
		AA	TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWTFGQG	SVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGDYDGS
			TKVEIK	GSTHYYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 26906	SEQ ID NO: 30912

【図５０－９３３】

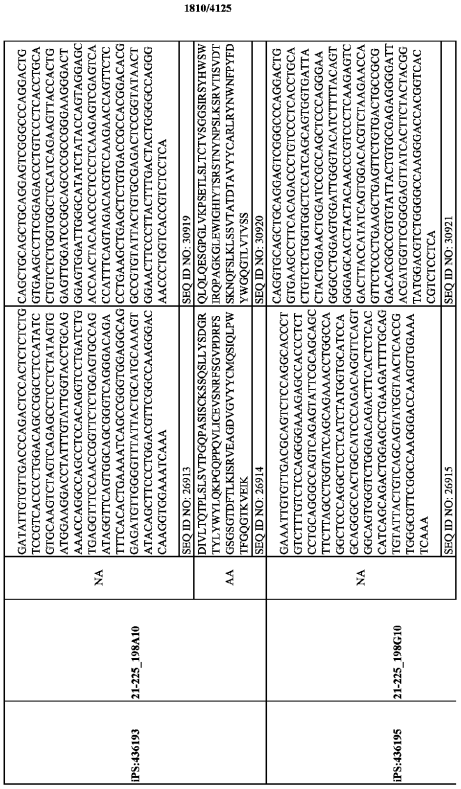


				CAGGTGCAACTGAAGGAGTCGGCCCAGACTG
			GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	GTGAAGCCTCACAGACCCTCACACTCACCTGCA
			GTCTCTTGTCCACCTTCCAACGAAAGCGCCACCCT	CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAACAGTGGTGATTA
			CCTGCAGGCCAGTCAGAGTTATAGAAACCAAC	CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAG
		NA	GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCTACTTCA	GGCCTCGAGTGGATTGGGTACATCTTCCACAGTT
			GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT	GGGAAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
			GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	GAGTAACCGTATCAGTATCGACACGTCTAAGAACC
			CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTG	AGTTCTCCCTGAAGCTGAGTTCTGTGACTGCCGC
			TATTACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCG	GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGA
			TTCACT	TTACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTATTTAC
iPS:436189	21-225_198B6			GGTATGGACGTCTGGGGCCGAGGGACCACGGTC
				TCAAA
			SEQ ID NO: 26909	SEQ ID NO: 30915
				ACCGTCTCCTCA

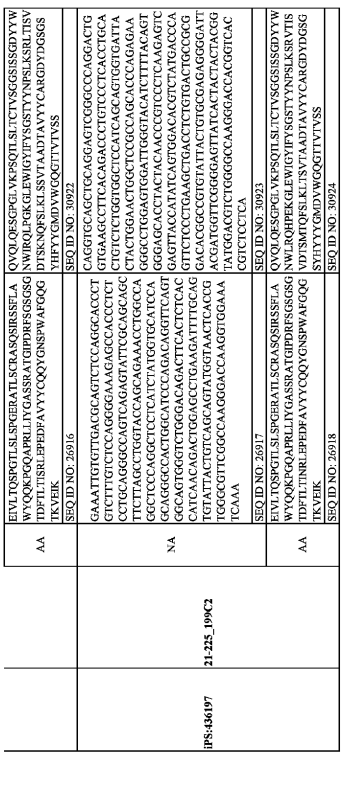
【図５０－９３４】


1809/4125
FIGURE 50
iPS:436191
21-225_19889
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSRSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSTVPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26910
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
GTTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTT
CACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAA
GATTTTGCAACTTACTACTGTCAACAGAGTTA
CCGTTCCCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACC
AAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 26911
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIXDYLG
WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNYRTPTFGQGT
KVDFK
SEQ ID NO: 26912
NA
GATATTGTTGTGACCCAGACTCCACTCTCTCTG
TCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATATC
TGTCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTCTATAGTG
ATGGAAGGACTATTTGTATTGGTACCTGCAG
AAACCAGGCCAGCCTCCTGCACAGGTCCTGAT
TGAGGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAG
ATCAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGCACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCAG
GAGATGTTGGGGTTTATTACTGTCAAGGTACA
CATTTCAGCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGA
GATTAAAC
SEQ ID NO: 26913
AA
DIVLTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLYSDGR
TYLYWYLQKPGQPPQVLIYSWSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAGDVGVYYCMQSRQLPW
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26914
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCCAGCAGC
TTCTTAGCCTGGTACAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA
CCAGGGCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCA
CCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGC
AGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCA
CCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGG
AGATCAAA
SEQ ID NO: 26915
NA
CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGAAGTTACCACTG
GAGTTGGATCCGGCAGCCCGCCGGGAAGGGACT
ACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATTCAGTATGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCCGTGTATTACTGTGCGAGACTCCGGGTATACT
ACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26919
DIVLTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLYSDGR
TYLYWYLQKPGQPPQVLIESWSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAGDVGVYYCMQSRQLPW
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26920
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCCAGCAGC
TTCTTAGCCTGGTACAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA
CCAGGGCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCA
CCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGC
AGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCA
CCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGG
AGATCAAA
SEQ ID NO: 26925
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINDYLG
WYQQKPGKAPKRLLISSAGSQGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHKRYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26926
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTGGTAGTAGTGGTAGT
ACAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATT
CACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCTG
TATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGATAGTGGC
TACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC
ACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26927
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAGCATAAAAGGTACCCGCTC
ACTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGGAGATCA
ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26916
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26916
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCCAGCAGC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA
GCAGAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTCAC
ATCAAA
SEQ ID NO: 26917
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26918
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC
ACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGCGTCA
CCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGCTG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 26924
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26921
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26922
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC
ACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGCGTCA
CCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTGTATTACTGTGCGAGACTACGGTGCTG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 26923
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26924
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26925
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26928
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26929
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26930
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26931
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26932

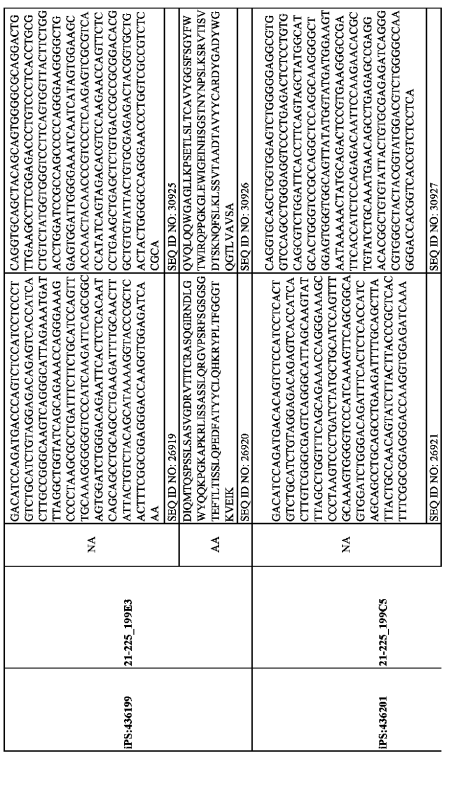
【図５０－９３５】


1810/4125
FIGURE 50
iPS:436193
21-225_19BA10
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKHYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30916
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATG
CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG
GAGTGGGTGGCAATTATATGGTTTGATGGAAGT
AATAAATACTATGTAGACTCCGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTTCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTATTGTGCGAGAGATAGTGGCTA
CAATTCAGGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGG
GCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30917
NA
CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGAAGTTACCACTG
GAGTTGGATCCGGCAGCCCGCCGGGAAGGGACT
ACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATTCAGTATGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCCGTGTATTACTGTGCGAGACTCCGGGTATACT
ACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30919
NA
GATATTGTTGTGACCCAGACTCCACTCTCTCTG
TCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATATC
TGTCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTCTATAGTG
ATGGAAGGACTATTTGTATTGGTACCTGCAG
AAACCAGGCCAGCCTCCTGCACAGGTCCTGAT
TGAGGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAG
ATCAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGCACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCAG
GAGATGTTGGGGTTTATTACTGTCAAGGTACA
CATTTCAGCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGA
GATTAAAC
SEQ ID NO: 30920
NA
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGAAGTTACCACTG
GAGTTGGATCCGGCAGCCCGCCGGGAAGGGACT
ACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATTCAGTATGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCCGTGTATTACTGTGCGAGACTCCGGGTATACT
ACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 30921

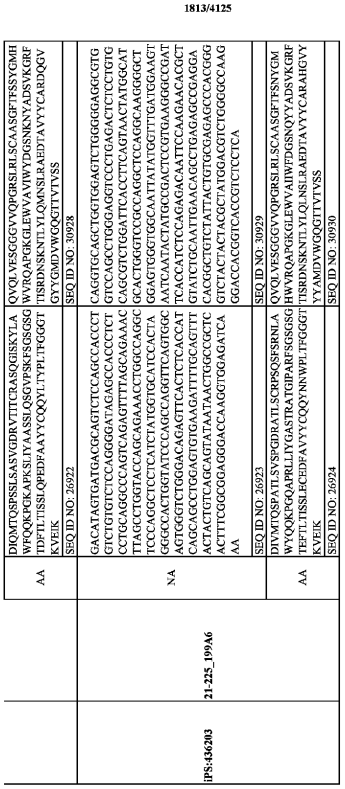
【図５０－９３６】


1811/4125
FIGURE 50
iPS:436197
21-225_199C2
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26916
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC
TCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTCGCCAGCAGC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA
GCAGAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTCAC
ATCAAA
SEQ ID NO: 26917
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26918
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC
ACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGCGTCA
CCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGCTG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 26924
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26921
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26922
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTG
GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC
ACCTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGCGTCA
CCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTGTATTACTGTGCGAGACTACGGTGCTG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 26923
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26924
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26925
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26928
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26929
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26930
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26931
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26932

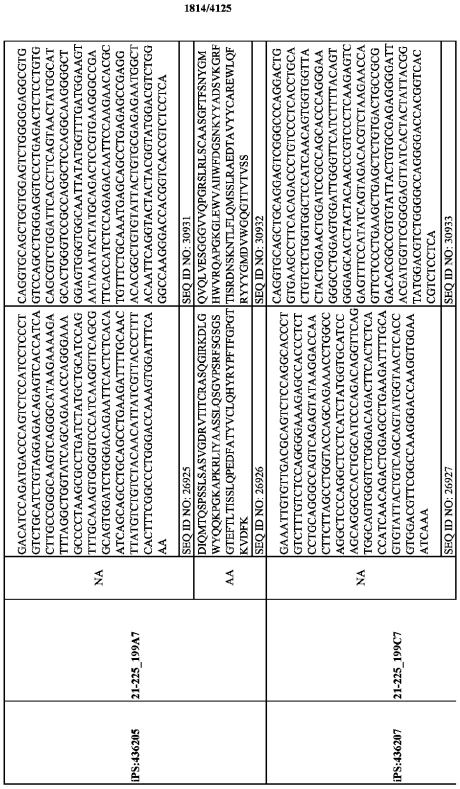
【図５０－９３７】


1812/4125
FIGURE 50
iPS:436199
21-225_199E3
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINDYLG
WYQQKPGKAPKRLLISSAGSQGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHKRYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26919
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26926
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINDYLG
WYQQKPGKAPKRLLISSAGSQGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHKRYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26927
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTGGTAGTAGTGGTAGT
ACAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATT
CACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCTG
TATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
ACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGATAGTGGC
TACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC
ACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26933
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINDYLG
WYQQKPGKAPKRLLISSAGSQGVPSRFSGSGSG
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHKRYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 26934
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTA
TTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAA
GCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAG
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAACAGTACAATAGTTACCCGTGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
ACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC
CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACT
GCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT
CCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGA
TAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTA
CAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAGC
AGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGA
AGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG
SEQ ID NO: 26935
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINDYLG
WYQQKPGKAPKRLLISSAGSQGVPSRFSGSGSG
TE

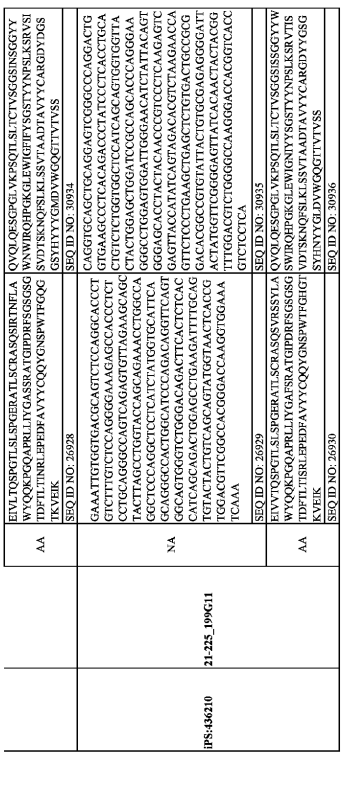
【図５０－９３８】



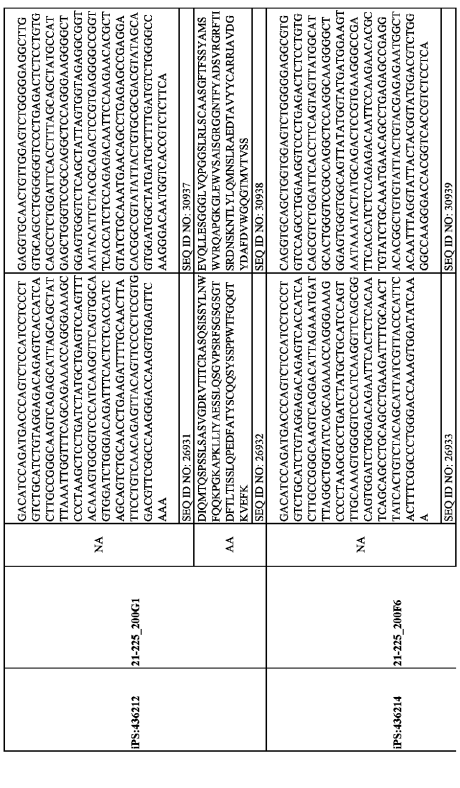
【図５０－９３９】



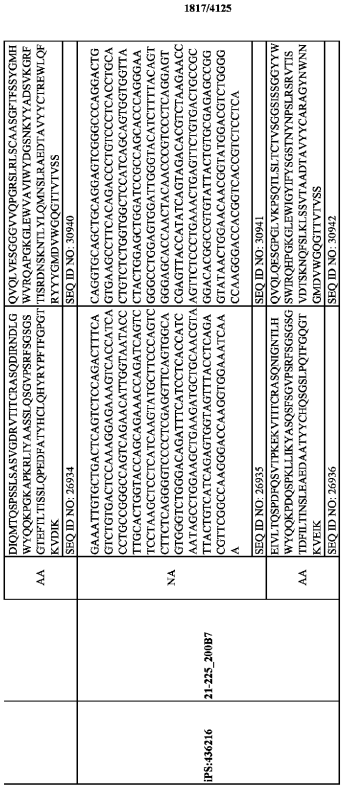
【図５０－９４０】



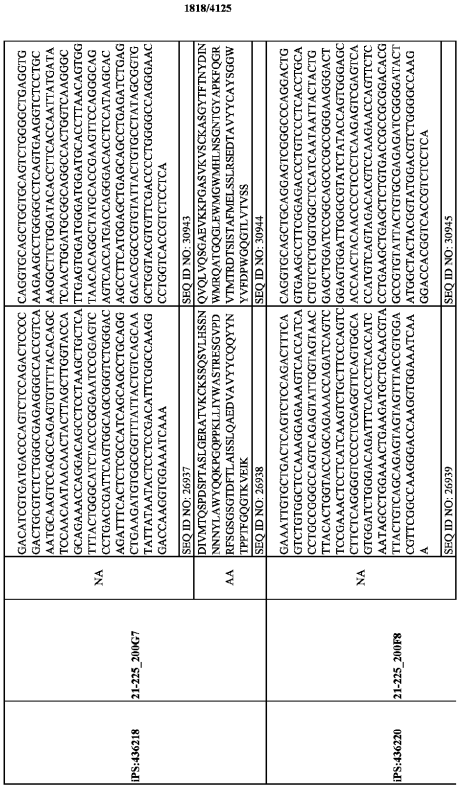
【図５０－９４１】



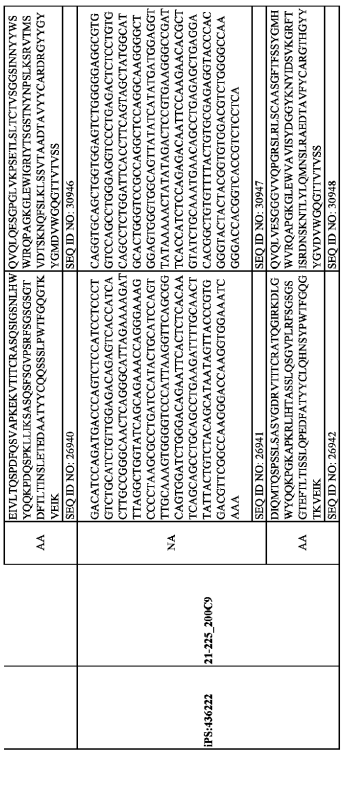
【図５０－９４２】


1817/4125
FIGURE 50
iPS:436216
21-225_200B7
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIGSNLHW
YQQKPDQSPKLLIKSASQSFSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLEPEDAATYYCQQSSSLPWTFGQGTK
VEIK
SEQ ID NO: 26935
NA
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGAACATTGGTAATACC
TTGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCTAAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGATTTCATCCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACGTA
TTACTGTCATCAGAGTGGTATTTACCTCAGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26936
AA
EIVLTQSPDSLAVSLGERATINCRASQSIGSNLH
WYQQKPDQSPKLLIKSASQSFSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDVAIYYCQQSSSLPWTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26937
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCC
GACTGCGTCTCTGGGCGAGGGGCCACCGTCA
ATCGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGATC
CCTGATCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGA
CAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA
GACTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAT
CAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCC
AGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26938
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATVKCKSSQSVLFSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYS
TPPTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 26939
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGATGCGACAGGCCACTGGTCAATGGG
TTGAGTGGATGGGATGGCACCTTCAATAAGC
AGTCTTCATGGACGTGAGCAGCACGTACAGG
GCCTGGTATTCTGTGCCACGTTCTGCAG
SEQ ID NO: 26940
NA
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTGAAGCCTTCACAGACCTCTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGATTA
CTACTGGAACTGGCTCCGGCAGCCACCCAGAGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGG
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTACTACTACG
GTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26941
NA
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGATTA
CTACTGGAACTGGCTCCGGCAGCCACCCAGAGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTTTTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCA
GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCG
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGG
ACGATGGTTCGGGGAGTTATCACTACTACTACG
GTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCAC
CGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26942
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGATGCGACAGGCCACTGGTCAATGGG
TTGAGTGGATGGGATGGCACCTTCAATAAGC
AGTCTTCATGGACGTGAGCAGCACGTACAGG
GCCTGGTATTCTGTGCCACGTTCTGCAG
SEQ ID NO: 26943
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCC
GACTGCGTCTCTGGGCGAGGGGCCACCGTCA
ATCGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGATC
CCTGATCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGA
CAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA
GACTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAT
CAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCC
AGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26944
NA
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGAACATTGGTAATACC
TTGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCTAAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGATTTCATCCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACGTA
TTACTGTCATCAGAGTGGTATTTACCTCAGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26945
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGATGCGACAGGCCACTGGTCAATGGG
TTGAGTGGATGGGATGGCACCTTCAATAAGC
AGTCTTCATGGACGTGAGCAGCACGTACAGG
GCCTGGTATTCTGTGCCACGTTCTGCAG
SEQ ID NO: 26946
NA
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGAACATTGGTAATACC
TTGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCTAAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGATTTCATCCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACGTA
TTACTGTCATCAGAGTGGTATTTACCTCAGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26947
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCC
GACTGCGTCTCTGGGCGAGGGGCCACCGTCA
ATCGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGATC
CCTGATCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGA
CAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA
GACTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAT
CAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCC
AGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26948
NA
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGAACATTGGTAATACC
TTGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCTAAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGATTTCATCCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACGTA
TTACTGTCATCAGAGTGGTATTTACCTCAGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26949
NA
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGAACATTGGTAATACC
TTGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCTAAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGATTTCATCCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACGTA
TTACTGTCATCAGAGTGGTATTTACCTCAGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26950
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGATGCGACAGGCCACTGGTCAATGGG
TTGAGTGGATGGGATGGCACCTTCAATAAGC
AGTCTTCATGGACGTGAGCAGCACGTACAGG
GCCTGGTATTCTGTGCCACGTTCTGCAG
SEQ ID NO: 26951
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCC
GACTGCGTCTCTGGGCGAGGGGCCACCGTCA
ATCGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGATC
CCTGATCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGA
CAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA
GACTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAT
CAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCC
AGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26952
NA
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGAACATTGGTAATACC
TTGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCTAAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGATTTCATCCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACGTA
TTACTGTCATCAGAGTGGTATTTACCTCAGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26953

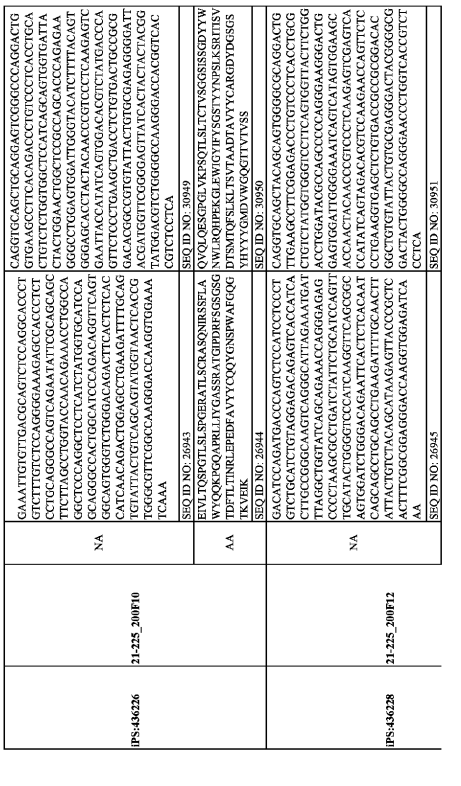
【図５０－９４３】


1818/4125
FIGURE 50
iPS:436218
21-225_200G7
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCTREWLQF
KYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26954
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGATGCGACAGGCCACTGGTCAATGGG
TTGAGTGGATGGGATGGCACCTTCAATAAGC
AGTCTTCATGGACGTGAGCAGCACGTACAGG
GCCTGGTATTCTGTGCCACGTTCTGCAG
SEQ ID NO: 26955
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCC
GACTGCGTCTCTGGGCGAGGGGCCACCGTCA
ATCGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGATC
CCTGATCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGA
CAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA
GACTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAT
CAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCC
AGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26956
NA
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGAACATTGGTAATACC
TTGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCTAAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CTTCTCAGGGGTCCCCTCGAGTTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGATTTCATCCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACGTA
TTACTGTCATCAGAGTGGTATTTACCTCAGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAA
A
SEQ ID NO: 26957
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCC
GACTGCGTCTCTGGGCGAGGGGCCACCGTCA
ATCGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGATC
CCTGATCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGA
CAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA
GACTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAT
CAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCC
AGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26958
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCC
GACTGCGTCTCTGGGCGAGGGGCCACCGTCA
ATCGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC
TCCAACAATAACACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGATC
CCTGATCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGA
CAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA
GACTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAT
CAGTATGGTAGCTCACCGTACACTTTTGGCC
AGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26959

【図５０－９４４】


1819/4125
FIGURE 50
iPS:436222
21-225_200C9
AA
EIVLTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLFSSN
YQQKPDQSPKLLIKSASQSFSGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLEPEDAATYYCQQSSSLPWTFGQGTK
VEIK
SEQ ID NO: 26960
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTGTTGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAATCAGGGCATTAGAAAYGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTACTGCATTCCAGTT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGTG
GACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATC
AAA
SEQ ID NO: 26961
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TTCCTAAGCTCCTGATCTACGCTGCATCCACT
TTGCAATCAGGGGTCTCATCTCGCTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGCT
CACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26962
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TTCCTAAGCTCCTGATCTACGCTGCATCCACT
TTGCAATCAGGGGTCTCATCTCGCTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGCT
CACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26963
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TTCCTAAGCTCCTGATCTACGCTGCATCCACT
TTGCAATCAGGGGTCTCATCTCGCTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGCT
CACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26964
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAAACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
TTCCTAAGCTCCTGATCTACGCTGCATCCACT
TTGCAATCAGGGGTCTCATCTCGCTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACT
TATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGCT
CACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA
AA
SEQ ID NO: 26965

【図５０－９４５】


1820/4125
FIGURE 50
iPS:436226
21-225_200F10
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQNIRSSFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTINRLEPEDFAVYYCQQYGNSPWAFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26966
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGACGCACCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATATTCGGCAGCAGC
TTACTTAGCCTGGTACCAGAAATATTCGGCAGGCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATAGTGGTTACTCACCG
TCAAA
SEQ ID NO: 26967
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGACGCACCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATATTCGGCAGCAGC
TTACTTAGCCTGGTACCAGAAATATTCGGCAGGCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATAGTGGTTACTCACCG
TCAAA
SEQ ID NO: 26968
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGACGCACCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATATTCGGCAGCAGC
TTACTTAGCCTGGTACCAGAAATATTCGGCAGGCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATAGTGGTTACTCACCG
TCAAA
SEQ ID NO: 26969
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGACGCACCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATATTCGGCAGCAGC
TTACTTAGCCTGGTACCAGAAATATTCGGCAGGCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATAGTGGTTACTCACCG
TCAAA
SEQ ID NO: 26970
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGACGCACCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATATTCGGCAGCAGC
TTACTTAGCCTGGTACCAGAAATATTCGGCAGGCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATAGTGGTTACTCACCG
TCAAA
SEQ ID NO: 26971
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGACGCACCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATATTCGGCAGCAGC
TTACTTAGCCTGGTACCAGAAATATTCGGCAGGCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
CATCAACAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATAGTGGTTACTCACCG
TCAAA
SEQ ID NO: 26972

10

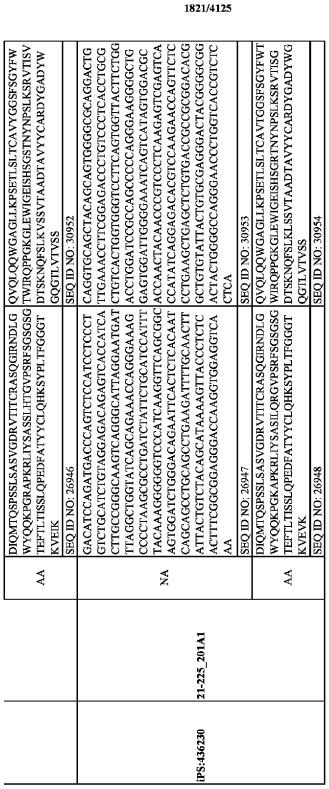
20

30

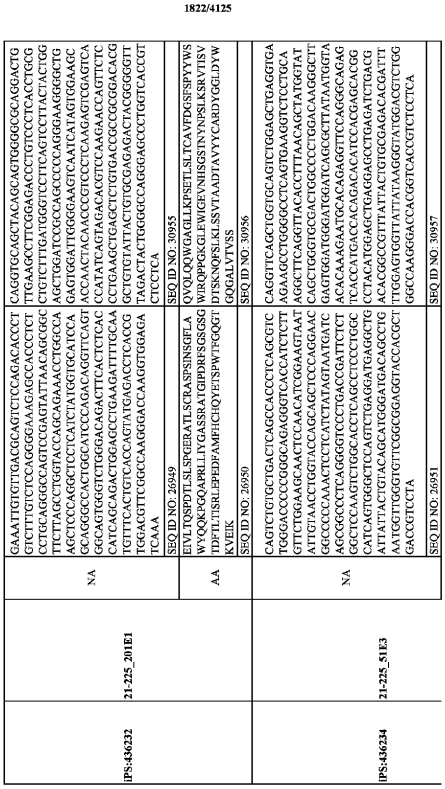
40

50

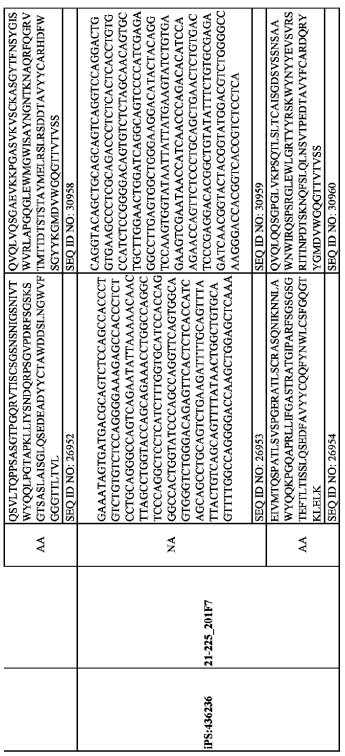
【図５０－９４６】



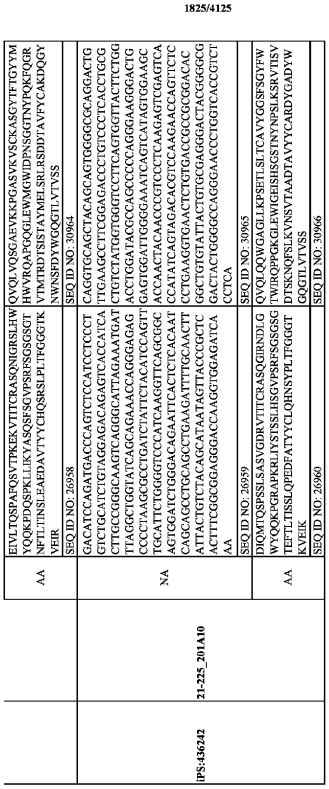
【図５０－９４７】



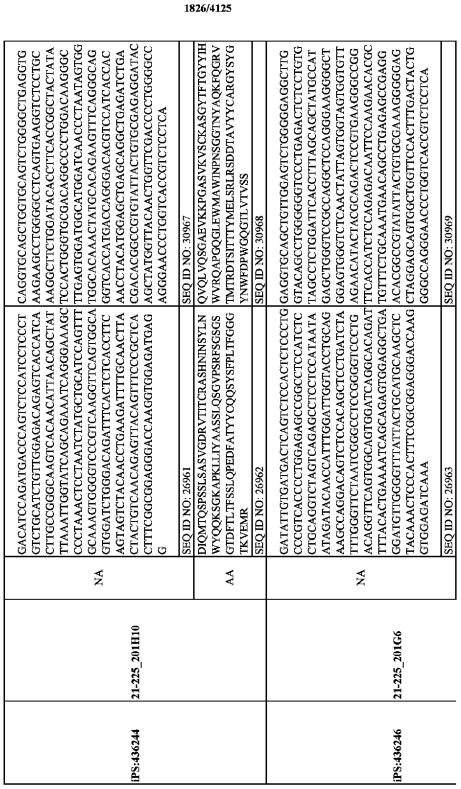
【図５０－９４８】


1823/4125
FIGURE 50
IPS:436236
21-225_201F7
AA
NA
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSNSNIGSNIVT
WYQQLPGTAPKLLIYSNDQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCTAWDDSLNGWVF
GGGTTLTVL
SEQ ID NO: 26952
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTCTCCAGGGGAAAGACGCCTCTCTC
CTTGCCGGGCAAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
CCTGCAGGCCAGTCAGAATATTTAAAAACAAC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGC
TCCCCAGGCTCCTCATCTTTGGTGCATCCACCAG
GGCCACTGGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGAGTTCAGATTTTGCAGTTA
TTACTGTCAGCAGAGTTACCGTACCCCTCGGACA
GGTTTTGGCCAAGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26953
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSNSNIGSNTVT
WYQQLPGTAPKLLIYSNNQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLSGWVF
GGGTKLTVL
SEQ ID NO: 26954
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSNSNIGSNIVT
WYQQLPGTAPKLLIYSNDQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCTAWDDSLNGWVF
GGGTTLTVL
SEQ ID NO: 26955
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQNIKNNLA
WYQQKPGQAPRLLIFGASTRATGIPARFSGSGSG
TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQPTNWLCSPQGT
KLEIK
SEQ ID NO: 26956
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTCTCCAGGGGAAAGACGCCTCTCTC
CTTGCCGGGCAAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGC
TCCCAAAACTCCTCATCTATGGTGCATCCACCAG
GGCCACTGGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGAGTTCAGATTTTGCAGTTA
TTACTGTCAGCAGAGTTACCGTACCCCTCGGACA
GGTTTTGGCCAAGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26957
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSNSNIGSNIVT
WYQQLPGTAPKLLIYSNDQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCTAWDDSLNGWVF
GGGTTLTVL
SEQ ID NO: 26958
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSNSNIGSNIVT
WYQQLPGTAPKLLIYSNDQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCTAWDDSLNGWVF
GGGTTLTVL
SEQ ID NO: 26959
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGIS
WVRLAPGQGLEWMGWISAYNGNTKNAQPFQGRV
TMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARHDFW
SGYYKGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26960
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGIS
WVRLAPGQGLEWMGWISAYNGNTKNAQPFQGRV
TMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARHDFW
SGYYKGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26961
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSNYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQFTNWPLSKGWTF
KVEIK
SEQ ID NO: 26962
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGACTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTTATTCTGTCAGCAGTATGAAACTCACCG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 26963
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGACTCCTCATCTATGGTGCATCCA
GCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTTATTCTGTCAGCAGTATGAAACTCACCG
TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAGA
TCAAA
SEQ ID NO: 26964
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYFW
TWIRQPPGKGLEWIGEISHSGSTNYNPSLKSRVTISV
DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGQADYW
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26965
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVFGGSFSGYYWS
WIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNYNPSLKSRVTISV
DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGQDLDYW
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26966
CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGA
AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCA
AGGCTTCTGGATACACCTTTACCAGCTATGATAT
CAGCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCT
TGAGTGGATGGGATGGATCAGCGCTTACAATGG
TAACACAAACTATGCACAGAAGCTTCCAGGGCAG
AGTCACCATGACCACAGACACATCCACGAGCACA
GCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACG
ATACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATTCTTG
GGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26967
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGIS
WVRLAPGQGLEWMGWISAYNGNTKNAQPFQGRV
TMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARHDFW
SGYYKGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 26968
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGIS
WVRLAPGQGLEWMGWISAYNGNTKNAQPFQGRV
TMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARHDFW
SGYYKGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 30953
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYFWT
WIRQPPGKGLEWIGEISHSGSTNYNPSLKSRVTISG
DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGQADYW
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30954
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYFWT
WIRQPPGKGLEWIGEISHSGSTNYNPSLKSRVTISG
DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGQADYW
GQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 30955
QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVFDGSFSPYYWS
WIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNYNPSLKSRVTISV
DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGQDLDYW
GQGALVTVSS
SEQ ID NO: 30956
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTTTGGTGGTCCTCAGTTATTAACTGGTGG
AGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC
ACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTGTATTACTGTGGGAGGACTACGGGGGTT
TAGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
CTCCTCA
SEQ ID NO: 30957
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTTTGGTGGTCCTCAGTTATTAACTGGTGG
AGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC
ACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTG

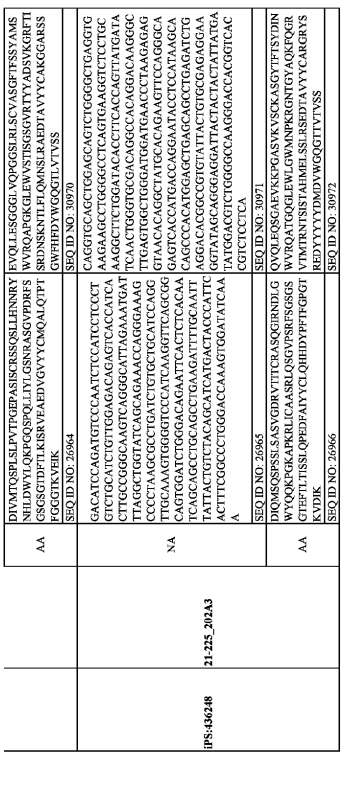
【図５０－９５０】



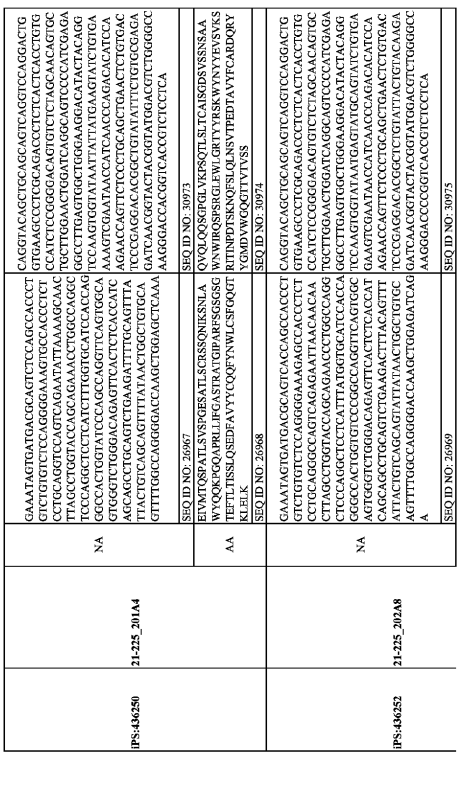
【図５０－９５１】



【図５０－９５２】



【図５０－９５３】



10

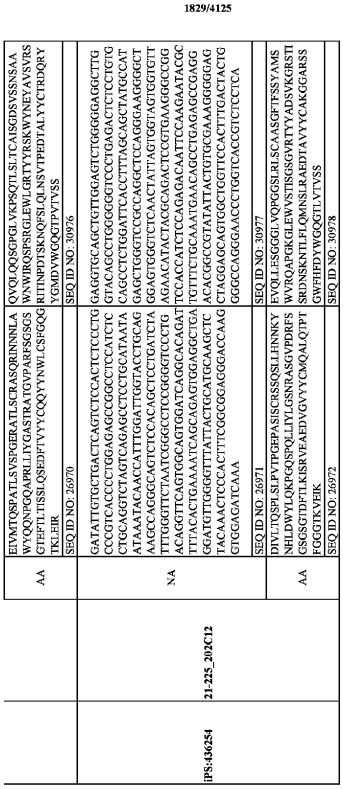
20

30

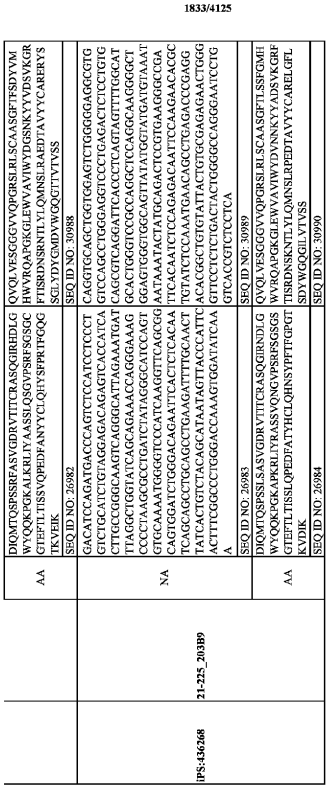
40

50

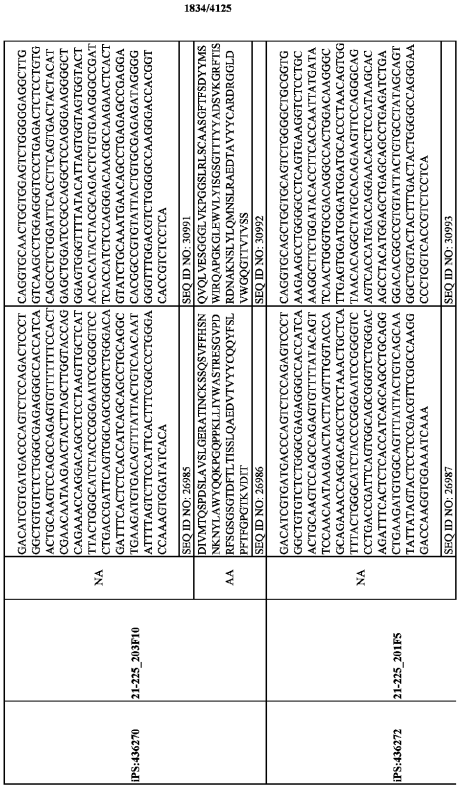
【図５０－９５４】


1829/4125
FIGURE 50
iPS:436254
21-225_202C12
NA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVLNNLA
WYQQPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYYNWLCSFGQG
TKLEIR
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQRINNNLA
WYQQPGQAPRLLIYGASTRATGVPARFSGSGS
GTEFTLTISSLQSEDFVVYYCQQYYNWLCSFGQG
TKLEIR
SEQ ID NO: 26970
SEQ ID NO: 30976
GATATTGTGCTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG
CCGTCACCCTGGGAGCCGCCTCCATCTC
CTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAATA
ATAAATACAACCATTTGGATTGGTACCTGCAG
AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA
TTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTG
ACAGGTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGAT
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAATAC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
ACACGGCTGTGTATTACTGCCAGCAAGCTC
CTACGGCCGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
AGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26971
SEQ ID NO: 30977
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGTCAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGACGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACGGTATCATACTTACCCGCTCA
CTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
AGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26972
SEQ ID NO: 30978
TACAAACTCCCACTTCGGCGGAGGGACCAAG
GTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26973
SEQ ID NO: 30979
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAACAGCGGC
TTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GTCTCCCAGGCTCCTCATAGGTGCATCCA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGCATTATTGTCAACAATATGAGACCTCCGA
TGGACGTTCCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 26974
SEQ ID NO: 30980
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAAC
TTAGCCTGGTACCAGCAGAGACCTGGCCAGG
TCCCAGGCTCCTCATCATGGTGCATCCACTA
GGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGC
AGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATC
AGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTA
TTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTACA
CTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 26975
SEQ ID NO: 30981
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGACACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAACAGCGGC
TTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GCTCCCAGGCTCCTCATAGGTGCATCCA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGCATTATTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGG
TGGACGTTCCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA
TCAAA
SEQ ID NO: 26976
SEQ ID NO: 30982
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
TGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGC
CATGTCTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGG
GGCTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGC
CGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGA
TCCACGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGGGAG
ACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGGGAG
GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26977
SEQ ID NO: 30983
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIGNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYVASRLQSGVPSKFSGTGS
GSDFTLTISSLQPEDFATYYCQRYHTYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 26978
SEQ ID NO: 30984
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCEASGFTFSYYGMH
WVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSNKFYADSVKGRFT
ISRDSSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCASNIAAAA
PYFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 26979
SEQ ID NO: 30985
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
WVRQAPGQGLEWMAWINPNSGGTNYAQKFQGRV
TMTRDTSITTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGTSYG
TNWFDPWQGQTILVTVSS
SEQ ID NO: 26980
SEQ ID NO: 30986
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
WVRQAPGQGLEWMAWINPNSGGTNYAQKFQGRV
TMTRDTSITTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGTSYG
TNWFDPWQGQTILVTVSS
SEQ ID NO: 26981
SEQ ID NO: 30987
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIGNYLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSTPPLTFGGG
TKVEMK
SEQ ID NO: 26982
SEQ ID NO: 30988
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
TGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGC
CATGTCTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGG
GGCTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGC
CGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGA
TCCACGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGGGAG
ACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGGGAG
GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26983
SEQ ID NO: 30989
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26984
SEQ ID NO: 30990
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
TGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGC
CATGTCTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGG
GGCTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGC
CGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGA
TCCACGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGGGAG
ACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGGGAG
GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26985
SEQ ID NO: 30991
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26986
SEQ ID NO: 30992
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
TGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGC
CATGTCTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGG
GGCTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGT
GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC
CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGC
CGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGA
TCCACGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGGGAG
ACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGGGAG
GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 26987
SEQ ID NO: 30993
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26988
SEQ ID NO: 30994
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26989
SEQ ID NO: 30995
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26990
SEQ ID NO: 30996
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26991
SEQ ID NO: 30997
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26992
SEQ ID NO: 30998
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 26993
SEQ ID NO: 30999
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27000
SEQ ID NO: 31000
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27001
SEQ ID NO: 31001
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27002
SEQ ID NO: 31002
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27003
SEQ ID NO: 31003
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27004
SEQ ID NO: 31004
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27005
SEQ ID NO: 31005
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27006
SEQ ID NO: 31006
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27007
SEQ ID NO: 31007
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27008
SEQ ID NO: 31008
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27009
SEQ ID NO: 31009
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27010
SEQ ID NO: 31010
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27011
SEQ ID NO: 31011
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TGCACTGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAATAATG
GTGGCACAGACTATGCACAGAAGTTTCAGGGC
AGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGT
ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCT
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
CTGCCCGGGCAAGTCACAACATTAACAGCTAT
TTAAATTGGTATCAGCAGAAATCAGGGAAAGC
CCCTAAACTCCTTATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCGTCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGTAGTCTACAACCTGAAGATTTTGCAACTTA
CTACTGTCAACAGAGTTACGATTTCCTCGCTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
SEQ ID NO: 27012
SEQ ID NO: 31012
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAG

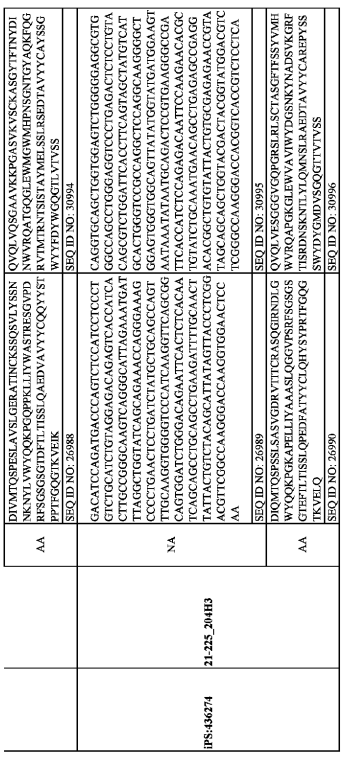
【図５０－９５８】



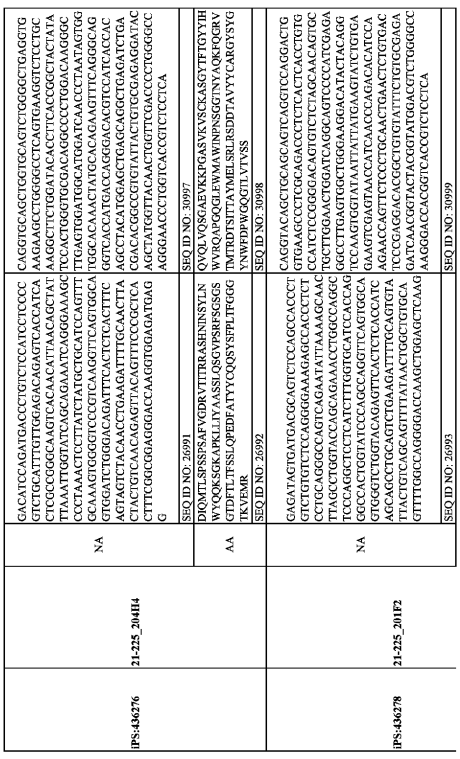
【図５０－９５９】



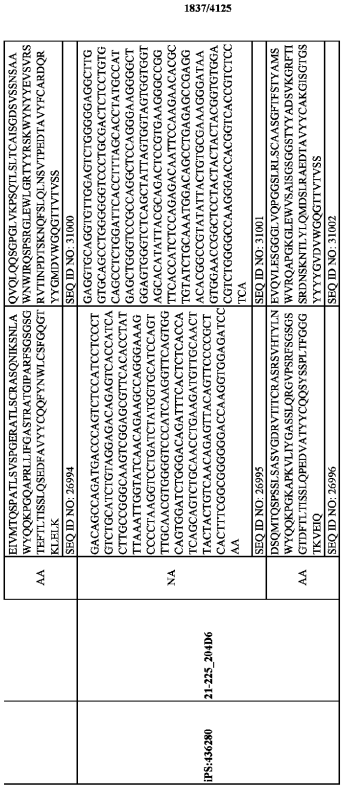
【図５０－９６０】



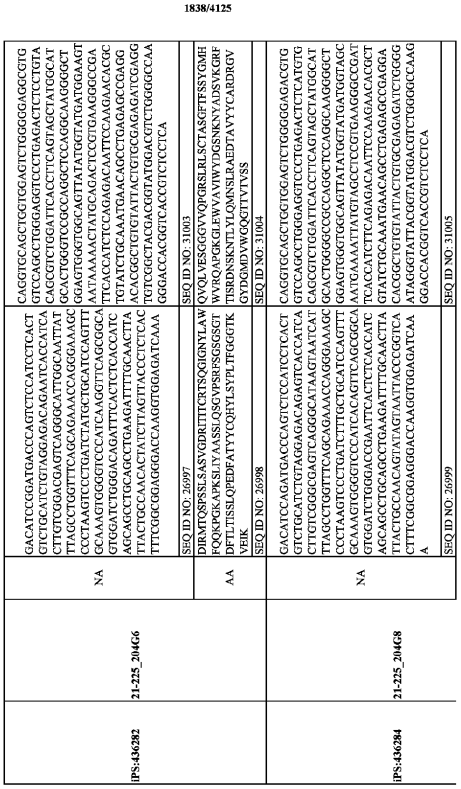
【図５０－９６１】



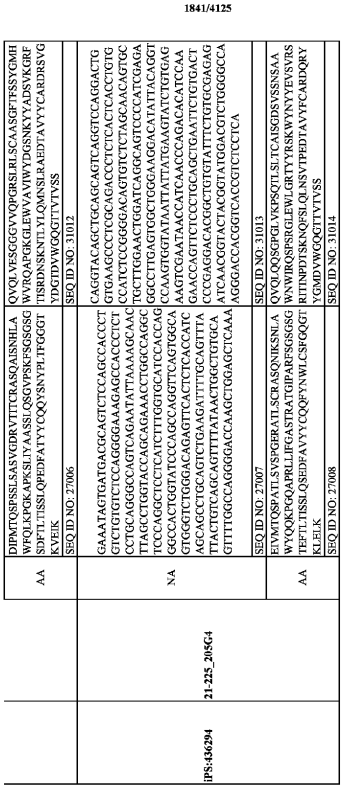
【図５０－９６２】


1837/4125
FIGURE 50
IPS:436280
21-225_20416
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSNKSNLA
WYQQKPGKAPRLLIFGASTRATGIPARFSGSGSG
TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYSNYPLCSFGQG
KLEIK
SEQ ID NO: 26994
NA
GACAGCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATTCTGCATCCAGTT
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
CGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAGT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCTACAACATAATAGTTACCCTTCA
CTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27001
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTTGGTATGGTTCCTTCAGTGGTTACTCTG
AGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAAGGGACTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC
ACCAGTTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTGTATTACTGTGCGAGGGACTACGGGGCCG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 27002
IPS:436286
21-225_20418
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYSASSLQSGVPSRFSGRGS
GTEFTLTVSSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27003
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27004
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTTAGTTACAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCTA
GGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAG
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
TGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGATAT
CAAA
SEQ ID NO: 27005
IPS:436290
21-225_20563
NA
GACATCCGGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCGACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTTAGTTACAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCTA
GGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAG
TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
ACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGC
AGTTTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCAC
CGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAG
ATCAAA
SEQ ID NO: 27006
IPS:436292
21-225_20563
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASRRATGIPDRFSGSGS
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPCSFQGT
KLEIK
SEQ ID NO: 27007
NA
GAGATCGTGTTGACGCAGTCTCCAGCCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCTAC
TTAGCCTGGTACCAACAGAAACCTGGCCAGGC
TCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAG
GGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATC
AGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTA
TTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27008
IPS:436296
21-225_20418
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYSASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27001
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATTCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAGTC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACATAATAGTTACCCTTCACTTT
CGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAA
SEQ ID NO: 27009
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTTAGTTACAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCTA
GGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAG
TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
ACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGC
AGTTTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCAC
CGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAG
ATCAAA
SEQ ID NO: 27010
NA
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG
TTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCG
CTGTCTTGGTATGGTTCCTTCAGTGGTTACTCTG
AGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAAGGGACTG
GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC
ACCAGTTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCA
CCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAACCAGTTCTC
CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG
GCTGTGTATTACTGTGCGAGGGACTACGGGGCCG
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC
CTCA
SEQ ID NO: 27011
IPS:436292
21-225_20563
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTTAGTTACAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCTA
GGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAG
TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
ACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGC
AGTTTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCAC
CGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAG
ATCAAA
SEQ ID NO: 27012
IPS:436296
21-225_20416
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27013
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27014
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27015
IPS:436280
21-225_20416
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSNKSNLA
WYQQKPGKAPRLLIFGASTRATGIPARFSGSGSG
TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYSNYPLCSFGQG
KLEIK
SEQ ID NO: 27016
NA
GACAGCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATTCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAGTC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACATAATAGTTACCCTTCACTTT
CGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27017
NA
GACATCCGGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27018
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27019
IPS:436282
21-225_20456
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNYLA
WYQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQHTLSTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27020
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAATCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27021
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27022
IPS:436284
21-225_20456
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27023
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGCCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27024
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27025
IPS:436286
21-225_20418
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYSASSLQSGVPSRFSGRGS
GTEFTLTVSSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27001
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATTCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAGTC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACATAATAGTTACCCTTCACTTT
CGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27026
NA
GACATCCGGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27027
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27028
IPS:436290
21-225_20563
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTTAGTTACAGC
TACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCTCATCTATGGTGCATCTA
GGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAG
TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTC
ACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGC
AGTTTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCAC
CGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAT
ATCAAA
SEQ ID NO: 27029
IPS:436292
21-225_20563
AA
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASRRATGIPDRFSGSGS
GTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPCSFQGT
KLEIK
SEQ ID NO: 27030
NA
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCTAC
TTAGCCTGGTACCAACAGAAACCTGGCCAGGC
TCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAG
GGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA
GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATC
AGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTA
TTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCGTGGA
CGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27031
IPS:436296
21-225_20418
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYSASSLQSGVPSRFSGRGS
GTEFTLTVSSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27001
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATTCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAGTC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACATAATAGTTACCCTTCACTTT
CGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27032
NA
GACATCCGGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27033
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27034
IPS:436304
21-225_20563
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27035
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27036
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27037
IPS:436280
21-225_20416
AA
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSNKSNLA
WYQQKPGKAPRLLIFGASTRATGIPARFSGSGSG
TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYSNYPLCSFGQG
KLEIK
SEQ ID NO: 27016
NA
GACAGCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCCTAAGCTCCTGATCTATTCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAGTC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACATAATAGTTACCCTTCACTTT
CGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27038
NA
GACATCCGGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27039
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27040
IPS:436304
21-225_20563
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27035
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27041
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27042
IPS:436306
21-225_20563
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27043
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27044
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27045
IPS:436308
21-225_20563
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27046
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27047
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27048
IPS:436310
21-225_20563
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSIRSYLN
WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGGG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27049
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCAGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAATTAT
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA
TTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCCTCACT
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA
A
SEQ ID NO: 27050
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTA
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATATGGTATGGAAGT
GTACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGGGATAA
GTGGAACCGGCTCCTACTACTACGGTATGGA
CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA
SEQ ID NO: 27051

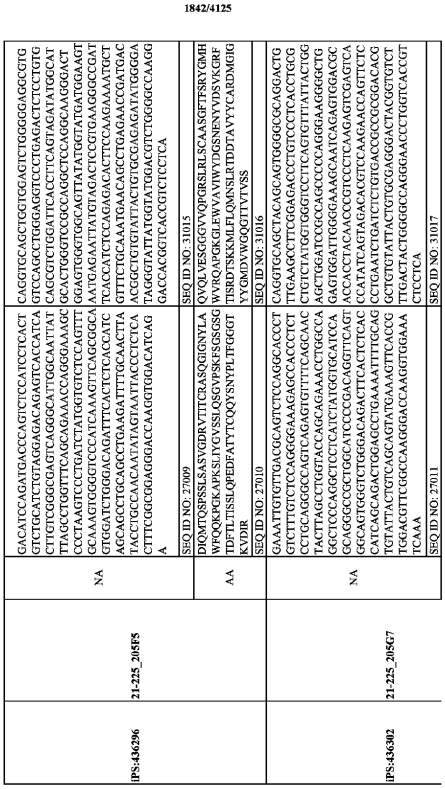
【図５０－９６３】


1838/4125
FIGURE 50
IPS:436282
21-225_20456
AA
QVQLQQSGPGLVKPSQTLSLTCAISGDSVSSNSAA
WNWIRQSPSRGLEWLGRTYYRSKWYNYYEVSVRS
RVTINPDTSKNQFSLQLNSVTPEDTAVYFCARDQR
YYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 31060
NA
GAGGTGCAGGTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT
GAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGG

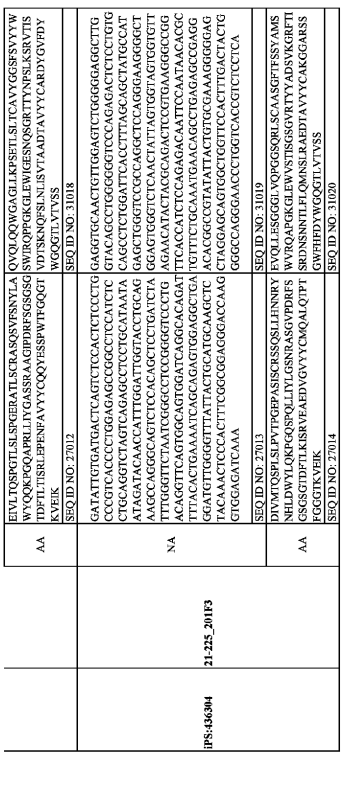
【図５０－９６６】



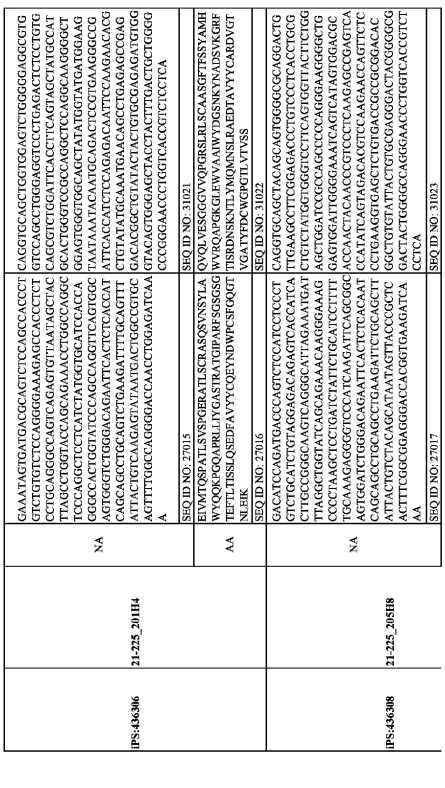
【図５０－９６７】



【図５０－９６８】



【図５０－９６９】



10

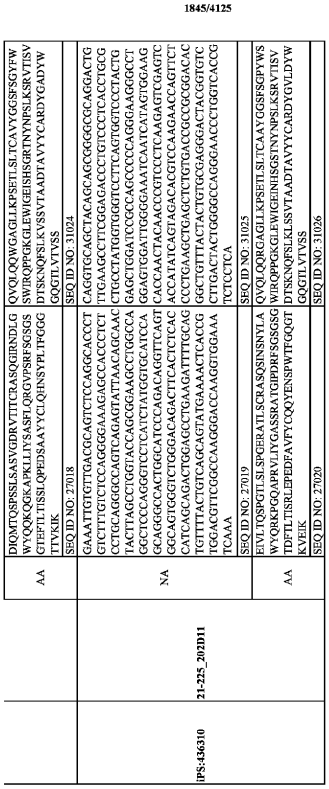
20

30

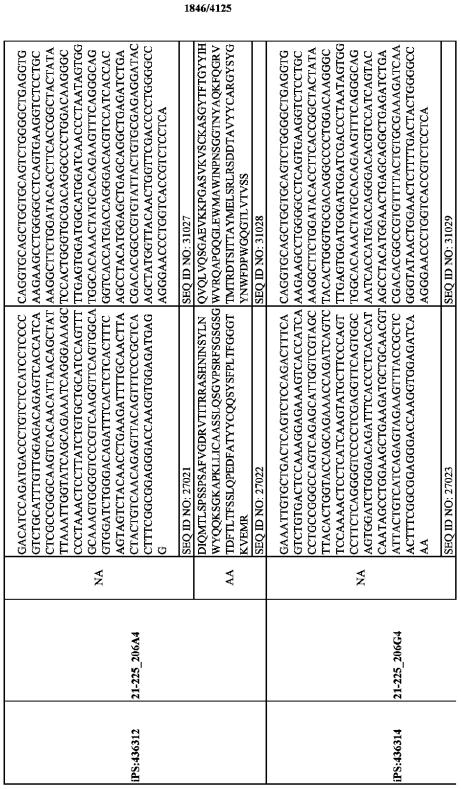
40

50

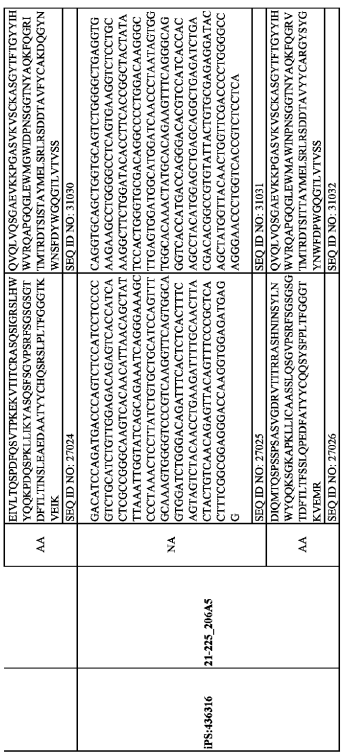
【図５０－９７０】



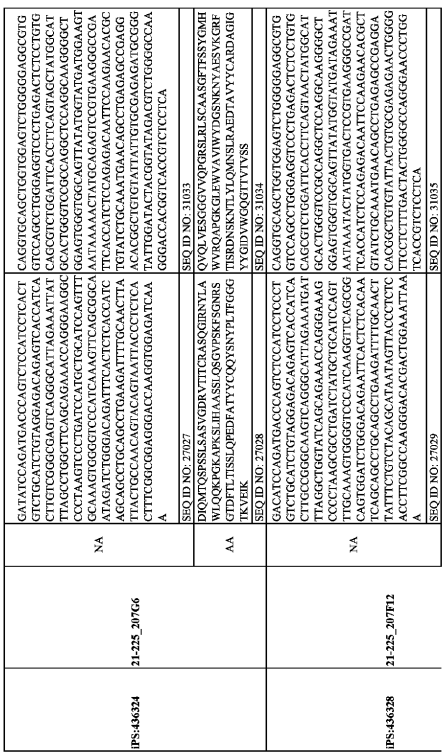
【図５０－９７１】



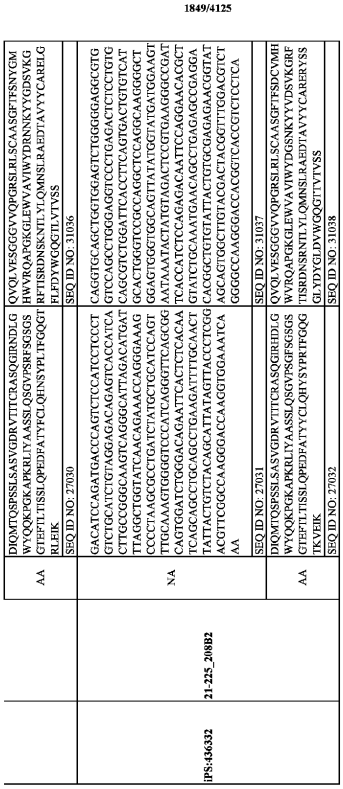
【図５０－９７２】



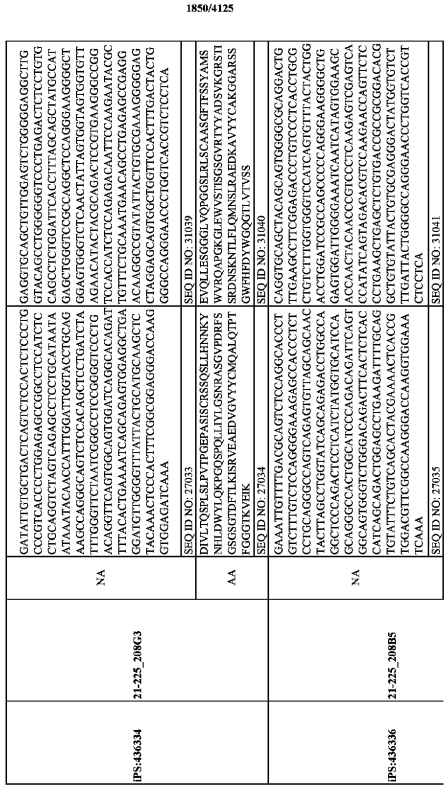
【図５０－９７３】



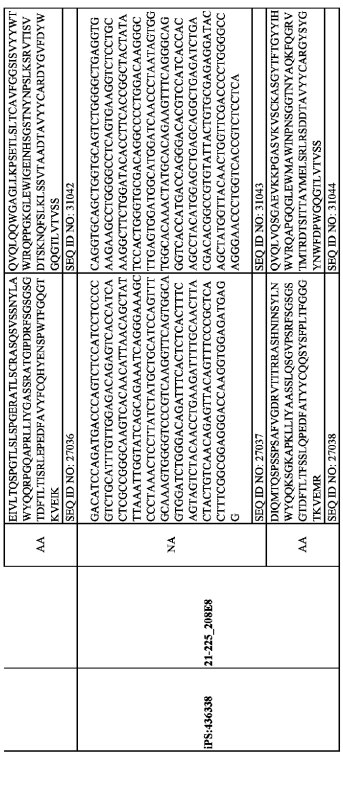
【図５０－９７４】



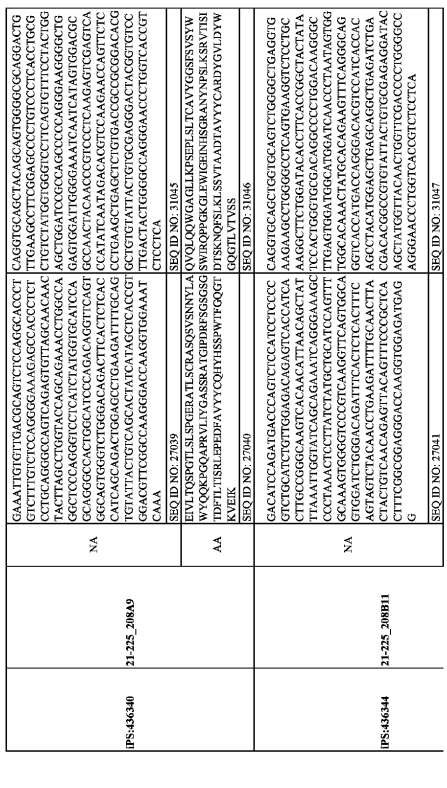
【図５０－９７５】



【図５０－９７６】



【図５０－９７７】



10

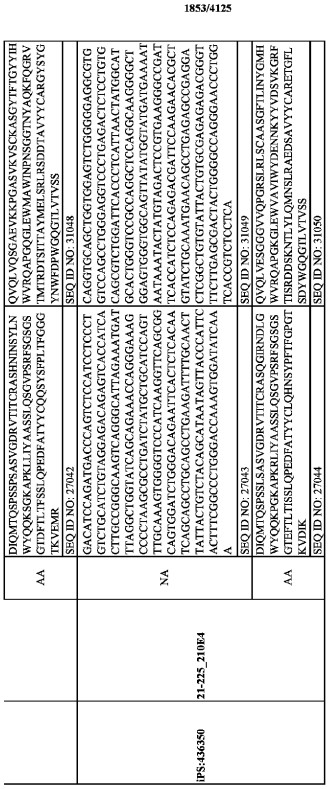
20

30

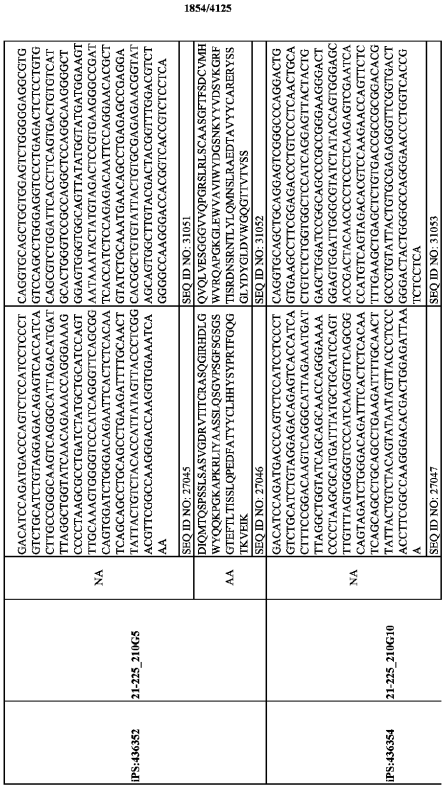
40

50

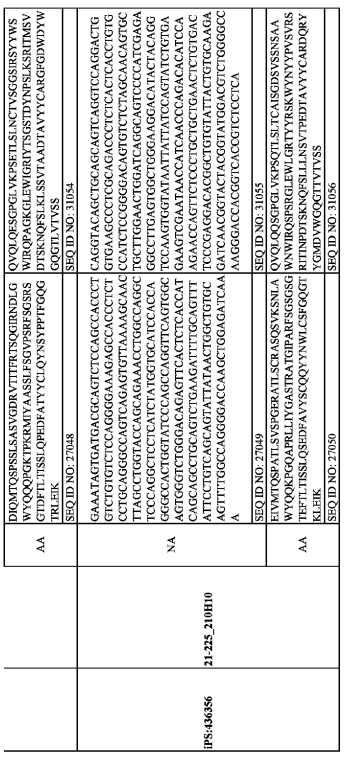
【図５０－９７８】



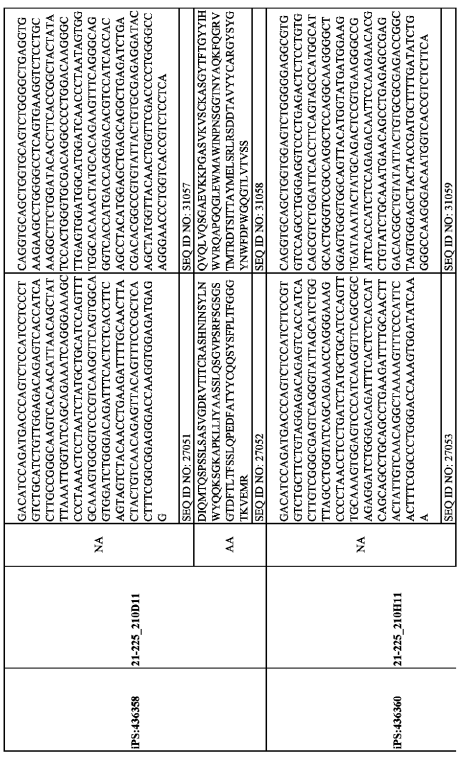
【図５０－９７９】



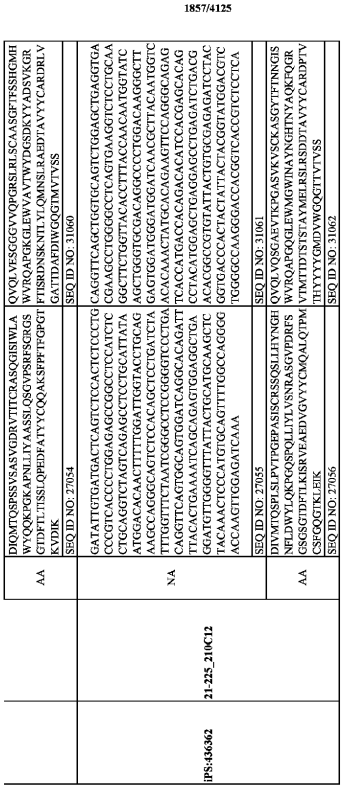
【図５０－９８０】



【図５０－９８１】



【図５０－９８２】

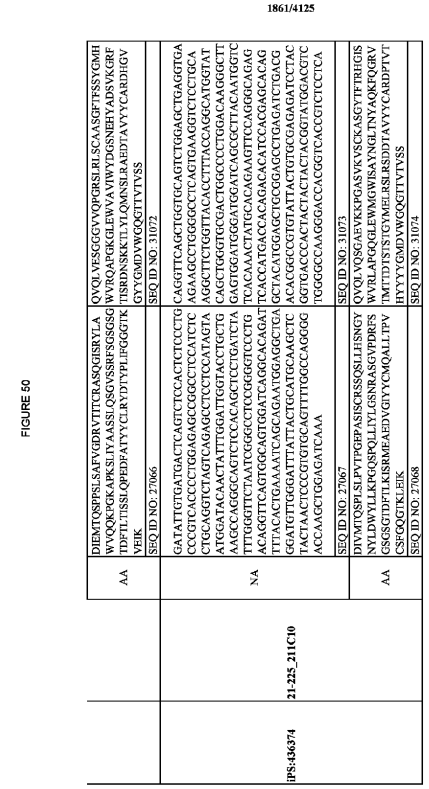


【図５０－９８３】

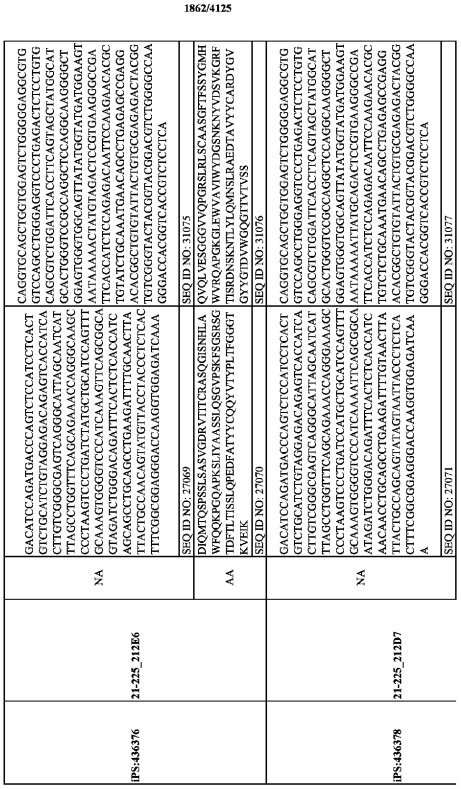
【図５０－９８４】

【図５０－９８５】

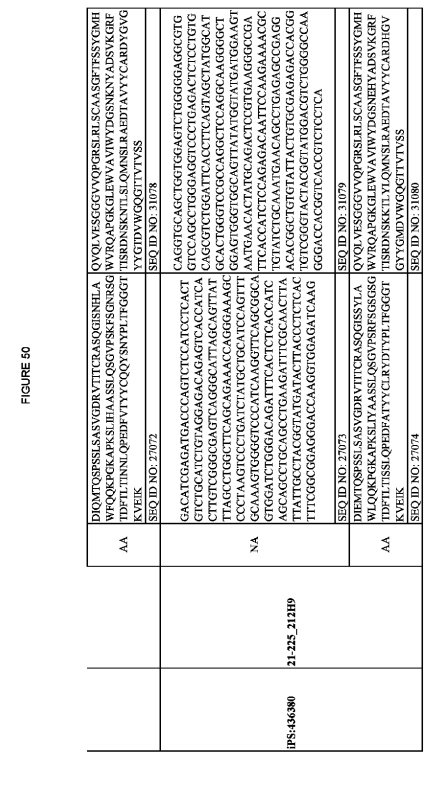
【図５０－９８６】



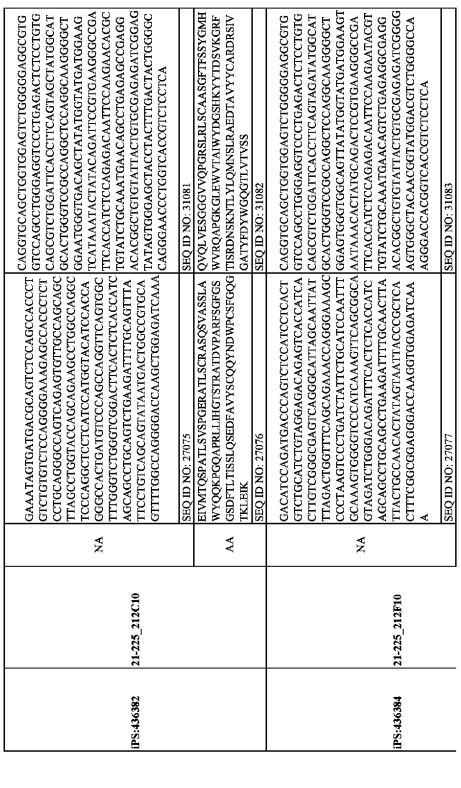
【図５０－９８７】



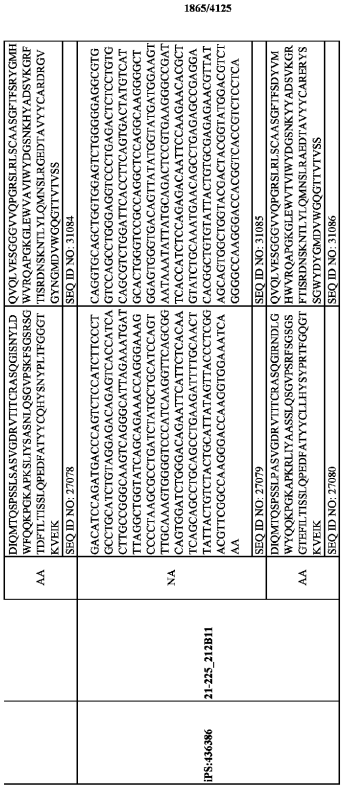
【図５０－９８８】



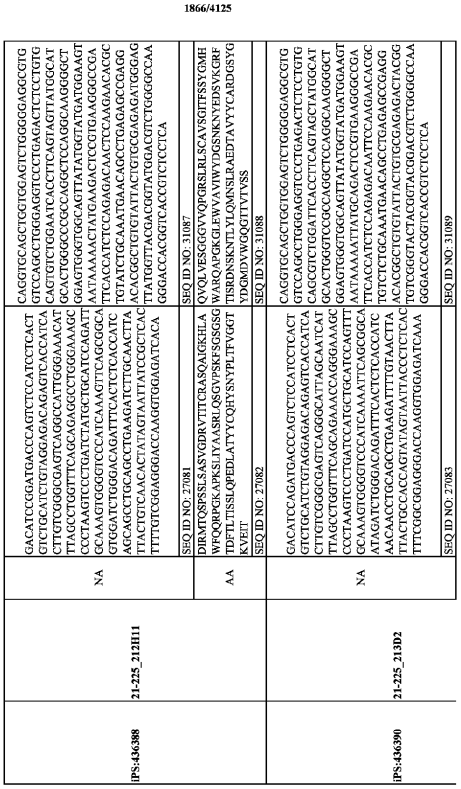
【図５０－９８９】



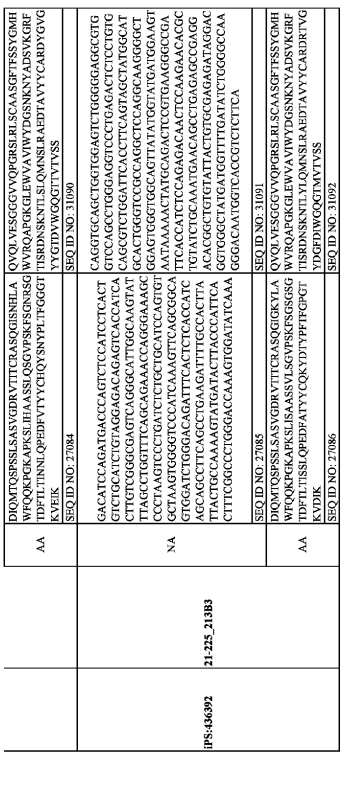
【図５０－９９０】



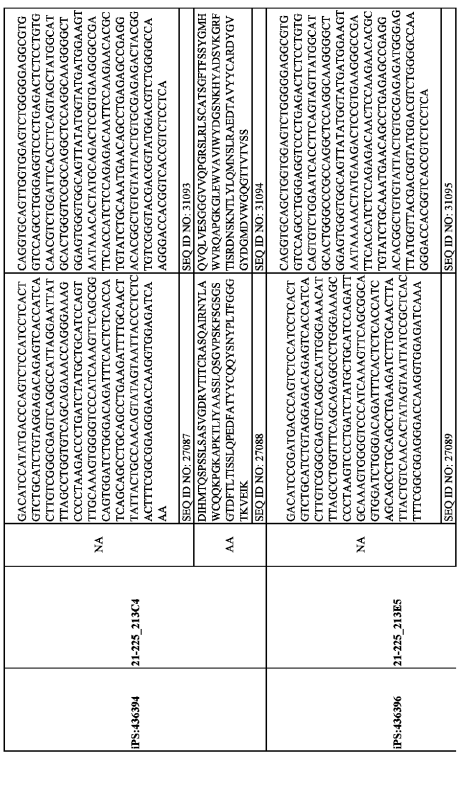
【図５０－９９１】



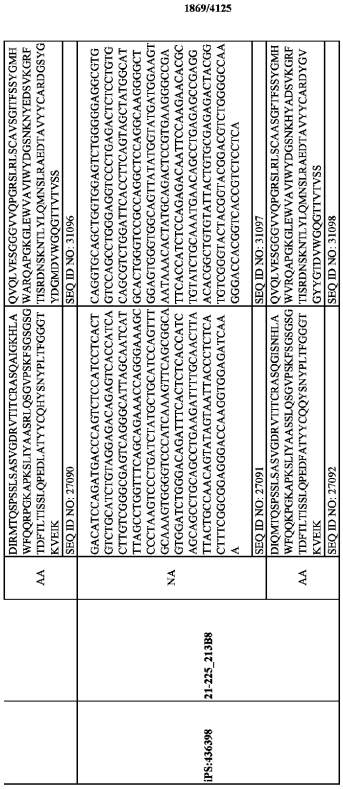
【図５０－９９２】



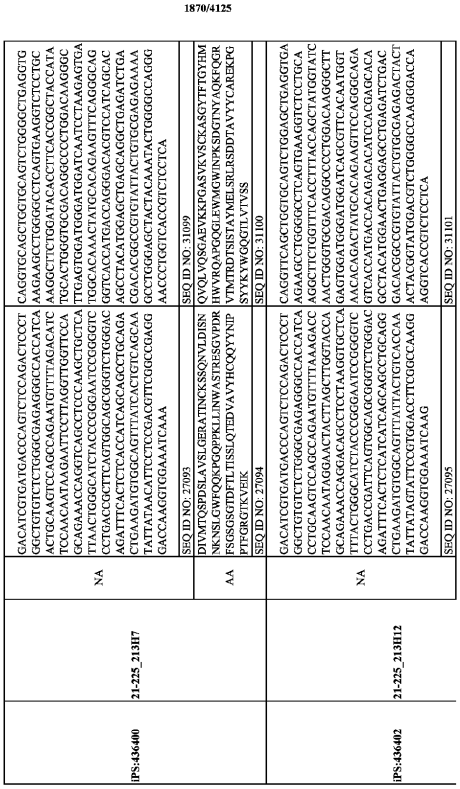
【図５０－９９３】



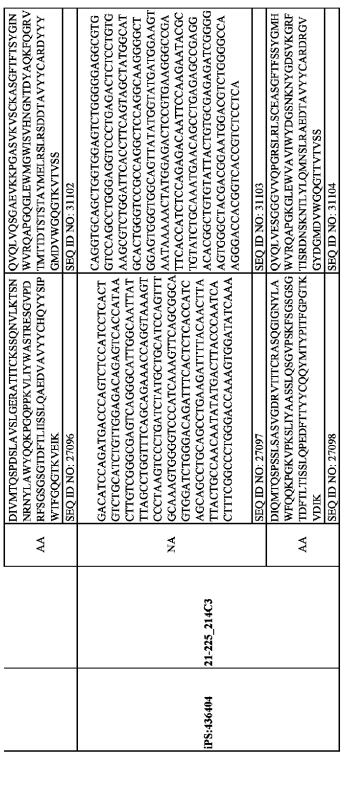
【図５０－９９４】



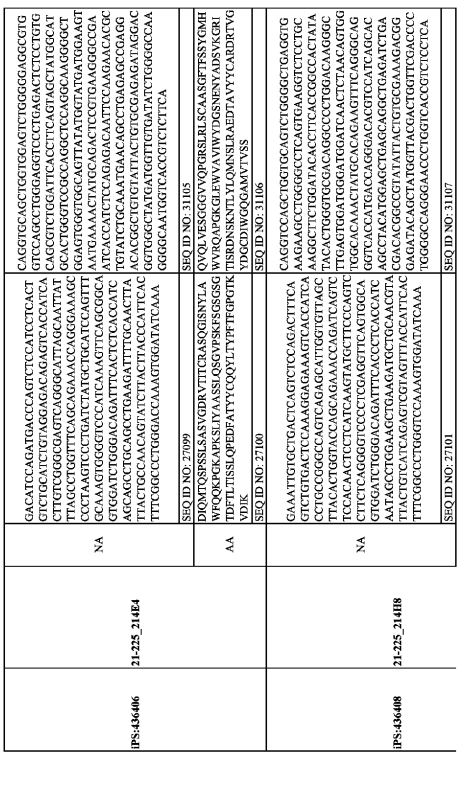
【図５０－９９５】



【図５０－９９６】



【図５０－９９７】



【図５０－９９８】

FIGURE 50

1873/4125

iPS:436410	21-225_212E10	AA	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGVSLHW YQQKPDQSPQLLIKYASQSFSGVPSRFSGSGSGT DFTLTINSLEAEDAATYYCHQSRSLPFTFGQGT KVEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGHYIH WVRQAPGQGLEWMGWINSNSGGTNYAQKFQGRV TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCAKDGRYS YGYDWFDPWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 27102	SEQ ID NO: 31108
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCTCACT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGCGCCTTATCTATGCTGCATCCAGTT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCATTCTCACAAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ATTACTGTCAGCAGTATATAGTTACCCTCGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCATAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTACTGTCTACAGCATTATAGTTACCCTCGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
			SEQ ID NO: 27103	SEQ ID NO: 31109
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISNFLA WYQQKPGKAPKSLITAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSNYPLTFGGGT KVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGYS YYGTDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27104	SEQ ID NO: 31110

【図５０－９９９】

FIGURE 50

1874/4125

iPS:436412	21-225_214H9	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCATAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTACTGTCTACAGCATTATAGTTACCCTCGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCT ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGG CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGT GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC GAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGA TCGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 27105	SEQ ID NO: 31111
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISNFLA WYQQKPGKAPKSLITAASSLQSGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYSTPRTFGQG TKVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYYMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYFCARERYYS SWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27106	SEQ ID NO: 31112
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCCC GCCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA TTGCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAA CTTATTACTGTCAACAGTATAGTTACCCTCGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCCC GCCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT TATTACTGTCAACAGTATAGTTACCCTCGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
			SEQ ID NO: 27107	SEQ ID NO: 31113
iPS:436414	21-225_214G10			

【図５０－１０００】

FIGURE 50

1875/4125

iPS:436416	21-225_214G12	NA	DIQMTLCPSSPPASVGDRVTITCRASQGIRNDLG WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLLHNSYPRTFGQGT KVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYYM WHVRQAPGKGLEWVTVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYS SGWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27108	SEQ ID NO: 31114
			GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC GCCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTTATCTATGCTGCATCCAGT TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ATTACTGTCAGCAGTATAATAGTTACCCTCGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCT ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGG CTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAATGGT GGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC GAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGA TCGGGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
			SEQ ID NO: 27109	SEQ ID NO: 31115
		AA	DIQMTQSPSSPPASVGDRVTITCRASQGIRNDLG WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCVMHTSYPRTFGQG TKVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYYM HWVRQAPGKGLEWVTVIWYDGSNKYYADSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYFCARERYSS SGWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27110	SEQ ID NO: 31116

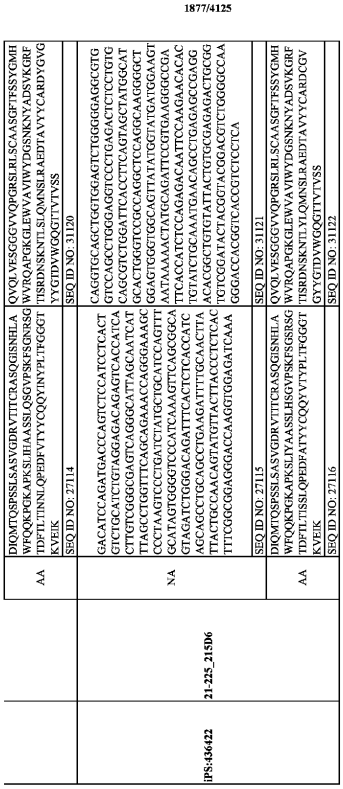
【図５０－１００１】

FIGURE 50

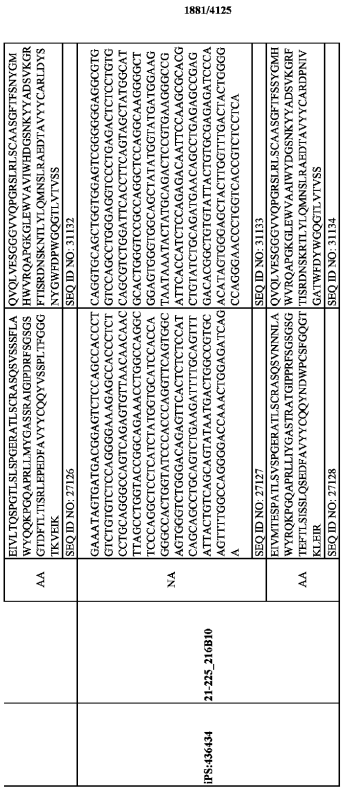
1876/4125

iPS:436418	21-225_215E3	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCC GCCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTTATCTATGCTGCATCCAGT AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ATTACTGTCAGCAGTATAATAGTTACCCTCGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA AA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCAGGCGTG GTCCAGACCTGGGAGGTCCCTCAGACTCTCCTGTG CTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT AGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ATTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCTCGG ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
			SEQ ID NO: 27111	SEQ ID NO: 31117
		AA	DIQMTQSPSSPPASVGDRVTITCRASQGIRNDLG WTQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCVMHTSYPRTFGQG TKVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYYIH WTQQAPGKGLEWVTVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYSS GWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27112	SEQ ID NO: 31118
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCCC GCCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGCCAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGTCCCTGATCCATGCTGCAATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAGTTT CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTG TCAACAGTATAGTTACCCTCGGACGTTCGGCCA AGGGACCAAGGTGGAAATCAAA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCCC GCCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGCCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT GGAGTGGGTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGG TAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGC CGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC GAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGA TCGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 27113	SEQ ID NO: 31119
iPS:436420	21-225_215B5			

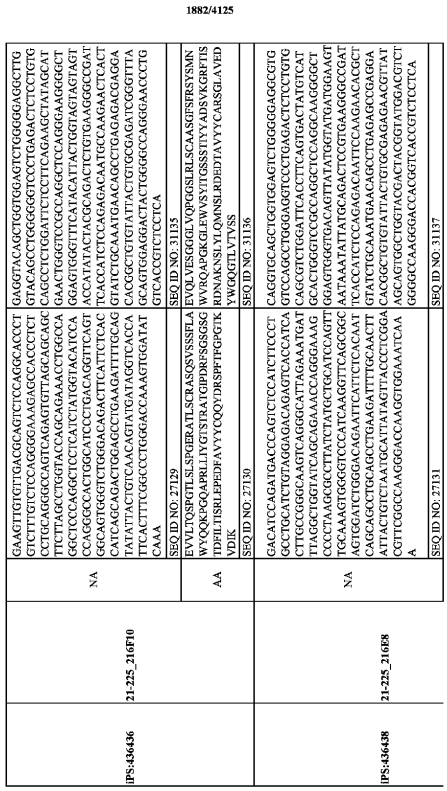
【図５０－１００２】


1877/4125
FIGURE 50
iPS:436422
21-225_215D6
AA
NA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLA
WFQQKPGKAPKSLIHAASSLQSGVPSKFSGSRSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYYNYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27114
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCATAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAGCAGTATAATTATCCTCTCGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 27116
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSRSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYYNYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27117
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGGCATCGGTGTTAGC
TTACACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCACAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CCTCTCAGGGGTCCCCTCGAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AATAGCCTGGAAGCTGAAGATGCTGCAACTTA
TTACTGTCATCAGAGTCGCAGTATTCCGTGGAC
TTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27118
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGTCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27119
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCCACTATA
TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGATCAACTCTAACAGTGG
TGGCACAAATTATGCAGAAGTTTCAGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGA
CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAAGACGG
GAGATACAGCTATGGTCACGACTGGTTCGACCCC
TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27120
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCACTGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCAGTG
GATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCATCAGC
AGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTAC
TGTCAGCAGTATAATTATCCTCTCGGACGTTCG
GCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27115
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLHSGVPSKFSGSRSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYYNYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27116
GAAATTGTGTCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCA
GTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCA
CCTGCCGGGCCAGTCAGGCATCGGTGTTAGC
TTACACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTC
TCCACAGCTCCTCATCAAGTATGCTTCCCAGTC
CCTCTCAGGGGTCCCCTCGAGGTTCAGTGGCA
GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCA
GCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGAC
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAAGACGGG
AGATACAGCTATGGTCACGACTGGTTCGACCCC
TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27121
DIQMTQCPSSPPASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCVHHTSYPKTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27122
CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGACCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCA
TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACAC
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCGTCGTG
GGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAA
GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27123
DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRTSQDIGNYLAW
FQQRPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSRSGT
DFTLTISSLQSEDFATYYCQQYVTFPLTFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 27124
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC
TTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGAT
CAAA
SEQ ID NO: 27125
CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGACCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCA
TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCGTCGTG
GGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAA
GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27126
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA
GTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAATT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTACTGTCAGCAGTATAATTATCCTCTCGG
ACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCA
AA
SEQ ID NO: 27127
DIQMTQCPSSPPASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCVHHTSYPKTFGQG
TKVEIK
SEQ ID NO: 27128
CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGACCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCA
TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCGTCGTG
GGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAA
GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27129
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDYYG
SGWYDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27130
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGACGAGTCAGGACATTTGGCAATTAT
TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCAATTAT
ACAGAGTGGGGTCCCATCAAGTTTCAGCGGCA
GTATGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC
AGCAGCCTGCAGTCTGAAGATGTTGCAACTT
TTACTGTCAACAGTATGTTAGTTTCCCGCTCAC
TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27131
CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCA
TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGATCGTCGTG
GGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAA
GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27132
EIVLTQSPGTLSLSPGERVTLSCRASQRIITTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPDFAVYYCQQYVSSLLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27133
DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRTSQDIGNYLAW
FQQRPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSRSGT
DFTLTISSLQSEDFATYYCQQYVTFPLTFGGGTK
VEIK
SEQ ID NO: 27134
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCTA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27135
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLA
WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSRSG
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYYNYPLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27136
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACC
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
CCCTAAGTTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
GCACTGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCAGTG
GATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCATCAGC
AGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTAC
TGTCAGCAGTATAATTATCCTCTCGGACGTTCG
GCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27137
EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGVSLHW
YQQKPDQSPQLLIKYASQSISGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLEAEDAATYYCHQSRSLPFTFGQGK
VDIK
SEQ ID NO: 27138
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGTCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGCAGCAAC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC
ATTCACCATCTCCAGACAATTTCAACAGTTTC
CATCAGCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTG
TTTATTACTGTCAACAGTATGGTAGCTCACCG
GACACGGCTCTCTATTCGGCGGAGGGACCAAG
GTGGAAATCAAACGT
SEQ ID NO: 27139
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27140
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27141
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27142
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27143
EIVLTQSPGTLSLSPGERVTLSCRASQRIITTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPDFAVYYCQQYVSSLLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27144
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27145
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27146
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27147
EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGVSLHW
YQQKPDQSPQLLIKYASQSISGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLEAEDAATYYCHQSRSLPFTFGQGK
VDIK
SEQ ID NO: 27148
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGTCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGCAGCAAC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC
ATTCACCATCTCCAGACAATTTCAACAGTTTC
CATCAGCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTG
TTTATTACTGTCAACAGTATGGTAGCTCACCG
GACACGGCTCTCTATTCGGCGGAGGGACCAAG
GTGGAAATCAAACGT
SEQ ID NO: 27149
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGLTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNEYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27150
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGAT
CAAA
SEQ ID NO: 27151
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27152
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27153
EIVLTQSPGTLSLSPGERVTLSCRASQRIITTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPDFAVYYCQQYVSSLLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27154
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27155
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27156
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27157
EIVLTQSPGTLSLSPGERVTLSCRASQRIITTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPDFAVYYCQQYVSSLLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27158
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27159
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27160
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27161
EIVLTQSPGTLSLSPGERVTLSCRASQRIITTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPDFAVYYCQQYVSSLLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27162
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27163
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27164
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27165
EIVLTQSPGTLSLSPGERVTLSCRASQRIITTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPDFAVYYCQQYVSSLLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27166
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27167
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27168
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27169
EIVLTQSPGTLSLSPGERVTLSCRASQRIITTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPDFAVYYCQQYVSSLLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27170
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27171
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27172
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27173
EIVLTQSPGTLSLSPGERVTLSCRASQRIITTNFLA
WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSG
TDFTLTISRLEPDFAVYYCQQYVSSLLTFGGGT
KVEIK
SEQ ID NO: 27174
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27175
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWHDGSNKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27176
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCGA
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGT
GGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC
CATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG
TGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCG
CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATC
AAA
SEQ ID NO: 27177
EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGVSLHW
YQQKPDQSPQLLIKYASQSISGVPSRFSGSGSGT
DFTLTINSLEAEDAATYYCHQSRSLPFTFGQGK
VDIK
SEQ ID NO: 27178
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGTCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGCAGCAAC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAC
GCAGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTG
GCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC
ATTCACCATCTCCAGACAATTTCAACAGTTTC
CATCAGCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTG
TTTATTACTGTCAACAGTATGGTAGCTCACCG
GACACGGCTCTCTATTCGGCGGAGGGACCAAG
GTGGAAATCAAACGT
SEQ ID NO: 27179
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGLTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNEYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGV
GYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27180
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT
GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT
CCTGCAGGGCCAGTCAGAGCATTAGCAGCAGC
TTCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCA
GGCTCCCAGGCTCCTCATCT

【図５０－１００６】



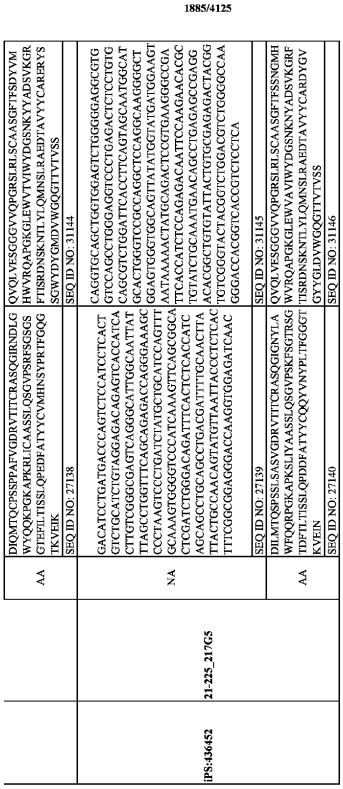
【図５０－１００７】



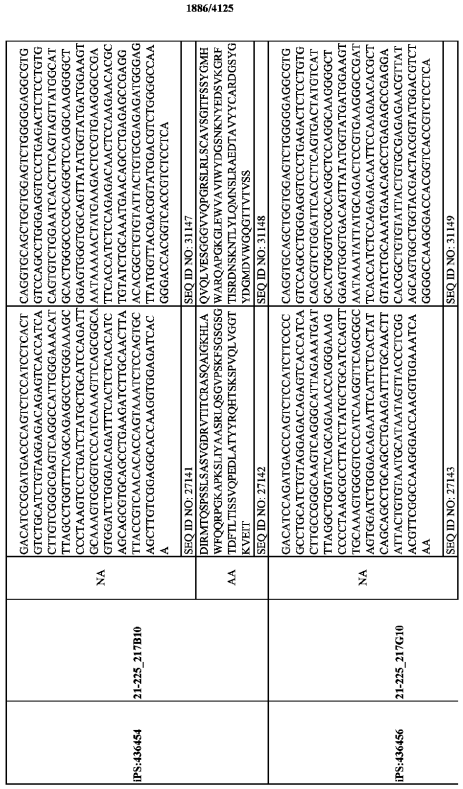
【図５０－１００８】

【図５０－１００９】

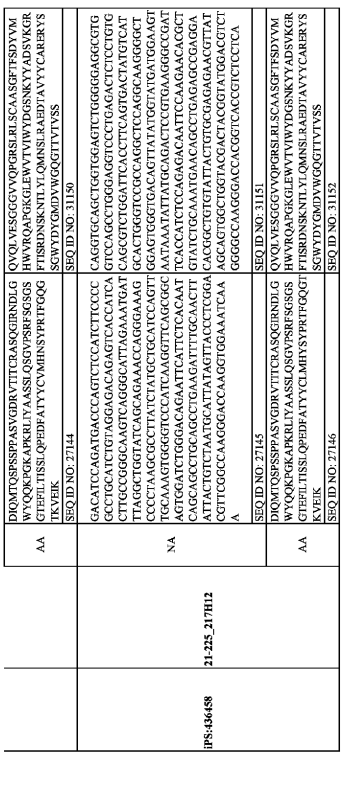
【図５０－１０１０】



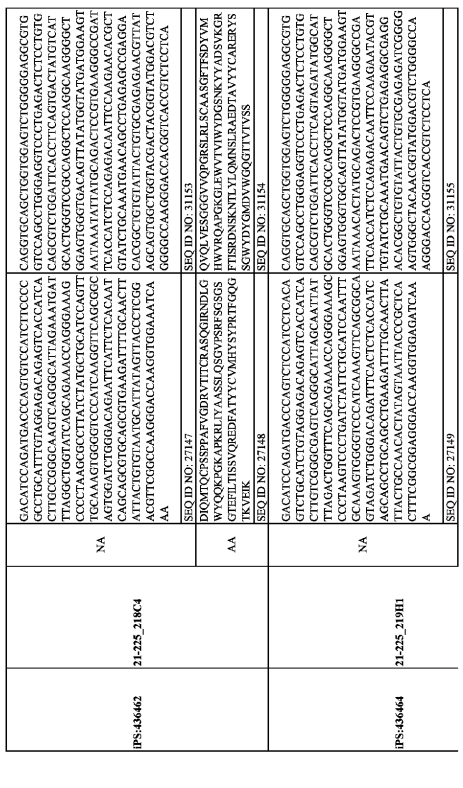
【図５０－１０１１】



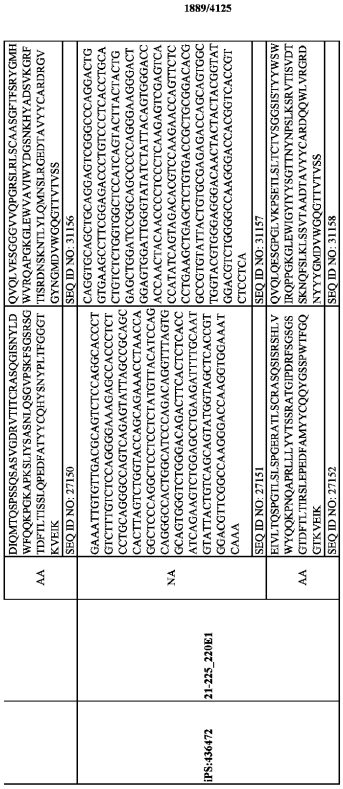
【図５０－１０１２】



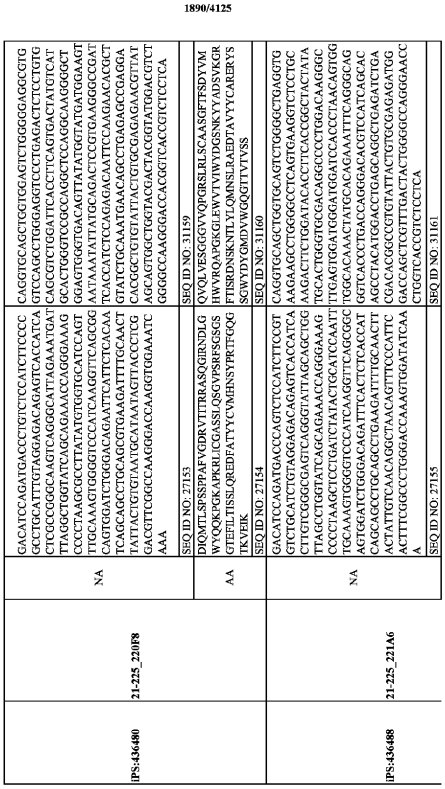
【図５０－１０１３】



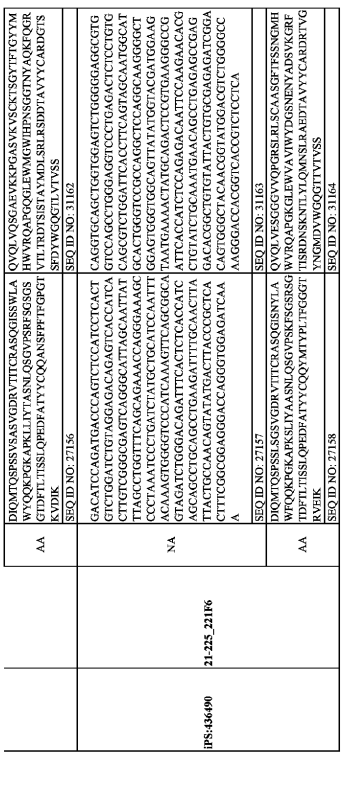
【図５０－１０１４】



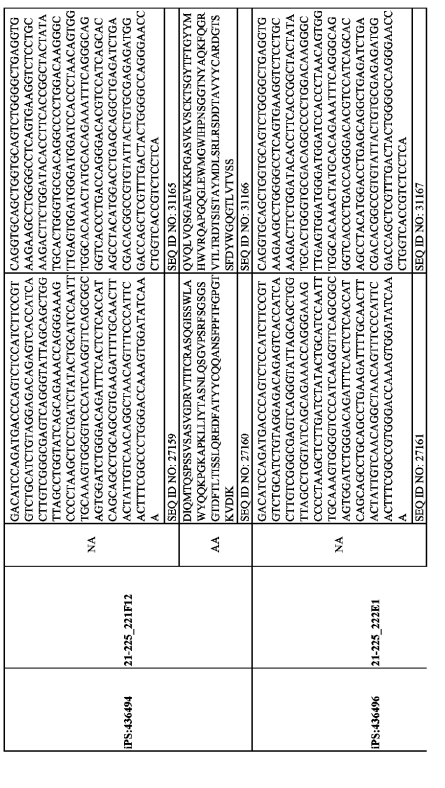
【図５０－１０１５】



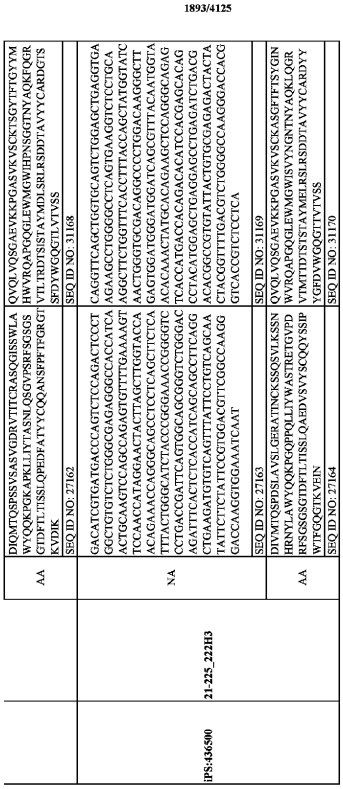
【図５０－１０１６】



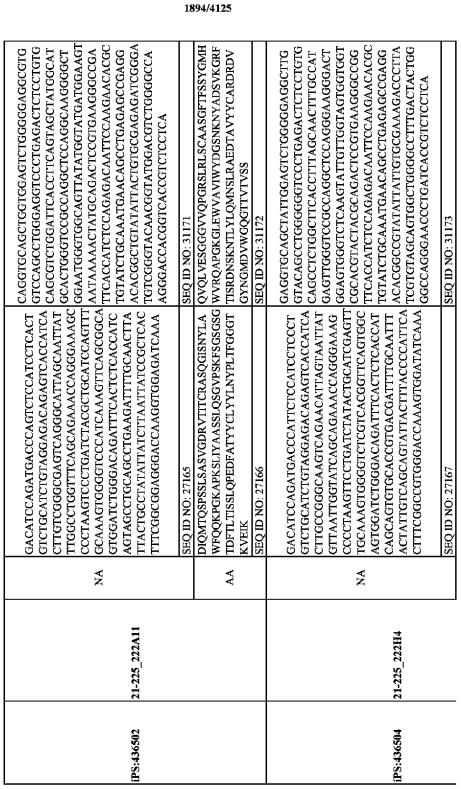
【図５０－１０１７】



【図５０－１０１８】



【図５０－１０１９】



【図５０－１０２０】

【図５０－１０２１】

10

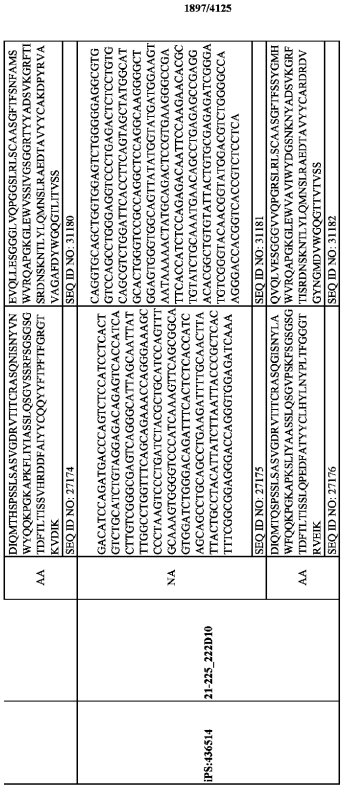
20

30

40

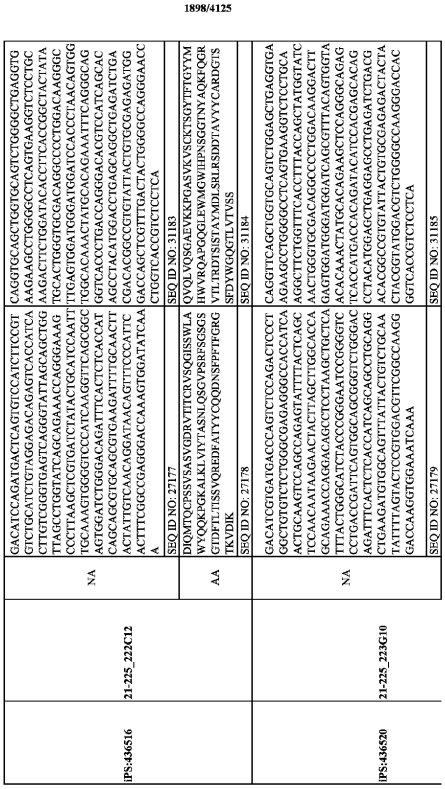
50

【図５０－１０２２】



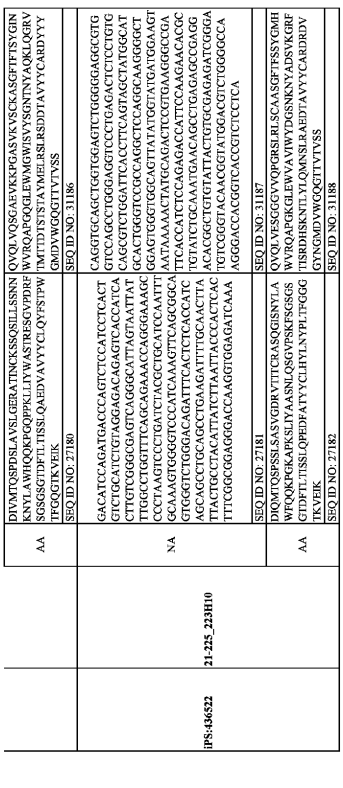
iPS:436514	21-225_222D10	AA	DIQMTHSPSSLSASVGDRVTITCRASQNISNYVN	SEQ ID NO: 31181
			WYQQKPGKAPKFLIYTASSLQSGVSSRFSGSGSG	SEQ ID NO: 31182
			TDFTLTISSLQPEDFATYYCLHYLNYPLTFGGGT	SEQ ID NO: 31183
			KVDIK	SEQ ID NO: 31184
		NA	GACATCCAGATGACTCAGTCTCCATCCTCCCT	SEQ ID NO: 31185
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	
			CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT	
			TTGGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC	
			CCCTAAGTCCCTGATCTACGCTGCAGCAACTC	
			GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGGCA	
			GTGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC	
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTA	
			TTACTGCCTACATTATTCTTACCCGCTCAC	
			TTTCGGCGGAGGGACCAGGGTGGAGATCAAA	
iPS:436516	21-225_224C12	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGFTFSSYGM	SEQ ID NO: 31186
			HWVRQAPGQGLEWVAVIWYDGSNKNYADSVKGR	SEQ ID NO: 31187
			FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRV	SEQ ID NO: 31188
			RVEIK	SEQ ID NO: 31189
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	SEQ ID NO: 31190
			GTCTGCAGTCGAGACAGAGTCACCATCACT	
			TGCCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTAT	
			TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAG	
			CCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGT	
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	
			CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA	
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	
			TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC	
			ACTTTCGGCGGTGGGACCAAGGTGGAGATCAA	
iPS:436520	21-225_223G10	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGFTFSSYGM	SEQ ID NO: 31191
			HWVRQAPGQGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR	SEQ ID NO: 31192
			FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRV	SEQ ID NO: 31193
			RVEIK	SEQ ID NO: 31194
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	SEQ ID NO: 31195
			GTCTGCAGTCGAGACAGAGTCACCATCACT	
			TGCCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTAT	
			TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAG	
			CCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGT	
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	
			CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA	
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	
			TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC	
			ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA	

【図５０－１０２３】

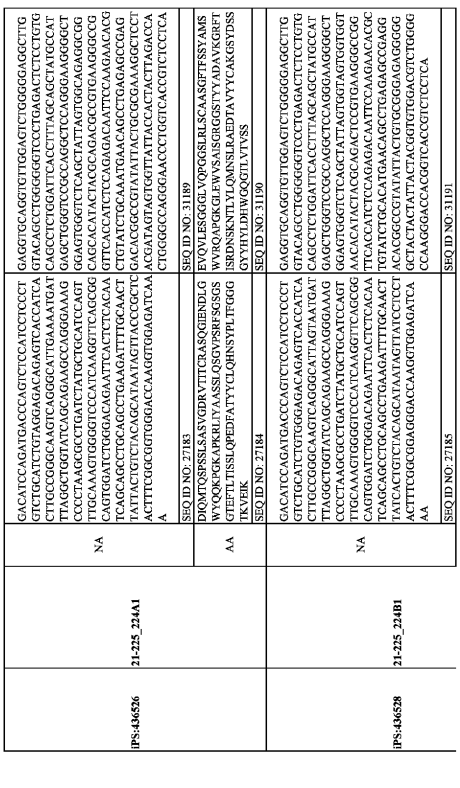


iPS:436522	21-225_223H10	AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILLSSNN	SEQ ID NO: 31196
			KNYLAWHQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRF	SEQ ID NO: 31197
			SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPW	SEQ ID NO: 31198
			TFGQGTKVEIK	SEQ ID NO: 31199
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCACT	SEQ ID NO: 31200
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	
			CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGAAATGAT	
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGGAAAG	
			CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT	
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTTACTCTCACAT	
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	
			TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC	
			ACTTTCGGCGGTGGGACCAAGGTGGAGATCAA	
iPS:436526	21-225_224A1	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIENDLG	SEQ ID NO: 31201
			WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS	SEQ ID NO: 31202
			GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGG	SEQ ID NO: 31203
			TKVEIK	SEQ ID NO: 31204
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	SEQ ID NO: 31205
			GTCTGCAGTCTGAGACAGAGTCACCATCA	
			CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT	
			TTAGGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGGAAAG	
			CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT	
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGTTCAGCGG	
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTTACTCTCACAA	
			TTAGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT	
			TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTC	
			ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA	
iPS:436528	21-225_224B1	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLA	SEQ ID NO: 31206
			WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGS	SEQ ID NO: 31207
			GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLHYLNYPLTFGGG	SEQ ID NO: 31208
			TKVEIK	SEQ ID NO: 31209
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	SEQ ID NO: 31210
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	
			CTTGCCAGGCAAGTCAGGACATTAGCAACTAT	
			TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	
			CCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCATCCAAT	
			TTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	
			CAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTTTCACCA	
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACA	
			TATCACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGTCC	
			ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA	
			AA	

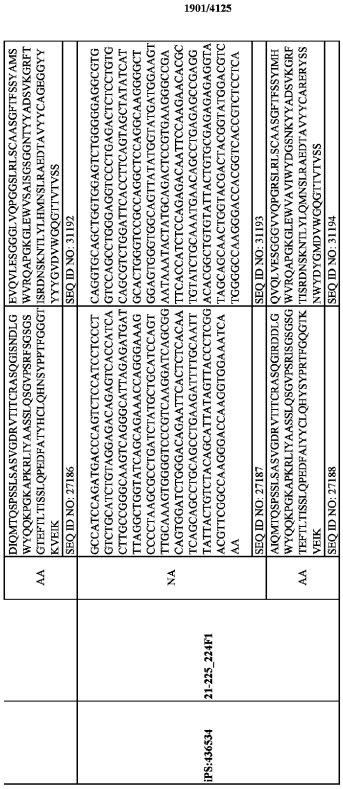
【図５０－１０２４】



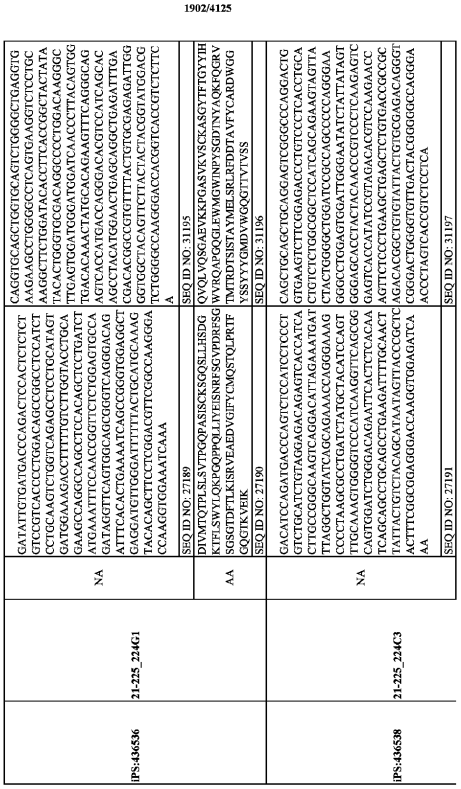
【図５０－１０２５】



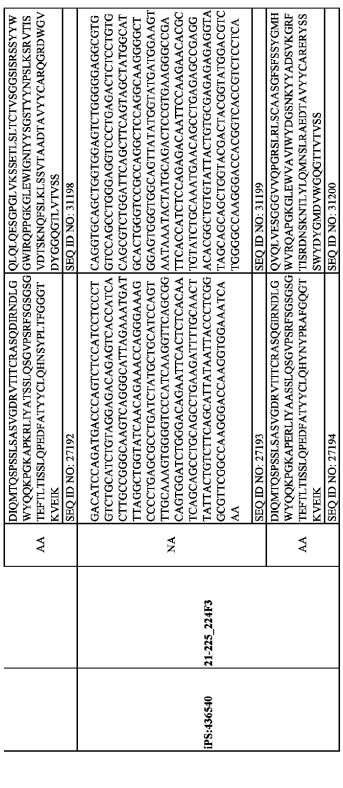
【図５０－１０２６】



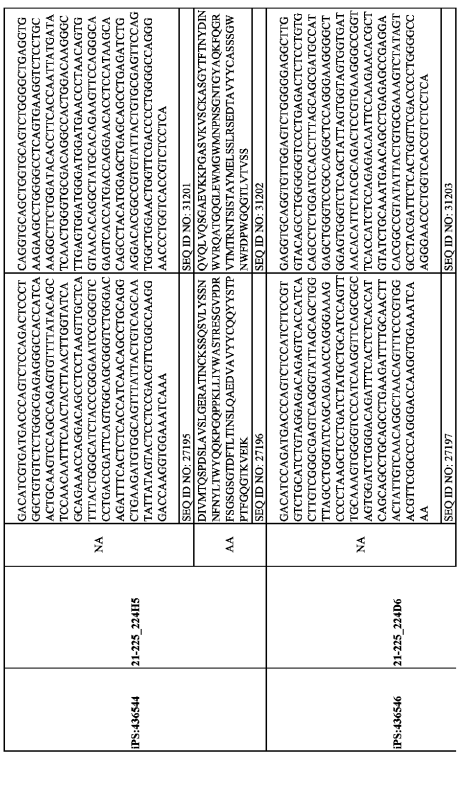
【図５０－１０２７】



【図５０－１０２８】



【図５０－１０２９】



10

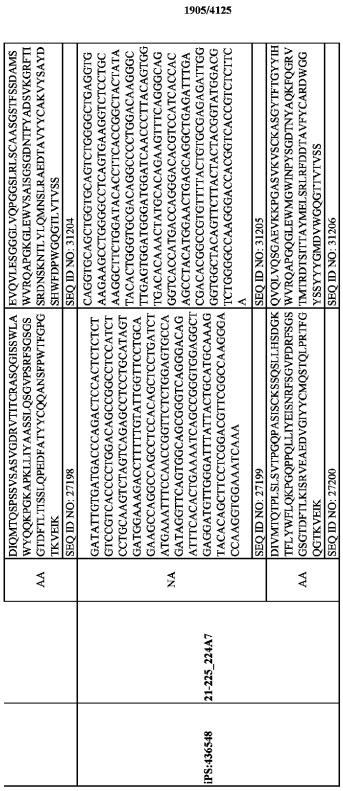
20

30

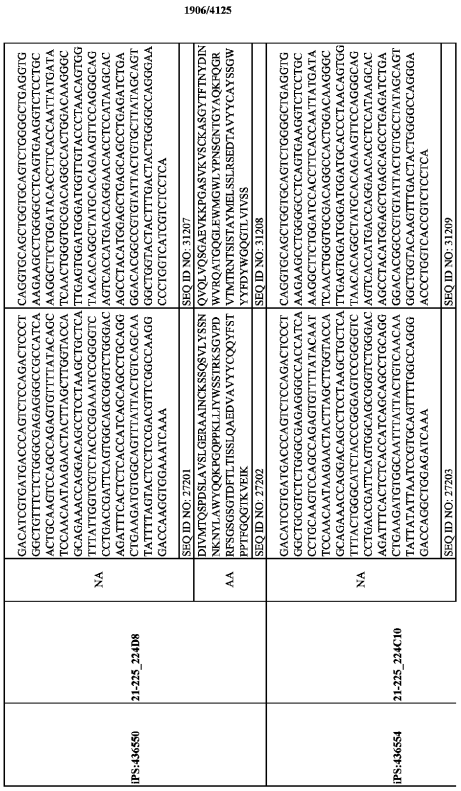
40

50

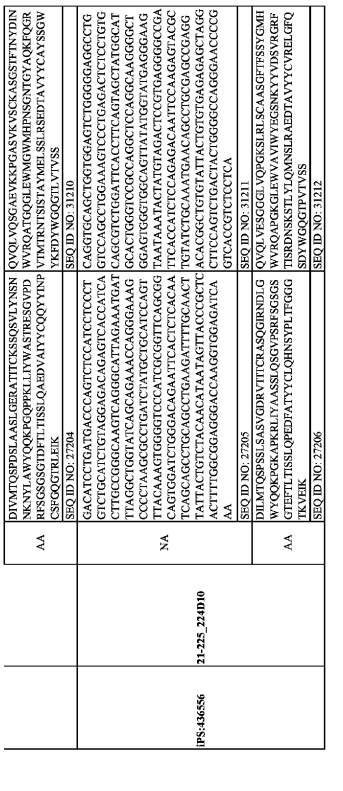
【図５０－１０３０】



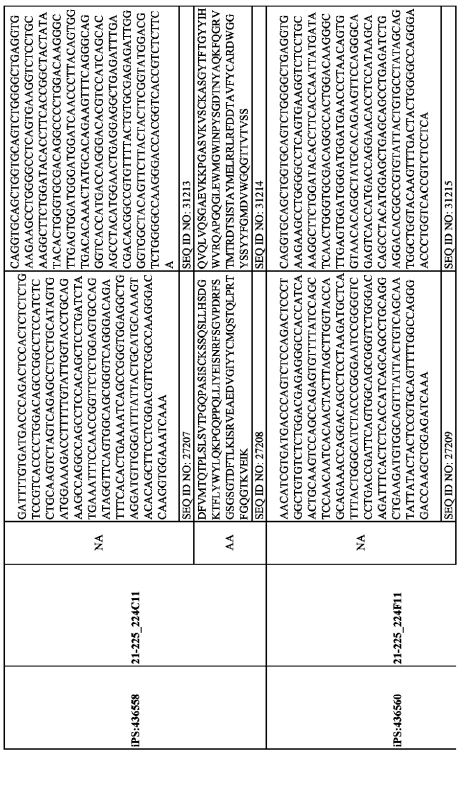
【図５０－１０３１】



【図５０－１０３２】



【図５０－１０３３】



10

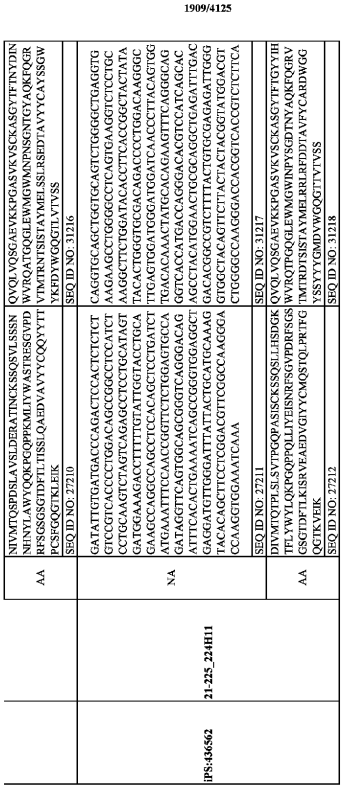
20

30

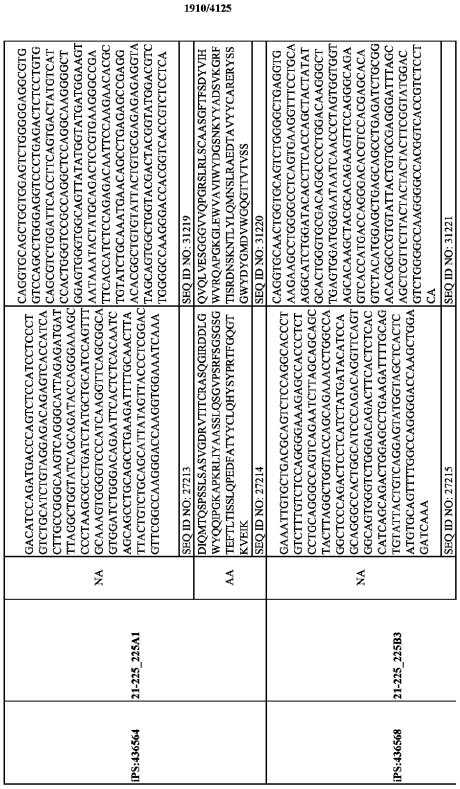
40

50

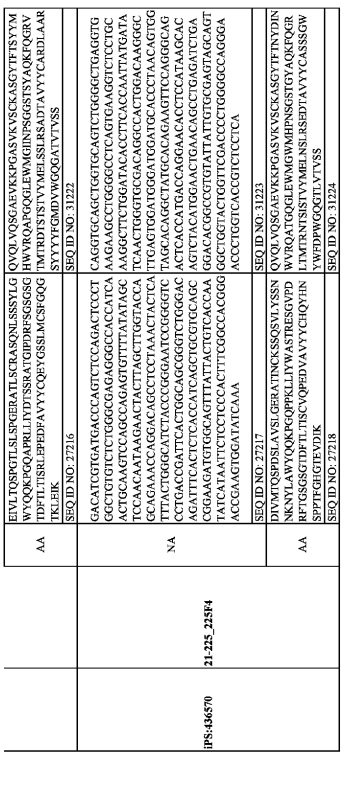
【図５０－１０３４】



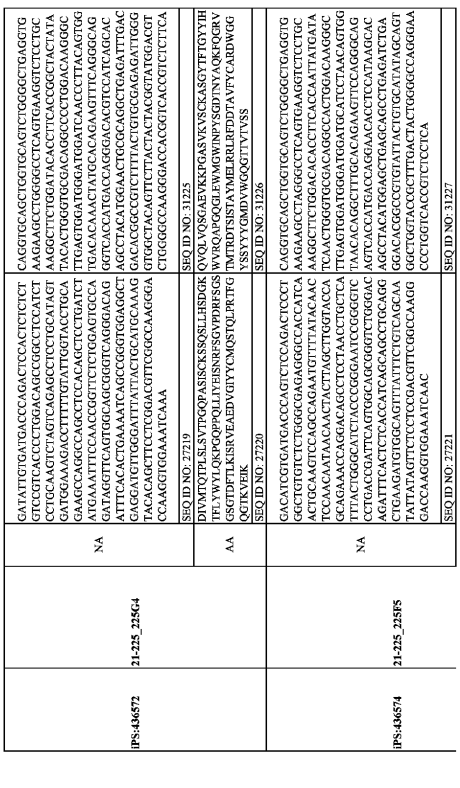
【図５０－１０３５】



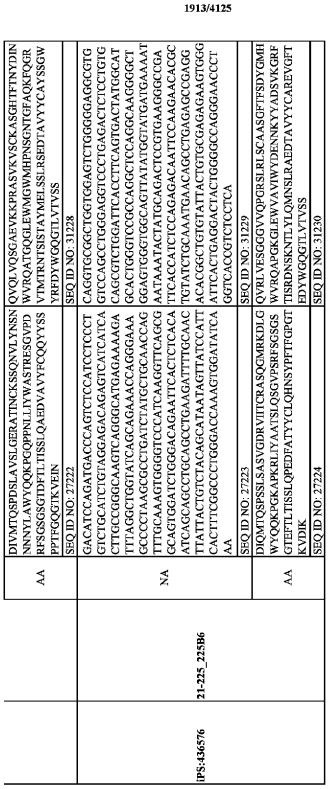
【図５０－１０３６】



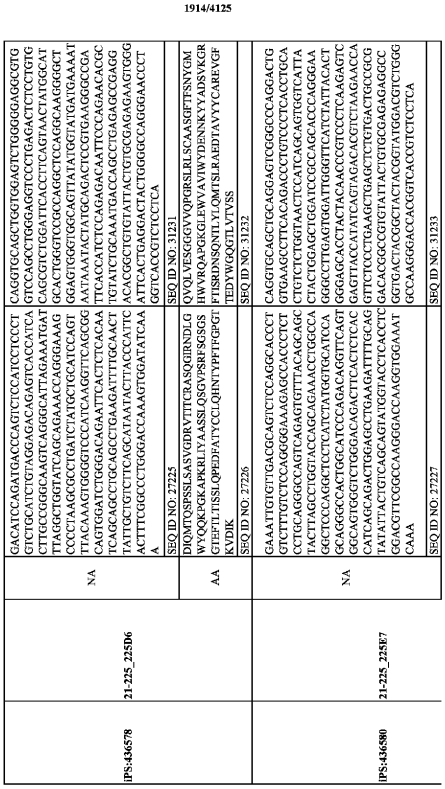
【図５０－１０３７】



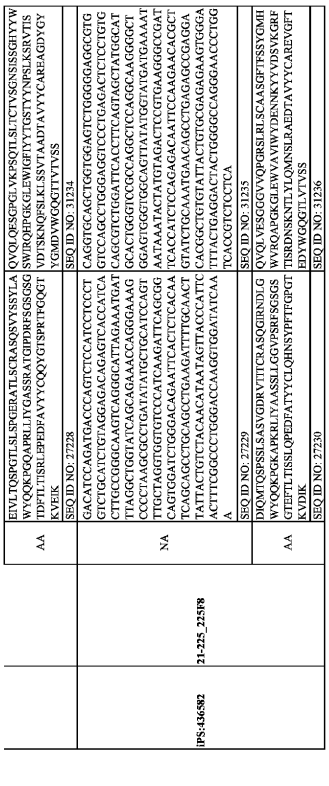
【図５０－１０３８】



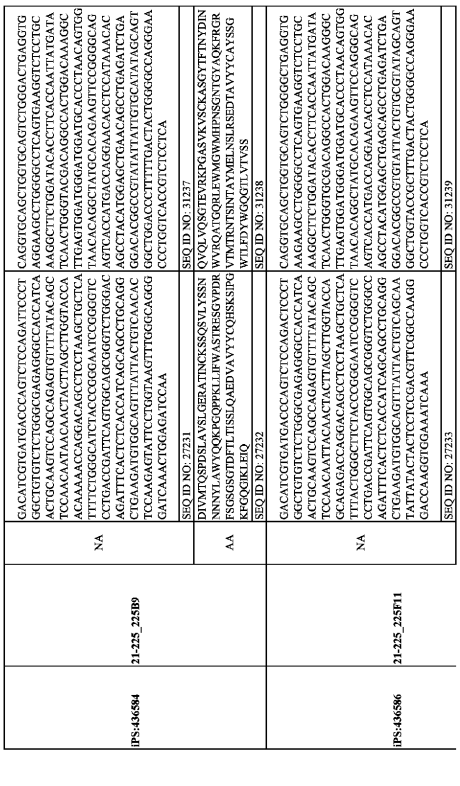
【図５０－１０３９】



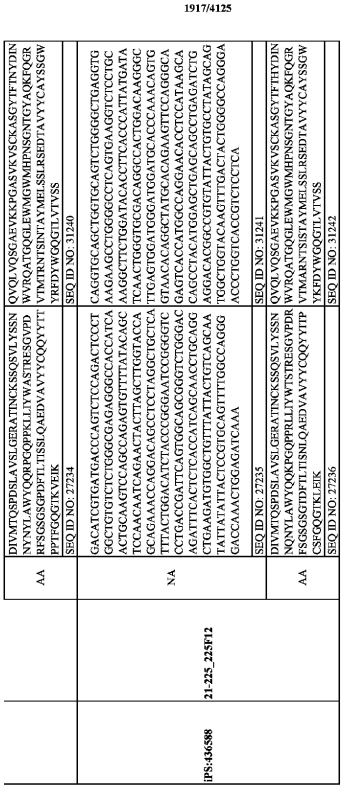
【図５０－１０４０】



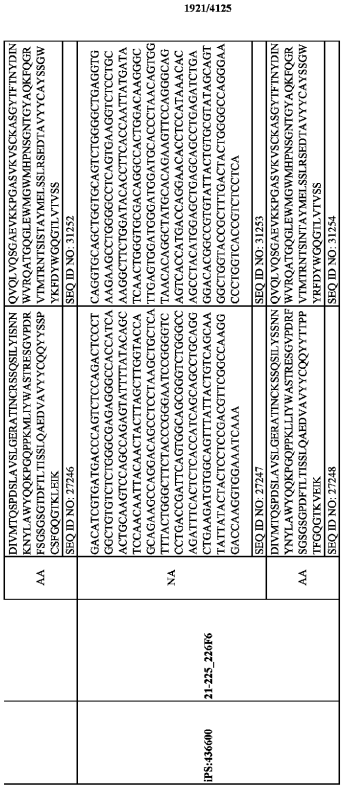
【図５０－１０４１】



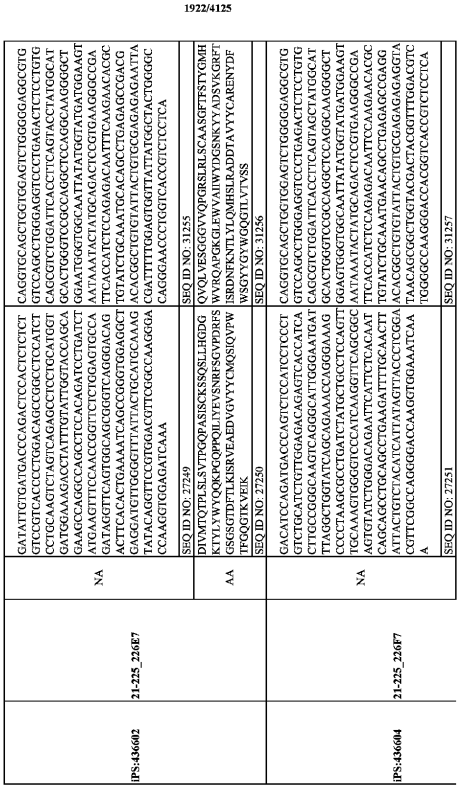
【図５０－１０４２】


1917/4125
FIGURE 50
iPS:436588
21-225_225F12
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
NYNYLAWYQQRPQQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGPDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYTT
PPTFGQGTK VEIK
SEQ ID NO: 27234
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGGACAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTACATGGT
GATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATCGCAAGG
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27241
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHGDG
KTYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQPWT
FGQGTK VDIK
SEQ ID NO: 27240
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTACATGGT
GATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATCGCAAGG
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27241
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHGDG
KTYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFS
GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQPWT
FGQGTK VEIK
SEQ ID NO: 27242
iPS:436594
21-225_226A5
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
ATTTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATATAATTATCCCTCGG
GCGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCC
AA
SEQ ID NO: 27243
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLLIYAASSLQSGLPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHTNYPRAFQGT
KVEIQ
SEQ ID NO: 27244
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA
AAGAAGCCTGGGGCAATCCATCTTCTGATC
TATGCTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTCC
CATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGAC
AGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATTTTGCAACTTACTACTGTCTACAG
CATAATTATCCCTCGGACGTTCGGCCAAGGGA
CCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27245
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCAAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
GAGTCACCATGACCACAGACACATCCACGAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCCATAGCAG
TGGCTGGTACAAGTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTCGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27246
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSINTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27247
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSTYGMH
WVRQAPGKGLEWVAIIWYDGKYKYYADSVKGRF
TISRDNSKNTLFLQMNSLRAEDTAVYYCARDHYDF
WSGYLTHWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27248
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAIIWYDGTNKYYTDSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAREGHD
FWSGFPCTWFQQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27248
iPS:436596
21-225_226C6
NA
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTCCCT
ATTTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
TCAGCAACCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATATAATTATCCCTCGG
GCGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCC
AA
SEQ ID NO: 27249
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSDYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYSS
SWYDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27250
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGGACAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTACATGGT
GATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATCGCAAGG
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27251
iPS:436598
21-225_226D6
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCAAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
GAGTCACCATGACCACAGACACATCCACGAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCCATAGCAG
TGGCTGGTACAAGTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTCGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27252
iPS:436588
21-225_225F12
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCT
GTCCGTCACCCTGGGACAGCCGGCCTCCATCA
AGTCTAGTCAGAGCCTCCTACATGGTGAAAGA
CAGCCTATTTGTATTGGTACCTGCAGAAGCCA
GGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCTATGAAGT
TTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAGATAGGT
TCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAGATTTCACA
CTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCTGAGGATGT
TGGGGTTTATTACTGCATCGCAAGGCCAAGGT
GGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27253
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCT
GTCCGTCACCCTGGGAGGGCCACCATCA
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCAAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
GAGTCACCATGACCACAGACACATCCACGAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCCATAGCAG
TGGCTGGTACAAGTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTCGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27254
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCT
GTCCGTCACCCTGGGACAGCCGGCCTCCATCA
AGTCTAGTCAGAGCCTCCTACATGGTGAAAGA
CAGCCTATTTGTATTGGTACCTGCAGAAGCCA
GGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCTATGAAGT
TTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAGATAGGT
TCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAGATTTCACA
CTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCTGAGGATGT
TGGGGTTTATTACTGCATCGCAAGGCCAAGGT
GGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27255
iPS:436590
21-225_225H12
NA
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCT
GTCCGTCACCCTGGGACAGCCGGCCTCCATCA
AGTCTAGTCAGAGCCTCCTACATGGTGAAAGA
CAGCCTATTTGTATTGGTACCTGCAGAAGCCA
GGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCTATGAAGT
TTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAGATAGGT
TCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAGATTTCACA
CTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCTGAGGATGT
TGGGGTTTATTACTGCATCGCAAGGCCAAGGT
GGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27256
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCAAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
GAGTCACCATGACCACAGACACATCCACGAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCCATAGCAG
TGGCTGGTACAAGTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTCGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27257
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTACATGGT
GATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATCGCAAGG
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27258
NA
GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTCT
GTCCGTCACCCTGGAGCAGCCGGCCTCCATCT
CCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTACATGGT
GATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCA
GAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCT
ATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCA
GATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAG
ATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGAGGCT
GAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATCGCAAGG
CCAAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27259
iPS:436592
21-225_226B1
NA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCAAACAGTG
GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCA
GAGTCACCATGACCACAGACACATCCACGAGCA
CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCCATAGCAG
TGGCTGGTACAAGTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTCGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27260
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSINTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27261
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCATSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27262
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27263
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27264
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27265
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27266
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27267
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27268
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27269
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27270
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27271
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27272
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27273
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27274
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27275
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27276
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27277
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27278
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27279
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27280
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27281
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27282
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27283
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27284
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27285
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27286
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27287
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27288
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27289
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27290
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27291
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27292
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27293
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27294
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27295
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27296
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27297
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27298
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27299
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27300
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27301
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27302
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27303
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27304
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27305
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27306
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27307
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27308
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27309
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27310
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27311
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27312
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27313
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27314
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27315
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27316
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27317
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27318
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27319
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27320
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27321
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27322
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27323
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27324
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27325
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27326
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27327
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27328
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27329
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27330
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27331
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27332
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSSGW
YRFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27333
AA
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAV

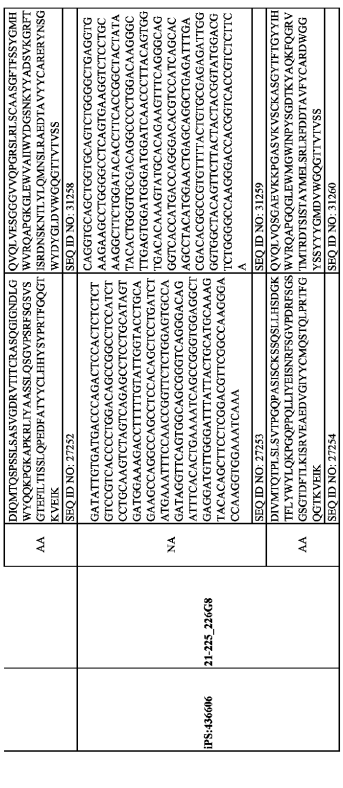
【図５０－１０４６】



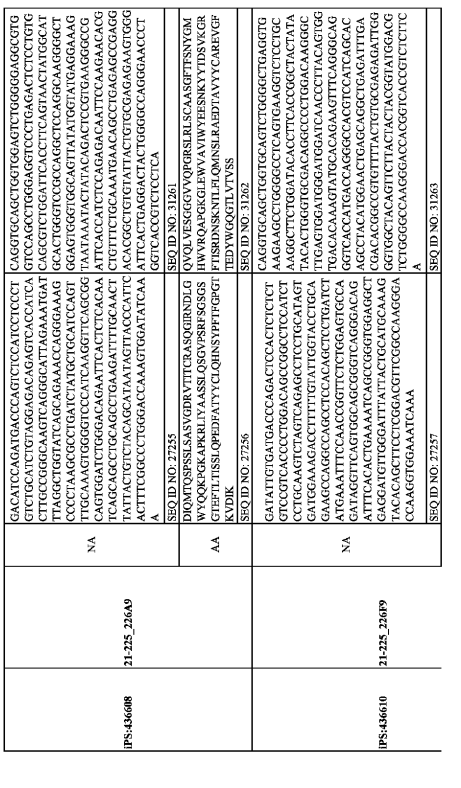
【図５０－１０４７】



【図５０－１０４８】



【図５０－１０４９】



10

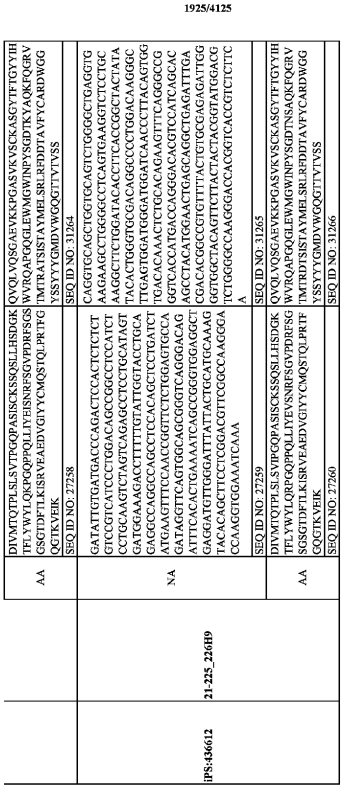
20

30

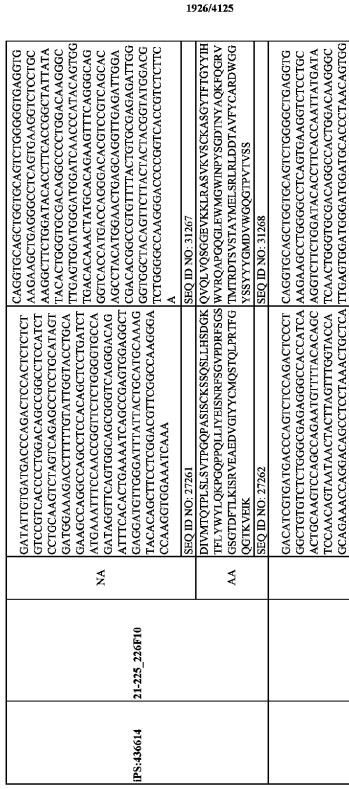
40

50

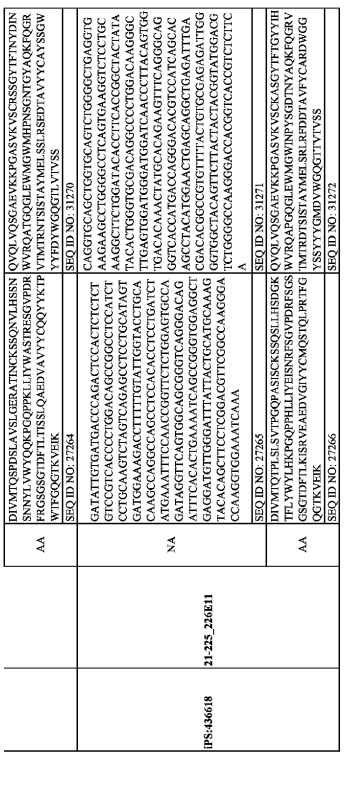
【図５０－１０５０】



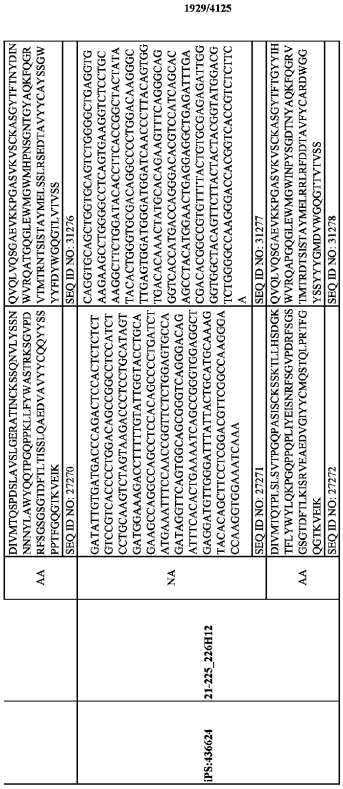
【図５０－１０５１】



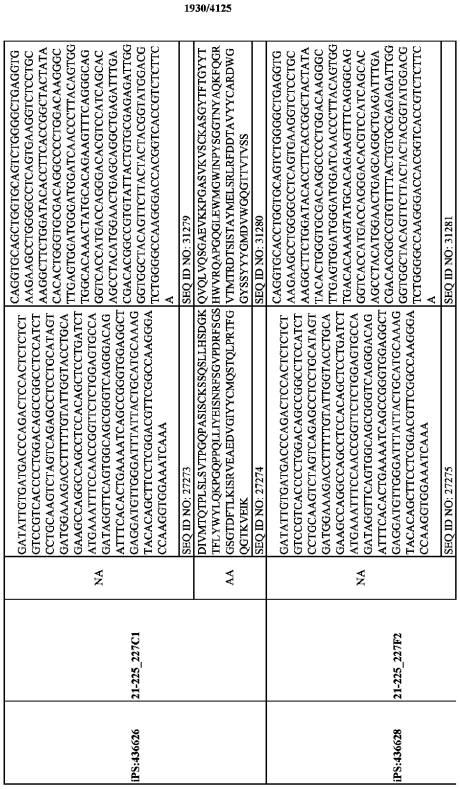
【図５０－１０５２】


1927/4125
FIGURE 50
iPS:436618
21-225_226H11
AA
NA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGK
TFLYWYLQKPGQPPQLLIYEISNRFSGVPDRFSGS
GSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQSTQLPRTFG
QGTKVEIK
SEQ ID NO: 27265
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
ATTCTGCACTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGACAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
SEQ ID NO: 27266
CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CACGGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTGTGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGACAGTTATATGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGTA
TAGCAGCAGCTGGTACGACTACGGTTGGACGTC
TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27272
iPS:436620
21-225_226H11
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSLAEDTAVYYCARDLYSS
TKVEIK
SEQ ID NO: 27274
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
GTCTCAGCCTGGGAGGTTCCTGAGACTCTCCTGTG
CTGCCGGACAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
SEQ ID NO: 27276
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATA
TACACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGAATCAACCCTTACAGTGG
TGACACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAG
GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
AGCCTACATGGAACTGAGCAGGCTGAGATCTGA
GACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGTA
TAGCAGCAGCTGGTACGACTACGGTTGGACGTC
TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27278
iPS:436622
21-225_226H12
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSLAEDTAVYYCARDLYSS
TKVEIK
SEQ ID NO: 27280
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCT
GCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTC
AAGATCTAGACAGAGCCTCCTGCATAGTGATG
GAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCAGAAG
CCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTATGAA
GTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAGACAG
GTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGATTTCA
CACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGAT
GTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAGTACACA
CTTCCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTG
GAGATCAAA
SEQ ID NO: 27282
iPS:436624
21-225_226H12
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSLAEDTAVYYCARDLYSS
TKVEIK
SEQ ID NO: 27284
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCT
GCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTC
AAGATCTAGACAGAGCCTCCTGCATAGTGATG
GAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCAGAAG
CCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTATGAA
GTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAGACAG
GTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGATTTCA
CACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGAT
GTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAGTACACA
CTTCCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTG
GAGATCAAA
SEQ ID NO: 27286
iPS:436626
21-225_226H12
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSLAEDTAVYYCARDLYSS
TKVEIK
SEQ ID NO: 27288
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCT
GCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTC
AAGATCTAGACAGAGCCTCCTGCATAGTGATG
GAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCAGAAG
CCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTATGAA
GTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAGACAG
GTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGATTTCA
CACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGAT
GTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAAGTACACA
CTTCCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTG
GAGATCAAA
SEQ ID NO: 27290
iPS:436628
21-225_226H12
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSLAEDTAVYYCARDLYSS
TKVEIK
SEQ ID NO: 27292
GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCT

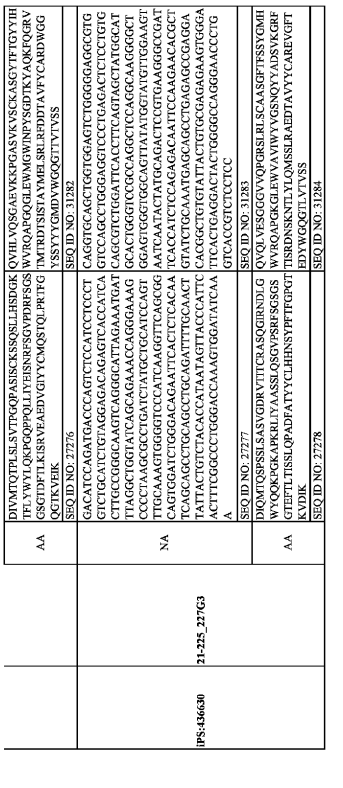
【図５０－１０５４】



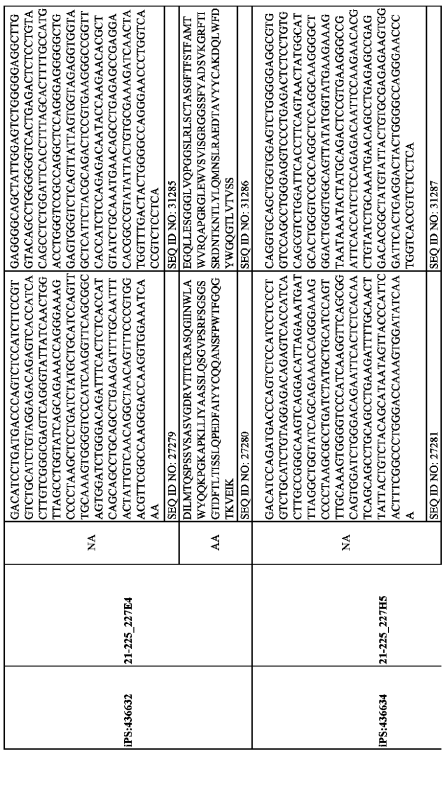
【図５０－１０５５】



【図５０－１０５６】



【図５０－１０５７】



10

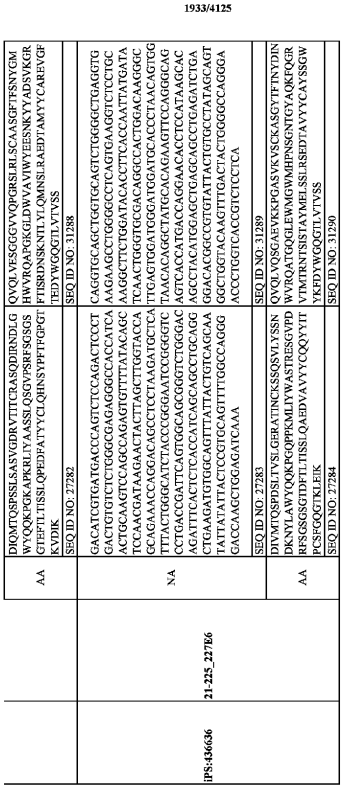
20

30

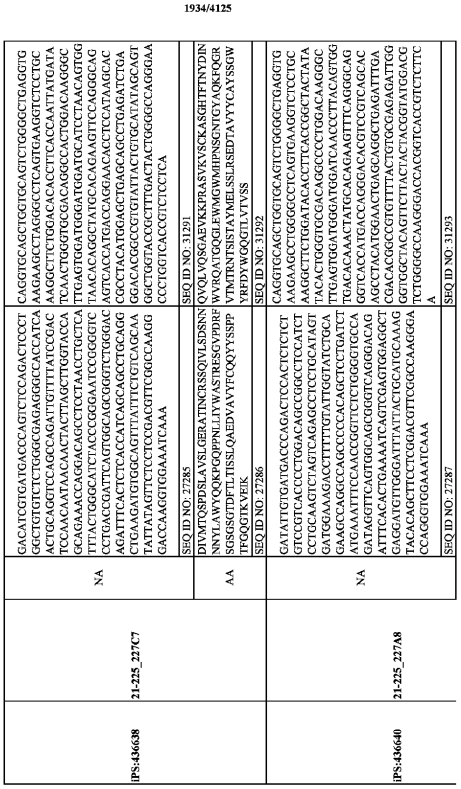
40

50

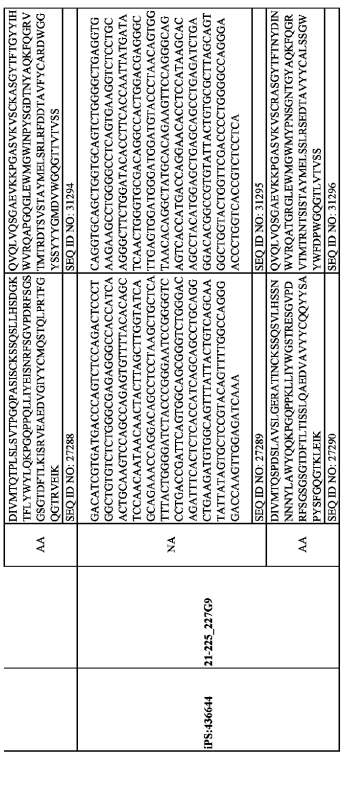
【図５０－１０５８】


1933/4125
FIGURE 50
iPS:436636
21-225_227E6
AA
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPPTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 27282
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGC
TCCAACGATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGATGCTCA
TTGAGTGGATACTCCACCGAGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTGTACAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27284
iPS:436636
21-225_227E6
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
DKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYST
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 27283
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTTGTTTATACTCA
TCCAACGATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTA
TTGAGTGGATACTCCACCGAGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTGTACAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27285
iPS:436638
21-225_227C7
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCRSSQSVLSDSN
NWYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYFCQQYYSSPP
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 27286
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAGGTCCAGCCAGAGTTGTTTATCCGAC
TCCAACGATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACTGCTCTA
TTGAGTGGATACTCCACCGAGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTGTACAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27287
iPS:436640
21-225_227A8
AA
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACAGTGG
TAACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG
AGTCACCATGACCAGGGACACCTCCATAAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA
GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGA
GGCTGGTACAAGTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27288
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA
TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
TTGAGTGGATGGGATGGCACCCTAACAGTGG
TAACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG
AGTCACCATGACCAGGGACACCTCCATAAGCAC
AGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA
GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGA
GGCTGGTACAAGTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 31289
DIVMTQSPDSLTVSLGERATINCKSSQSVLYSSN
DKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYST
PCSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 27284
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLDWVAVIWYEESNKYYADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAMYYCAREVGF
TEDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31288
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
HWVRQAPGKGLDWVAVIWYEESNKYYADSVKGR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAMYYCAREVGF
TEDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31290

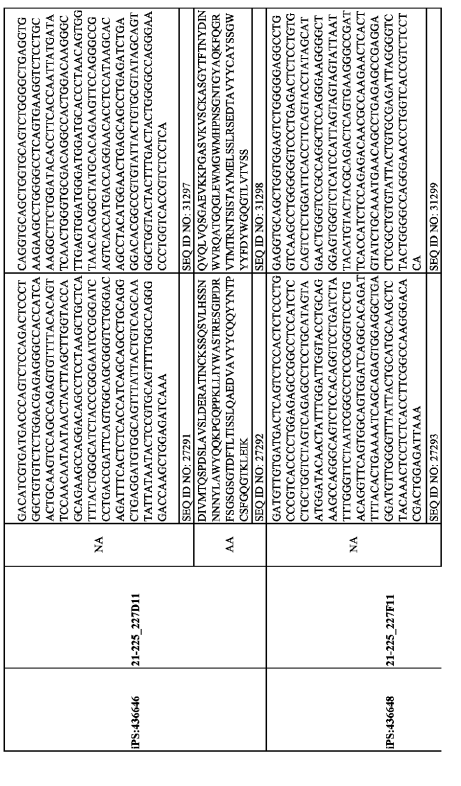
【図５０－１０５９】


1934/4125
FIGURE 50
iPS:436636
21-225_227C7
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCRSSQSVLSDSN
NWYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYFCQQYYSSPP
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 27286
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAGGTCCAGCCAGAGTTGTTTATCCGAC
TCCAACGATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACTGCTCTA
TTGAGTGGATACTCCACCGAGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTGTACAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27285
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCRSSQSVLSDSNN
NWYLAWYQQKPGQPPNLLIYWASTRESGVPDRF
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYFCQQYYSSPP
TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 31292
NA
GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG
CCGTCATCACCCTGGGAGCCGCCTCCATCTC
CTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTCGACAGTA
ATGGATACAACTATTTGGATTGGTACCTGCAG
AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGTTCCTGATCTA
TTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGTCCCTG
ACAGGTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGAT
TTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGA
GGATGTTGGGGTTTATTACTGCACTCAAGCTC
TACAAACTCCTCTCACCTTCGGCCAAGGGACA
CGACTGGAGATTAAA
SEQ ID NO: 27299
iPS:436648
21-225_227F11
AA
DIVMTQSPDSLAVSLDERATINCKSSQSVLHSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGIPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYNTP
CSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 27292
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGAGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATAATAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAGCCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTC
CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAATACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27291
DIVMTQSPDSLAVSLDERATINCKSSQSVLHSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGIPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYNTP
CSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 31298
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGAGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATAATAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAGCCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTCC
CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAAT
ATTATAGTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGG
ACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27293

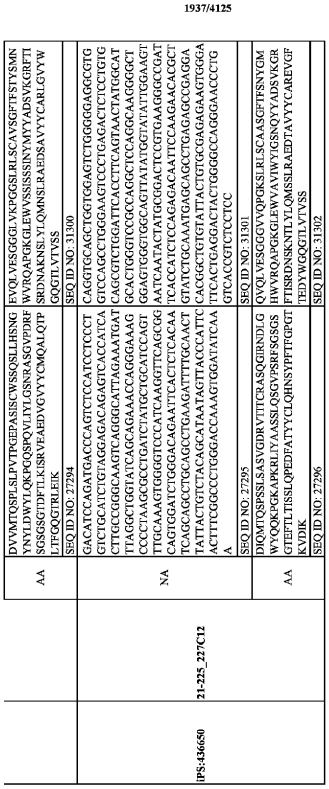
【図５０－１０６０】


1935/4125
FIGURE 50
iPS:436644
21-225_227G9
AA
DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGK
TFLYWYLQKPGQPPQLLIYEISNRFSGVPDRFSGS
GSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQSTQLPRTFG
QGTRVEIK
SEQ ID NO: 27289
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGAGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATAATAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAGCCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTCC
CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTGTACAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27290
iPS:436644
21-225_227G9
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPD
RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTP
YTFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 31295
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGAGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATAATAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAGCCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTCC
CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTGTACAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27296

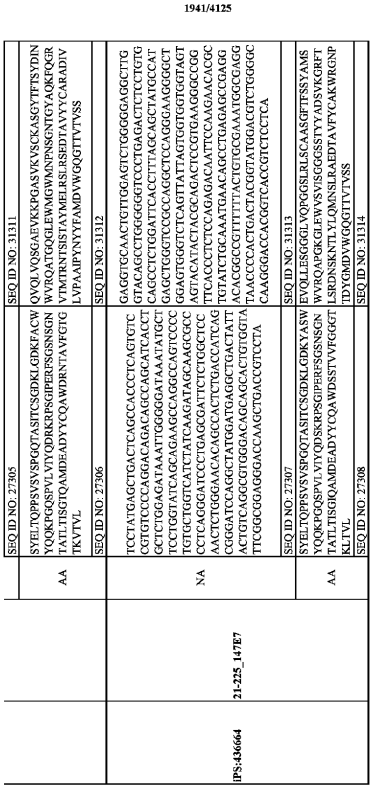
【図５０－１０６１】


1936/4125
FIGURE 50
iPS:436646
21-225_227D11
AA
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGIPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTP
CSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 27297
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGAGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATAATAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAGCCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTCC
CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAATACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27294
iPS:436646
21-225_227D11
AA
DIVMTQSPDSLAVSLDERATINCKSSQSVLHSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGIPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYNTP
CSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 27292
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGAGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATAATAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAGCCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTCC
CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCTGTACAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27295
iPS:436648
21-225_227F11
AA
DIVMTQSPDSLAVSLDERATINCKSSQSVLHSSN
NNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGIPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYNTP
CSFGQGTKLEIK
SEQ ID NO: 31297
NA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGAGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGT
TCCAACAATAATAACTACTTAGCTTGGTACCA
GCAGAAGCCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCA
TTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGGGGTCC
CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGC
TGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
TATTATAGTACTCCGTGCAGTTTTGGCCAGGG
GACCAAGCTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27299

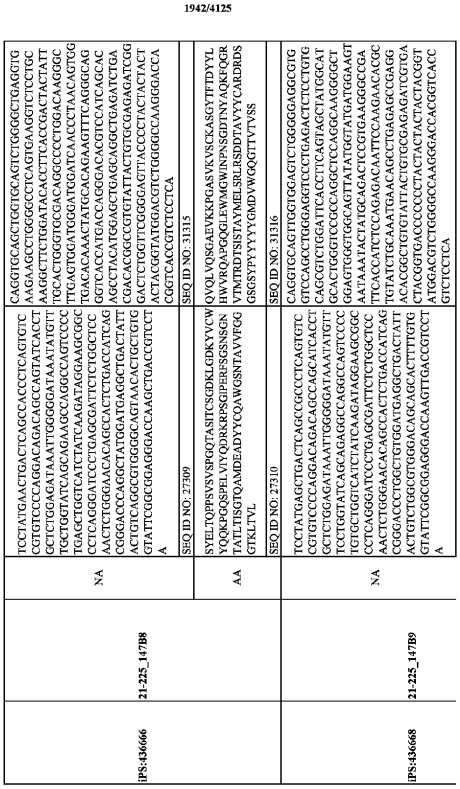
【図５０－１０６２】


1937/4125
FIGURE 50
iPS:436650
21-225_227C12
AA
NA
AA
DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNG
YNYLDWYLQKPGQSPQVLIYLGSNRASGVPDRF
SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTP
LTFGQGTRLEIK
SEQ ID NO: 27294
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 27295
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS
GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGQG
KVDIK
SEQ ID NO: 27296
DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCWSSQSLLHSNG
YNYLDWYLQKPGQSPQVLIYLGSNRASGVPDRF
SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTP
LTFGQGTRLEIK
SEQ ID NO: 27297
DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCWSSQSLLHSNG
YNYLDWYLQKPGQSPQVLIYLGSNRASGVPDRF
SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCAKWRGNP
LTFGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27300
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAATCCTCCCT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGAT
TTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCCAATCCAGT
TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCCAGCGG
CAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACAA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACT
TATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 27301
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYASW
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGIQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27302
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYASW
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGIQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27303
QSVLTQPPSTSGTPGQRVTISCSGSSSNIGNTVD
WYQQLPGTAPKLLIYSNNQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGVVF
GGGTKLTVL
SEQ ID NO: 27304
TCCTATGAGTTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
TGGAGCACCCTGGGCAGAGGTCACCATCTCTT
GTTCTGGAAGCAGCTCCTACATCGGAAGTAAT
ACTGTAGACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAAC
GGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGTAATAATC
AGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCT
GGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCTGGC
CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAAGATGAGGCTG
ATTATTACTGTGCAGCATGGGATGACAGCCTT
AATGGCGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAACT
GACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27305
TCCTATGAGTTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
TGGAGCACCCTGGGCAGAGGTCACCATCTCTT
GTTCTGGAAGCAGCTCCTACATCGGAAGTAAT
ACTGTAGACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAAC
GGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGTAATAATC
AGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCT
GGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCTGGC
CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAAGATGAGGCTG
ATTATTACTGTGCAGCATGGGATGACAGCCTT
AATGGCGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAACT
GACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27306
GAGGTGCAACTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCC
ATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGG
CTGGAGTGGGTCTCAGTTATTAGTGGTGGTGGT
AGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAAGATGGG
GGAGTGGTTCTCAGTTATTAGTGGTGGTGGTAGT
G

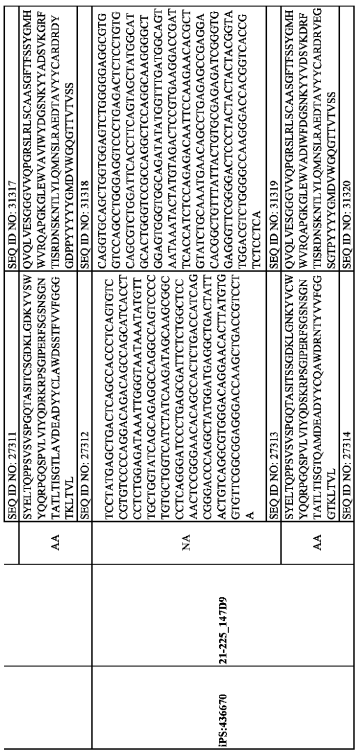
【図５０－１０６６】



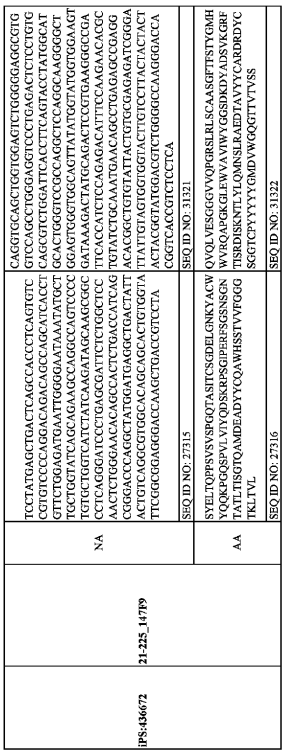
【図５０－１０６７】



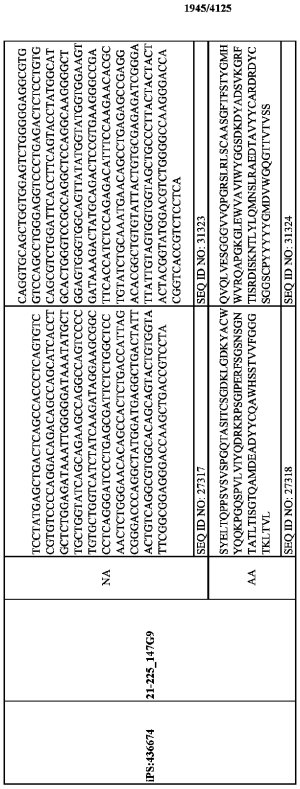
【図５０－１０６８】



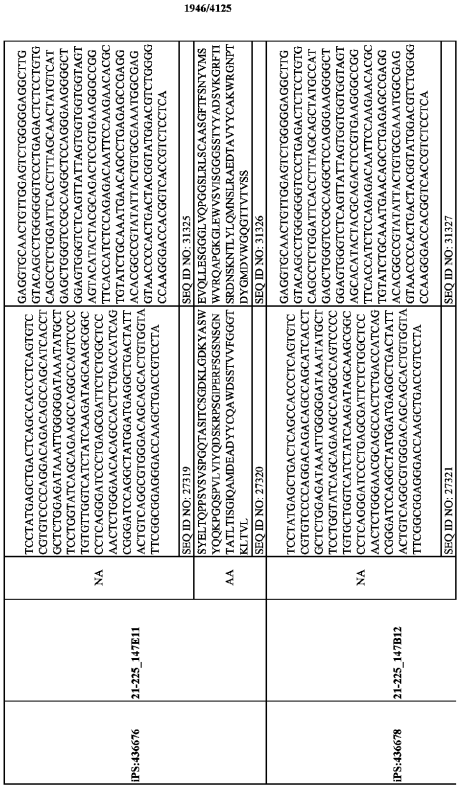
【図５０－１０６９】



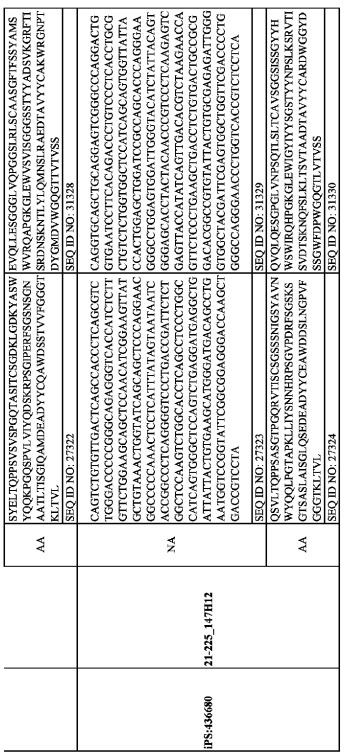
【図５０－１０７０】



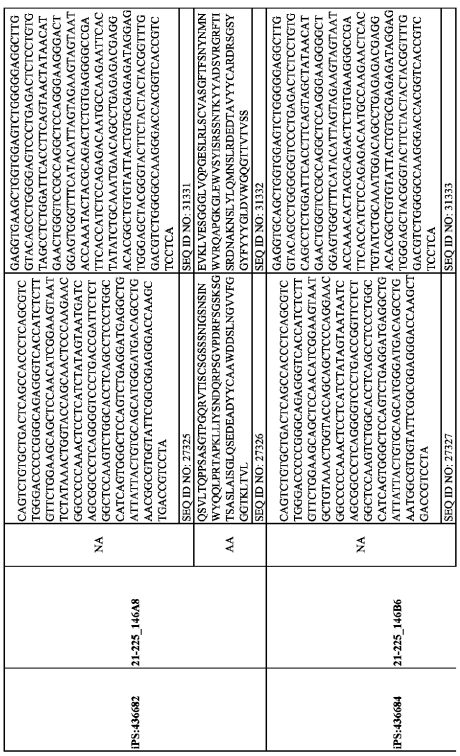
【図５０－１０７１】



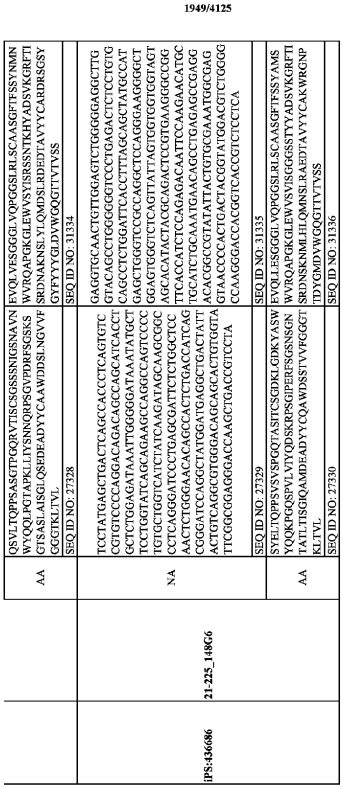
【図５０－１０７２】



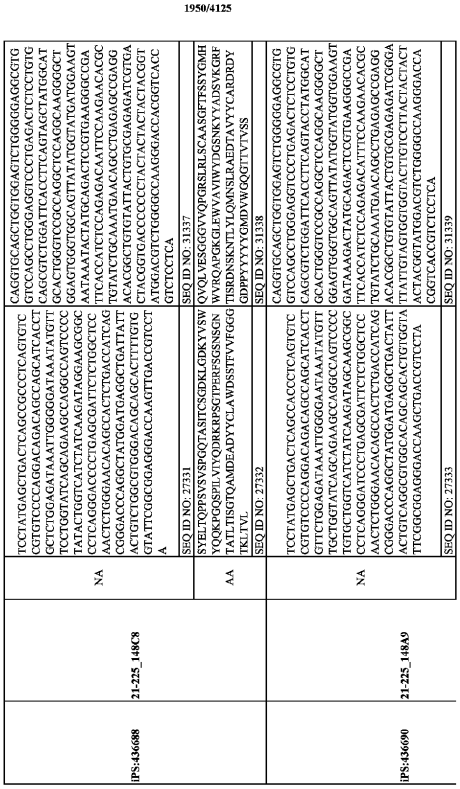
【図５０－１０７３】



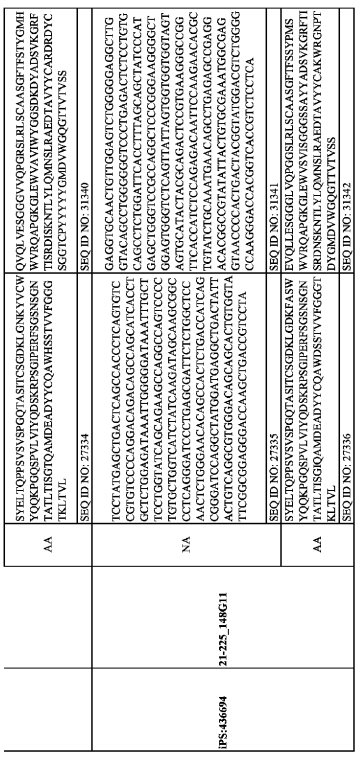
【図５０－１０７４】



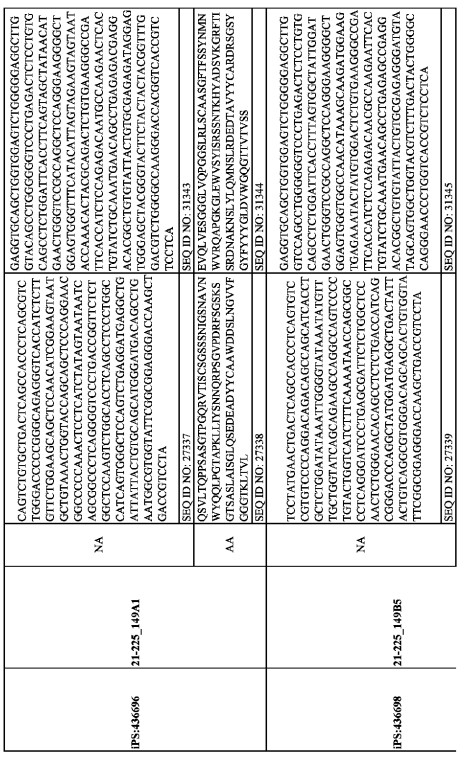
【図５０－１０７５】



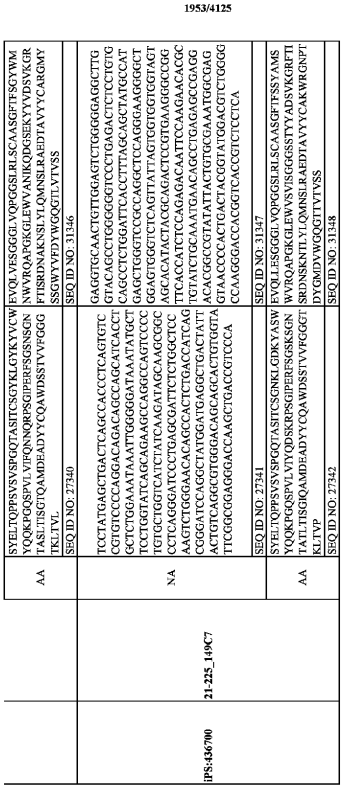
【図５０－１０７６】



【図５０－１０７７】

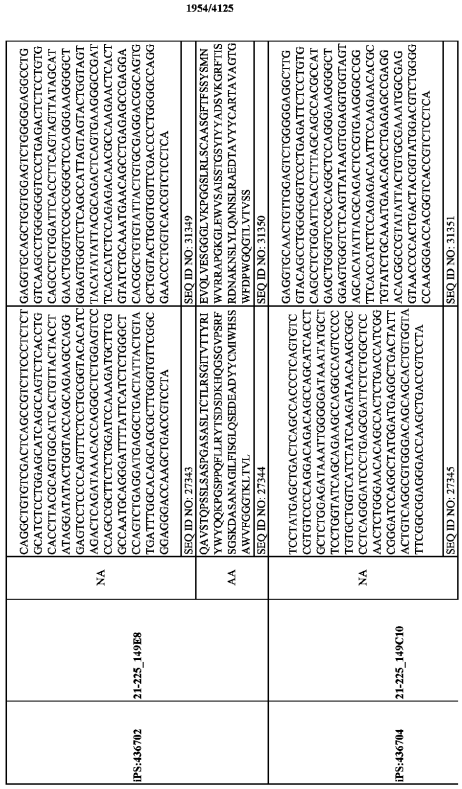


【図５０－１０７８】



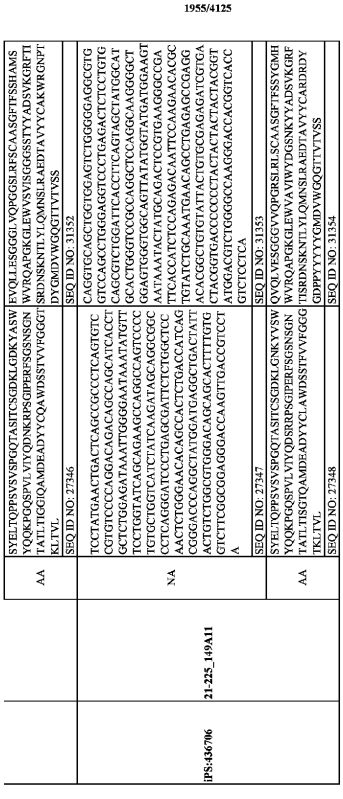
iPS:436700	21-225_149C7	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGYKLGYKYVCW YQQKPGQSPVLVIFQNNQRPSGIPERFSGSNSGN TASLTIGGIQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGG TKLTVL	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSGYWM NWVRQAPGKGLEWVANIKQDGSEKYYVDSVKGR FTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGMY SSGWYYFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 27340	SEQ ID NO: 31346
		NA	TCCTATGAAGTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT GCTCTGGAAATAAATTGGGGGATAAATATGCT TCCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAGCAAGCGGC AATAAATACTATGCCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC AAGTCTGGGAACACAGCCACCTCGACCATCAG CGGGATCCAGGCTATGAGGCTGACTATT ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCCA	GAGGTGCAACTGTTGGAGTCTGGGGGAGCCTTG GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCAT GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCATTAGTGGTGGTGGTAGT ACACAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGCCGG TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAATGGCGAG GTAACCCCACTGACTACGGTATGGACGTCTGGGG CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 27341	SEQ ID NO: 31347
		AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGNKLGDKYASW YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSKSGN WVRQAPGKGLEWVSVISGDGSSTYYADSVKGRFTI TAILTISGIQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGT KLTVP	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSGITYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRQNPT DTGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27342	SEQ ID NO: 31348

【図５０－１０７９】



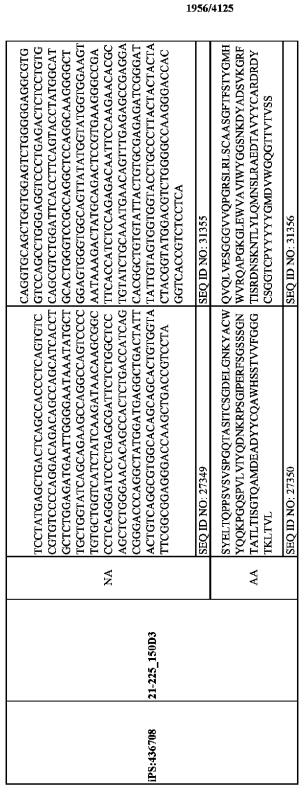
iPS:436702	21-225_149E8	NA	CAGGCTGTGTCGACTCAGCCGTCTTCCCTCTCT GCATCTCCTGGAGGATCAGGCAGTCTCACCTG CACCTTACGCAGTGGCATCACTGTTACTACCT ATAGGATATCTGGTACCAGCAGAAGCCAGG GAGTCTCCCCCAGTTTCTCTGCGGTACACATC AGACTCAGATAAACACACGGCCTCTGGAGTCC GCCAATGCAGGGATTTTATTCATCTCTGGCT CCAGGCTGTGTATTACTGTGCGAGGACCGGTG TGATTTGGCACAGCGCTGGGGTGTTCGGC GGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTCA	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGCCTG GTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGTTATAGCAT GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCAGCCATTAGTAGTAGTAGT TACATATATTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT TCACCATCTCCAGAGACAACGCCTATGAAGCTCAT CCACTGTGTATTACTGTGCGAGGACCGGGTG CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGGACCGGTG TCACCATCTCCAGAGACAACGCCTATGAAGCTCAT CCACTGTGTATTACTGTGCGAGGACCGGTG GCTGGTACTGGGTTCGACCCCTGGGGCCAGG GAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 27343	SEQ ID NO: 31349
		AA	QAVSTQPSLSASPGASASLTCTLRSGITVTYRI YWYTQKPGSPPQFLLRYESDSKQQSGVPSRF SGSKDASANAGILFISGLQSEDEADYYCMIWHSS RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARTAVAGTG AWVFGGGTKLTVL	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN WVRRAPGKGLEWVSAISSTGSTIYYADSVKGRFTIS WFDPWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 27344	SEQ ID NO: 31350
		NA	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT GCTCTGGAAATAAATTGGGGGATAAATATGCT TCCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAAGCGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC AACTCTGGGAACACAGCCACCTCGACCATCAG CGGGATCCAGGCTATGAGGCTGACTATT ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA	GAGGTGCAACTGTTGGAGTCTGGGGGAGCCTTG GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGCCAT GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCATTAGTGGTGGTGGTAGT TCCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC GGAGTGGGTCTCATTAGTGGTGGTGGTAGT ACACAATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC AACTCTGGGAACACAGCCACCTCGACCATCAG CGGGATCCAGGCTATGAGGCTGACTATT ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
			SEQ ID NO: 27345	SEQ ID NO: 31351

【図５０－１０８０】



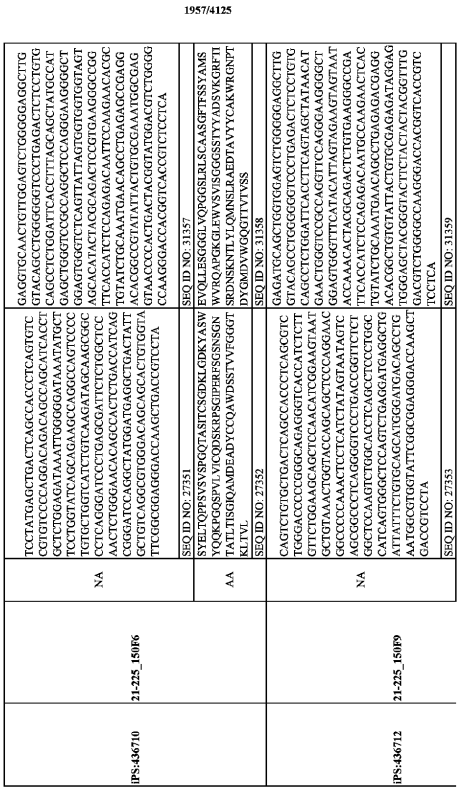
iPS:436706	21-225_149A11	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYASW YQQKPGQSPVLVIYQDSRRPSGIPERFSGSNSGN TAILTIGGIQAMDEADYYCLAWDSSTVVFGGGT KLTVL	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRDY GDPPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27347	SEQ ID NO: 31351
		NA	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT GCTCTGGAGATGAAATTGGGGATAAATATGCT TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAACAAGCGGC AATAAAGACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC TGTATCTGCAAATGAACAGTTTGAGAGCCGAGGA CGGGACCCAGGCTATGAGGCTGACTATT ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGGAAGT AATAAAGACTATGCAGACTCCGTGAAGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CAGGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGGGA TACTTGTGGGGAGCTACTACTACTACGGT ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC GTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 27348	SEQ ID NO: 31354

【図５０－１０８１】

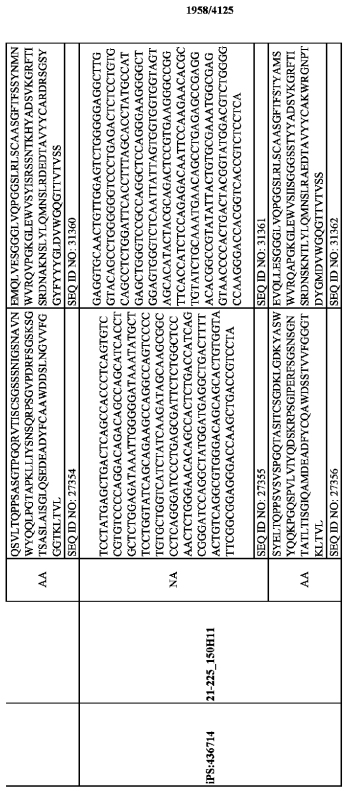


iPS:436708	21-225_150D3	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDELGNKYACW YQQKPGQSPVLVIYQNNKRPSGIPERFSGSSSGN TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGG TKLTVL	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSTYGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKDYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRDY CSGGTCPYYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27349	SEQ ID NO: 31355
		NA	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT GCTCTGGAGATGAAATTGGGGATAAATATGCT TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAACAAGCGGC AATAAAGACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC TGTATCTGCAAATGAACAGTTTGAGAGCCGAGGA CGGGACCCAGGCTATGAGGCTGACTATT ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTATGGAAGT AATAAAGACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA CGGGATCCAGGCTATGAGGCTGACTATT ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
			SEQ ID NO: 27350	SEQ ID NO: 31356

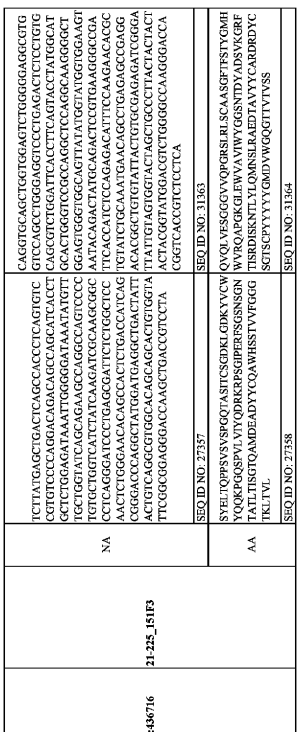
【図５０－１０８２】



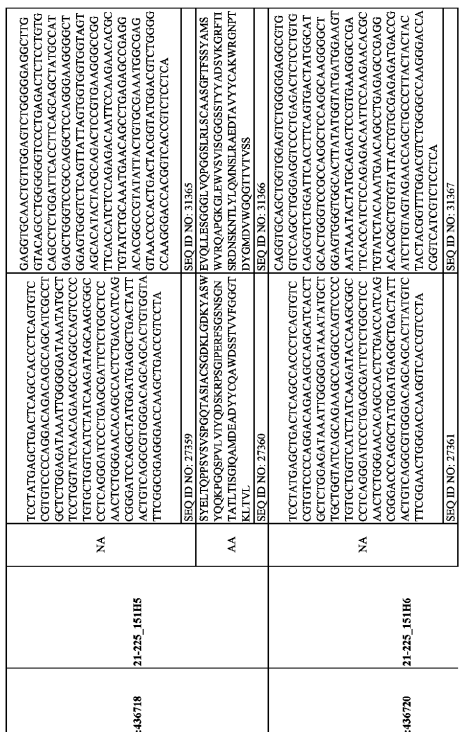
【図５０－１０８３】



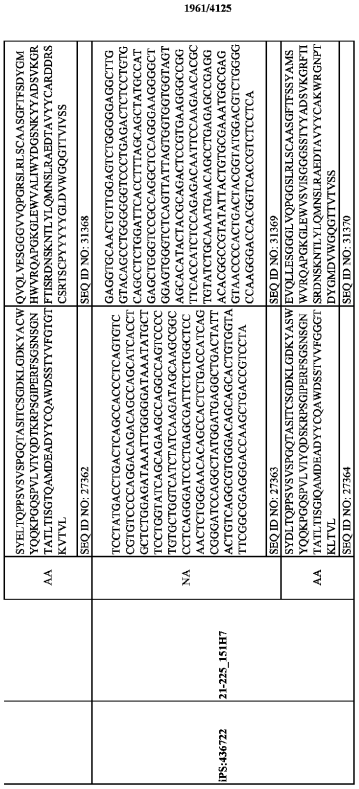
【図５０－１０８４】



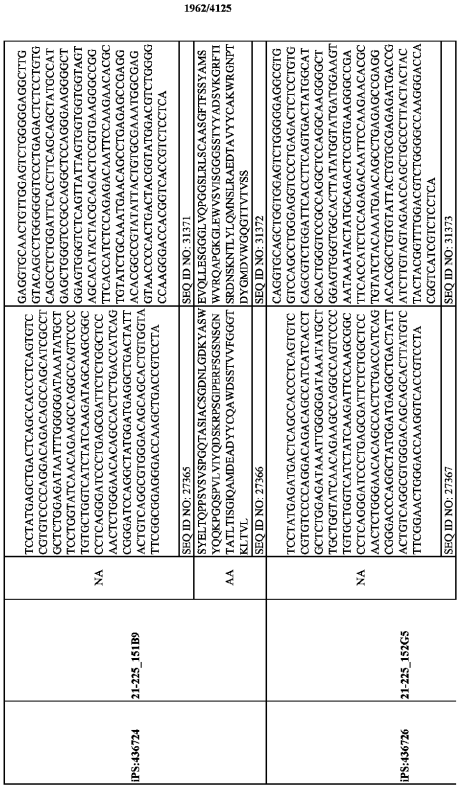
【図５０－１０８５】



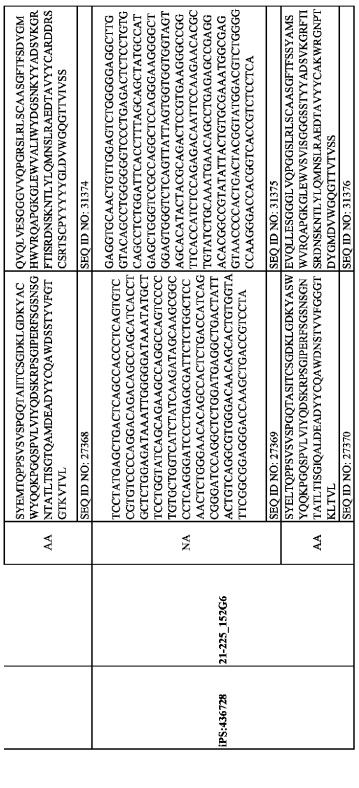
【図５０－１０８６】



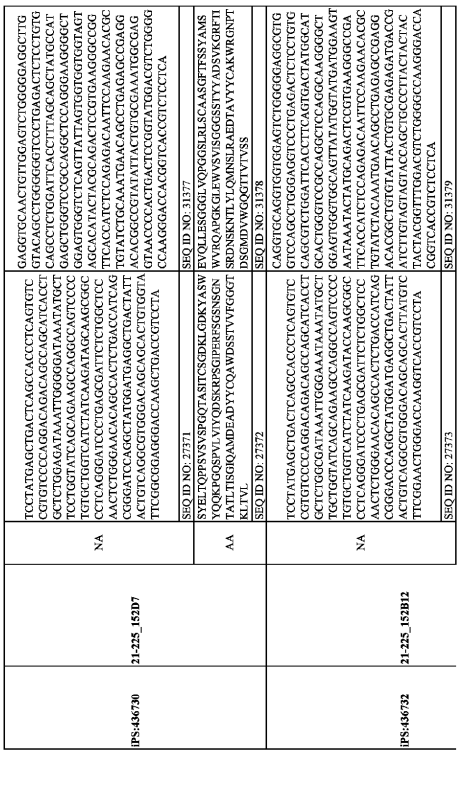
【図５０－１０８７】



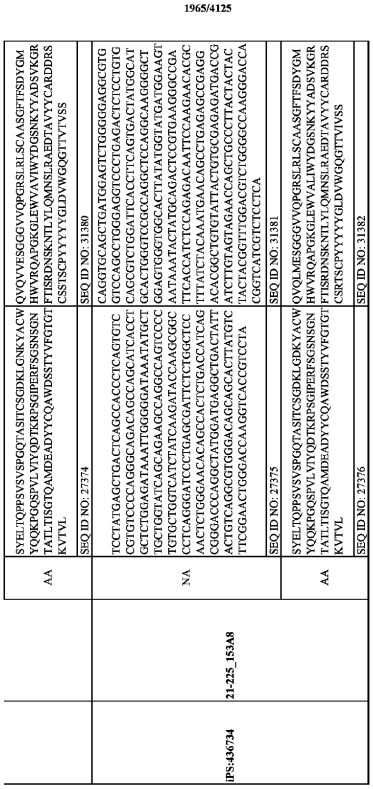
【図５０－１０８８】



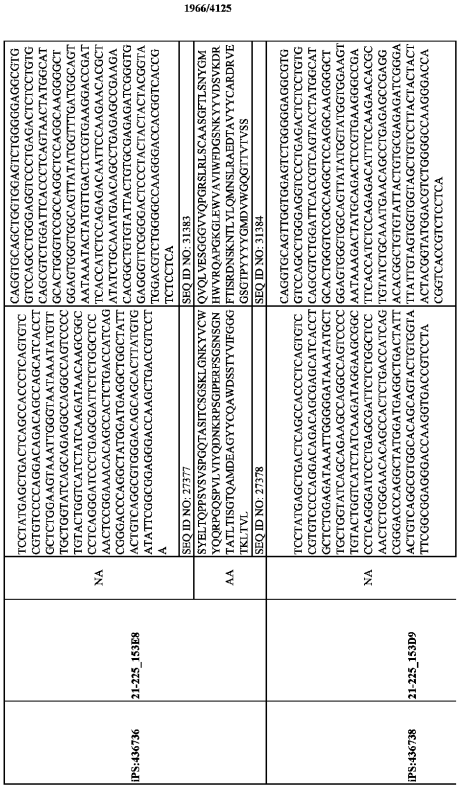
【図５０－１０８９】



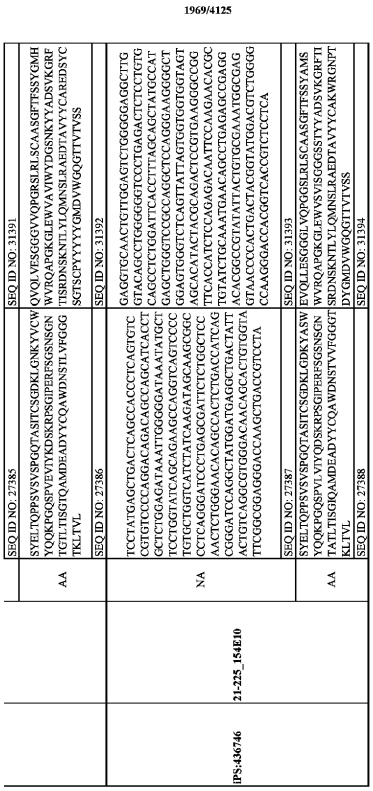
【図５０－１０９０】



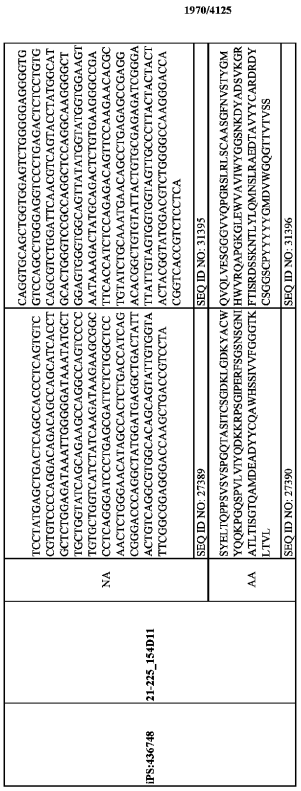
【図５０－１０９１】


1966/4125
FIGURE 50
IPS:436736
21-225_153E8
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVCW
YQQRPGQSPVLVIYQDNKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFEGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27377
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTLSNYGM
HWVRQAPGKGLEWVAVIWFDGSNKYYVDSVKDR
FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRVE
GSGTPYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 31384
NA
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAAGTAAATTGGGGATAAATATGTT
TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
CCTCAGGGATCCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
CGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACACTTATGTG
TTCGGCGGAGGGACCAAGGTCACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27378
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTCAGTAACTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGATGATGGAAGTA
ATCATTGGTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATT
CACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTG
TTTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGACCG
GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGATGATGGAAGTA
ATCATT

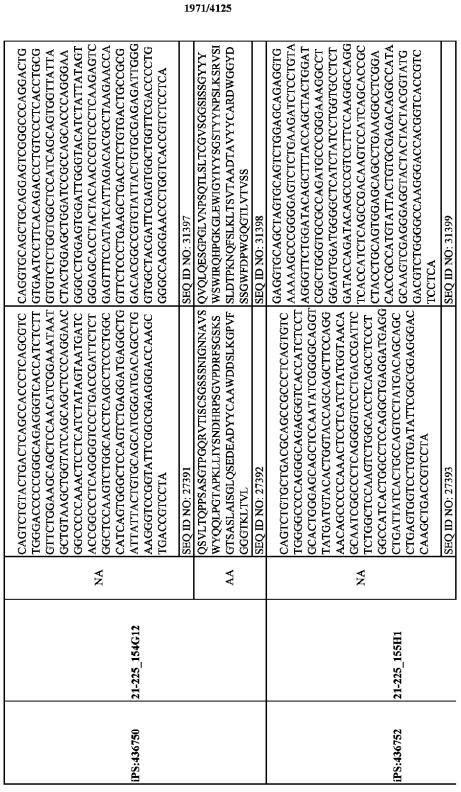
【図５０－１０９４】



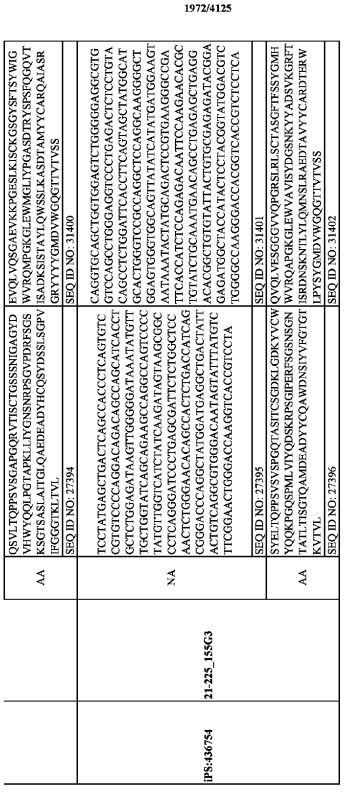
【図５０－１０９５】



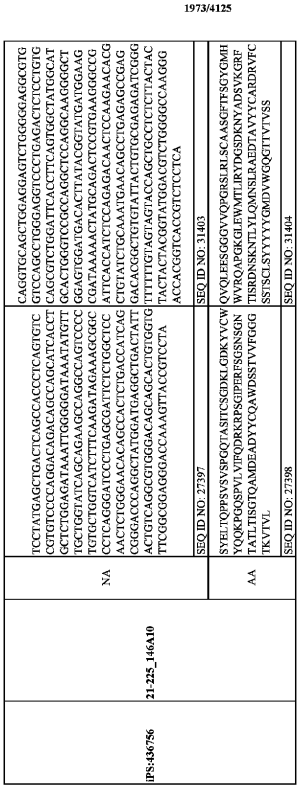
【図５０－１０９６】



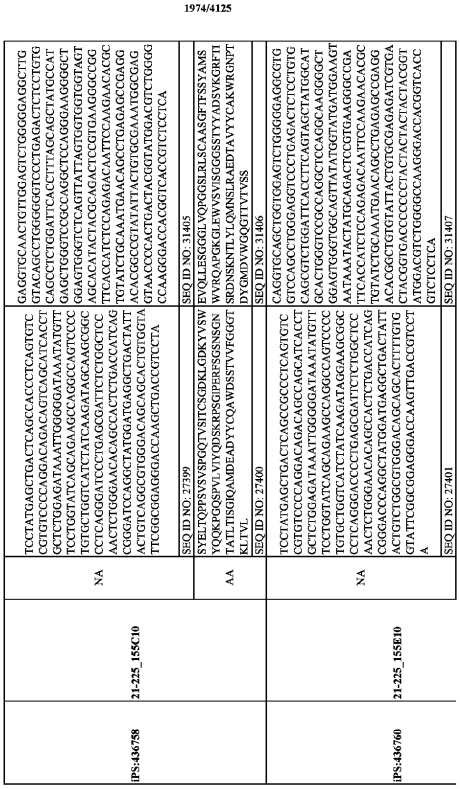
【図５０－１０９７】



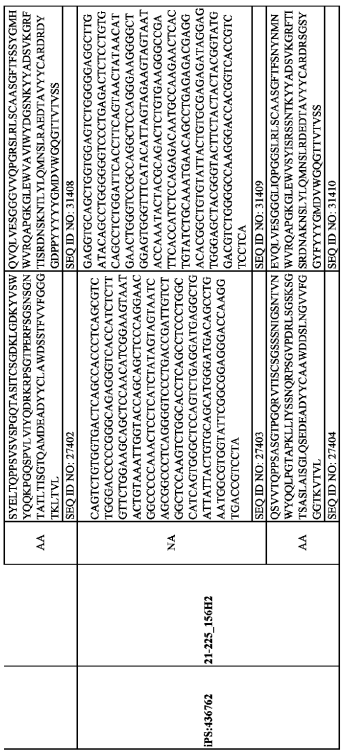
【図５０－１０９８】



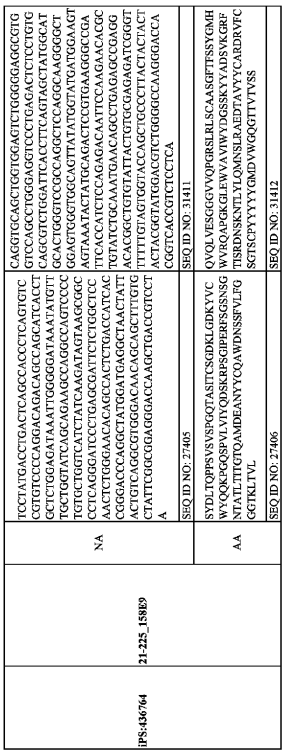
【図５０－１０９９】



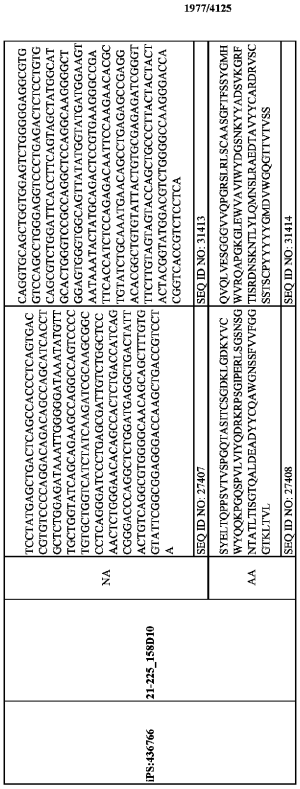
【図５０－１１００】



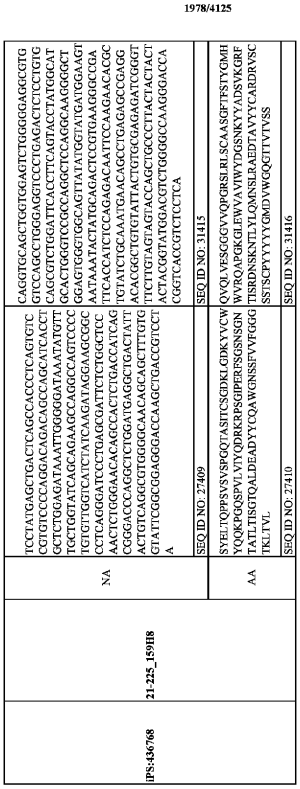
【図５０－１１０１】



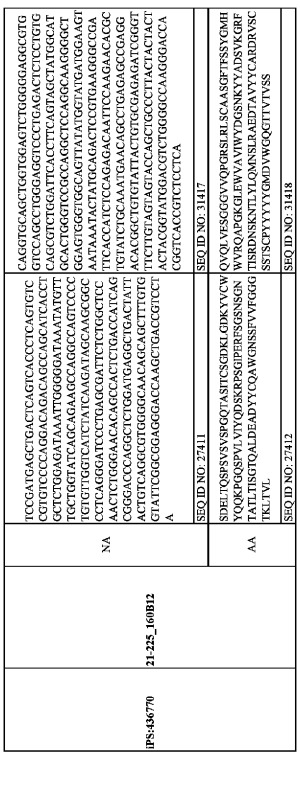
【図５０－１１０２】



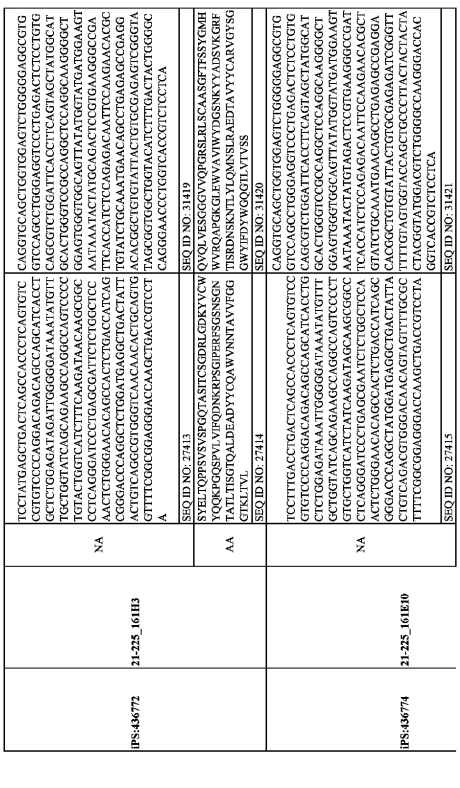
【図５０－１１０３】



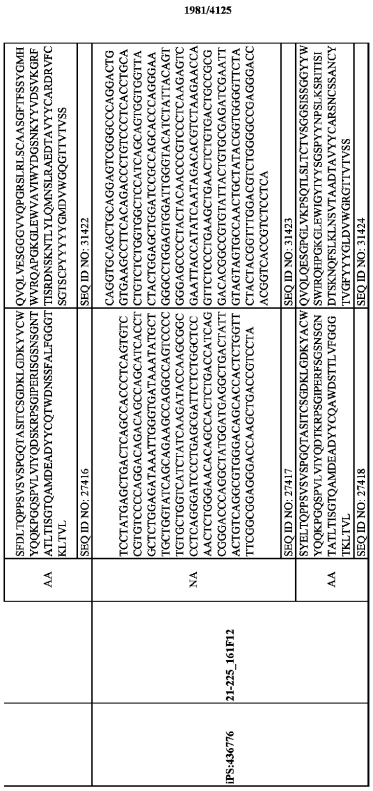
【図５０－１１０４】



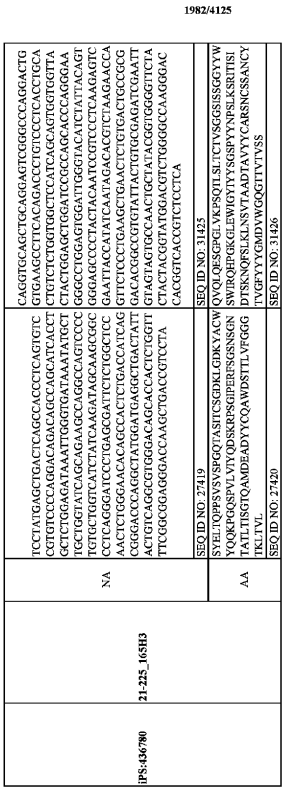
【図５０－１１０５】



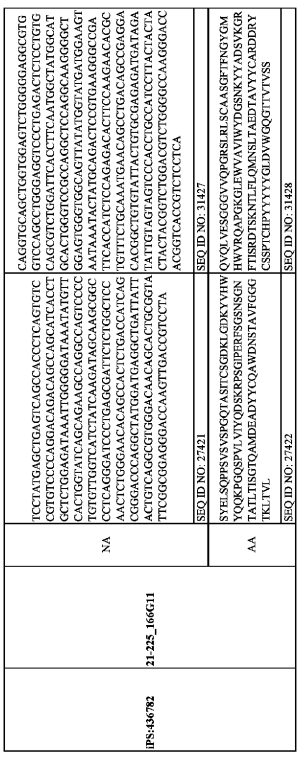
【図５０－１１０６】



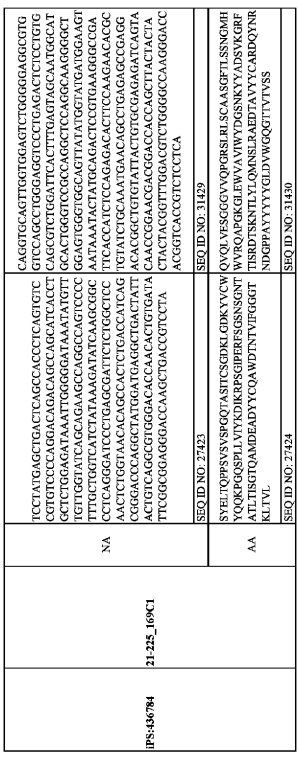
【図５０－１１０７】



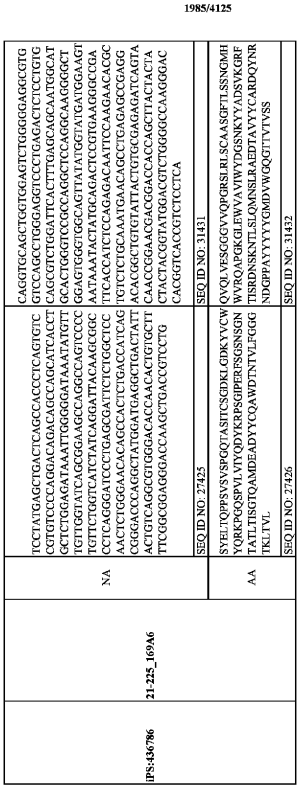
【図５０－１１０８】



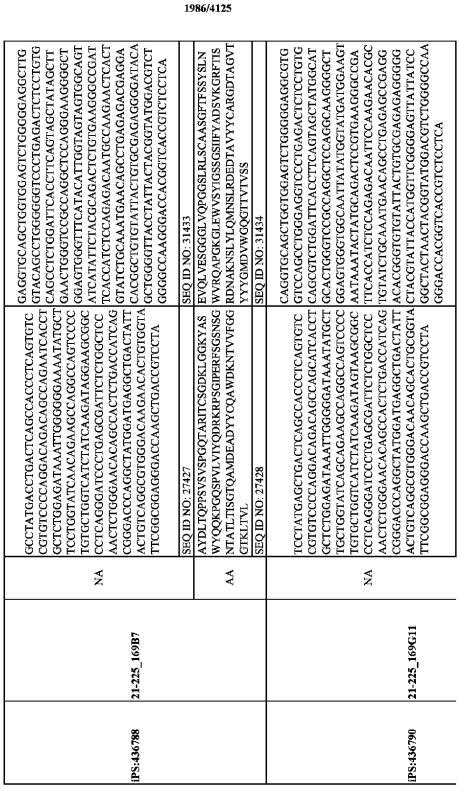
【図５０－１１０９】



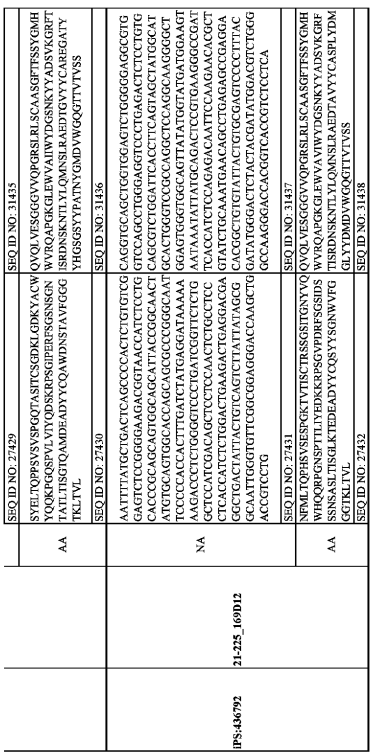
【図５０－１１１０】



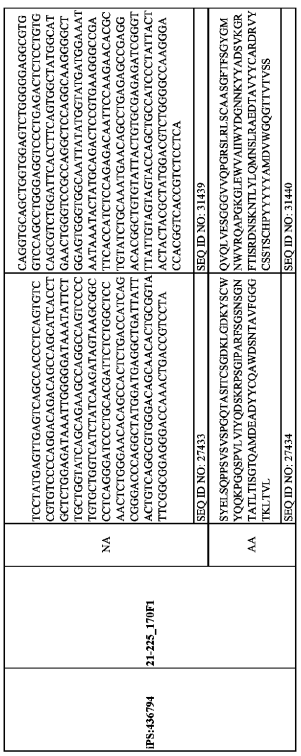
【図５０－１１１１】



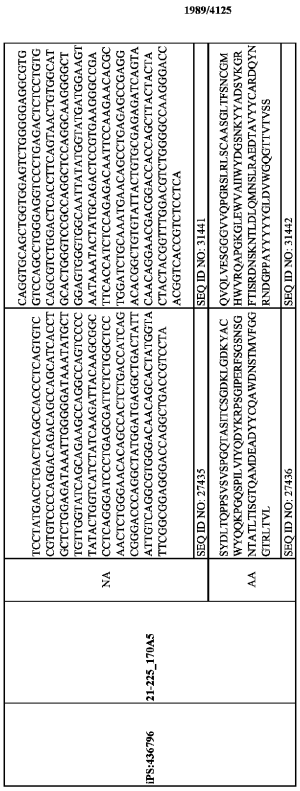
【図５０－１１１２】



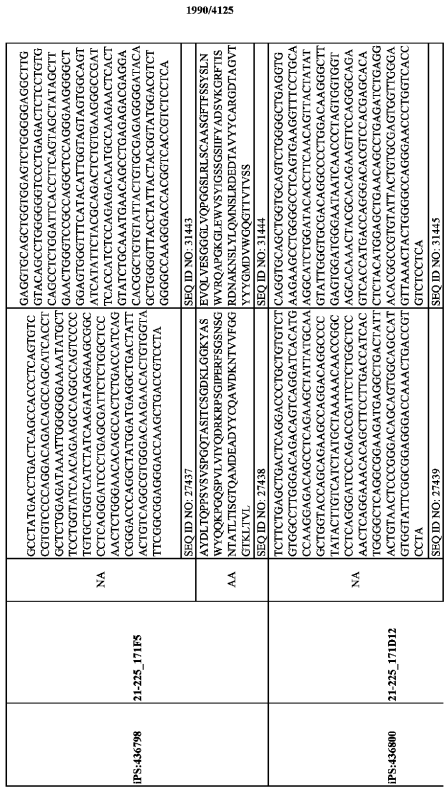
【図５０－１１１３】



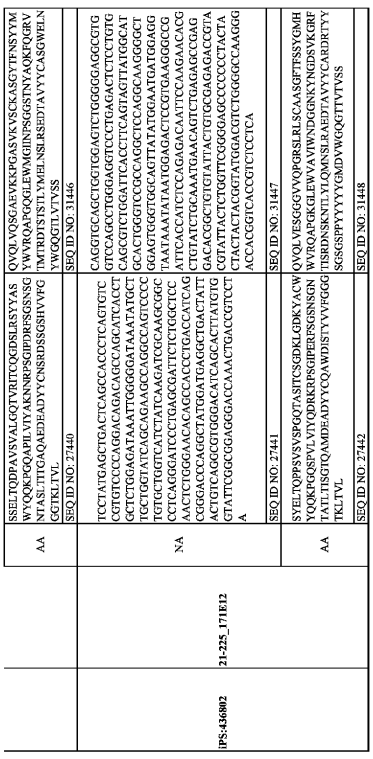
【図５０－１１１４】



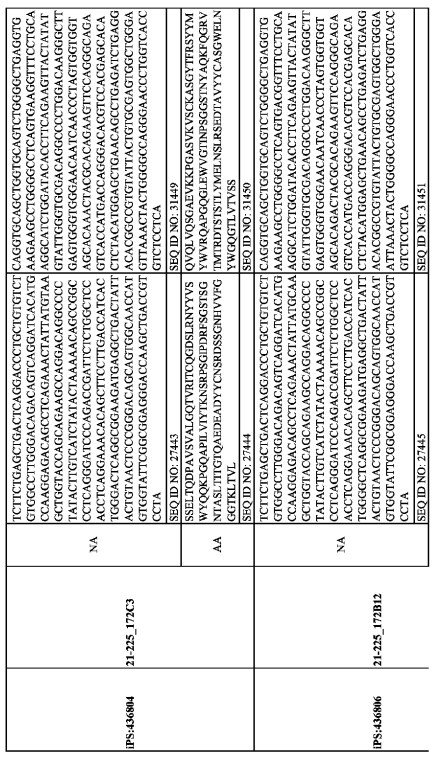
【図５０－１１１５】



【図５０－１１１６】



【図５０－１１１７】



10

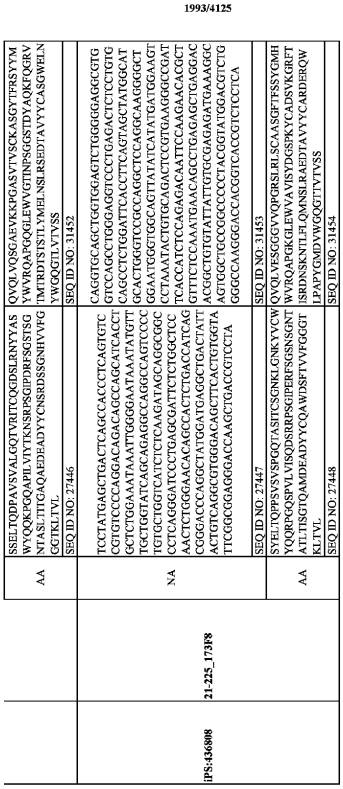
20

30

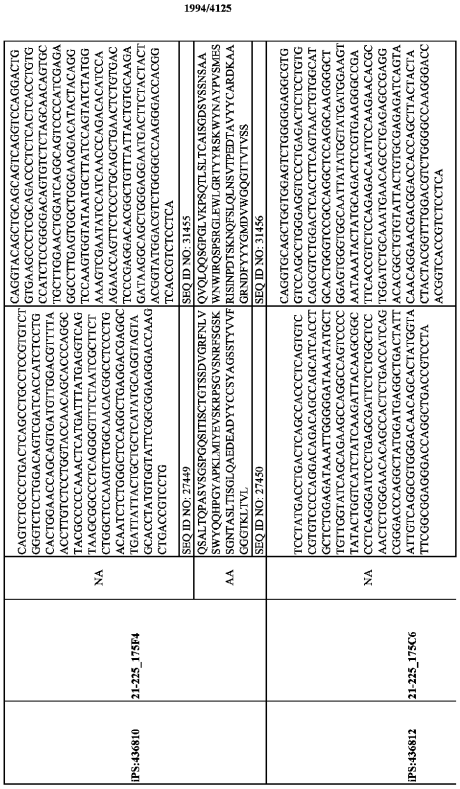
40

50

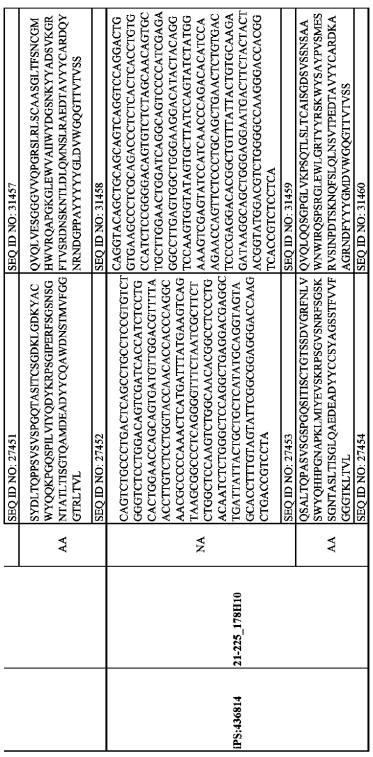
【図５０－１１１８】



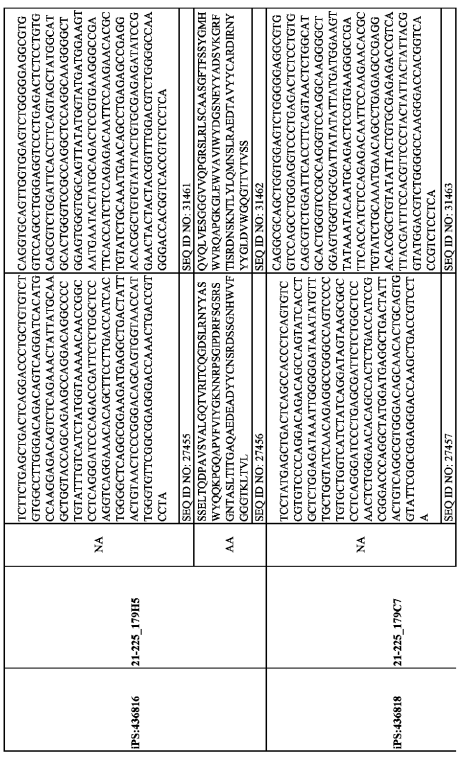
【図５０－１１１９】



【図５０－１１２０】



【図５０－１１２１】



10

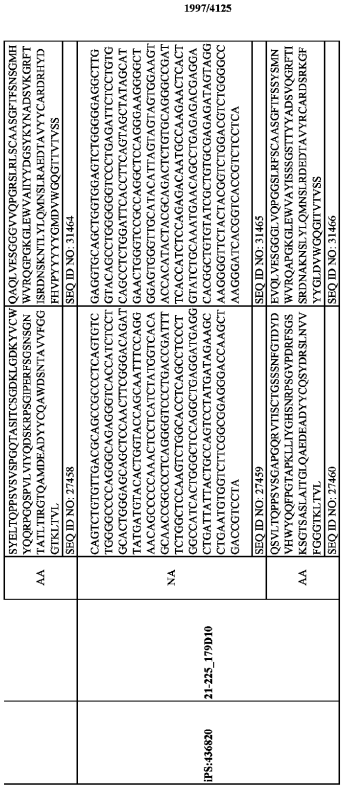
20

30

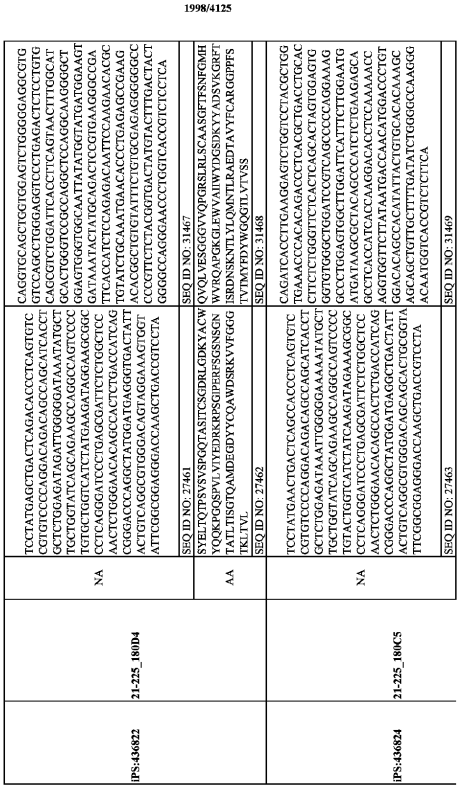
40

50

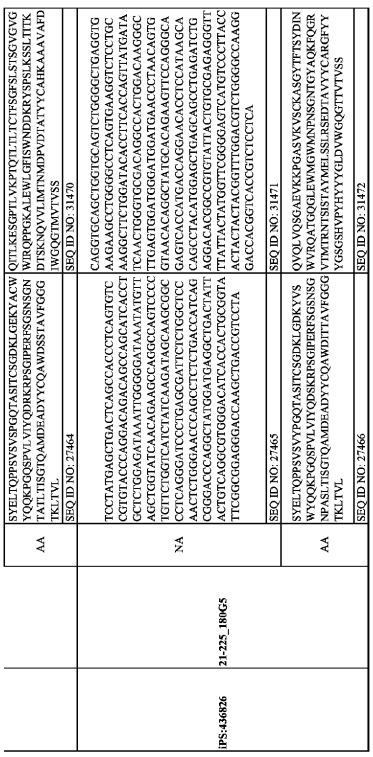
【図５０－１１２２】



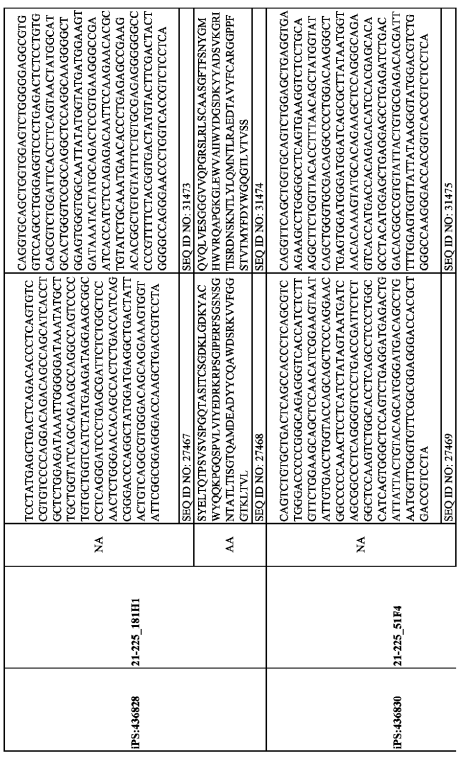
【図５０－１１２３】



【図５０－１１２４】



【図５０－１１２５】



10

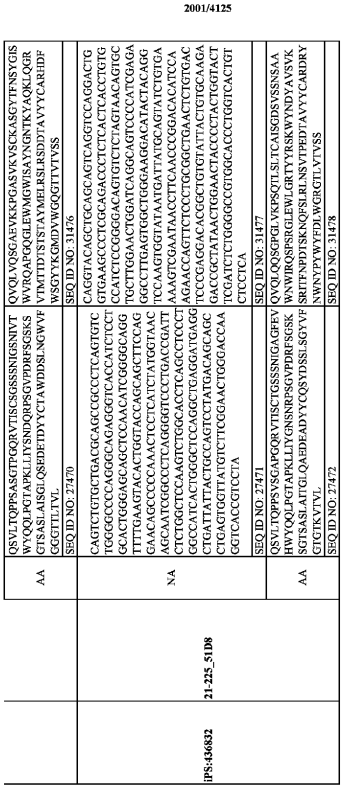
20

30

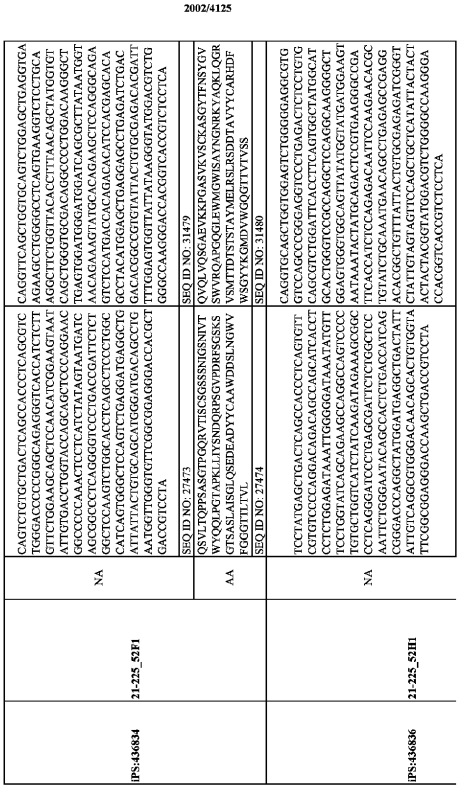
40

50

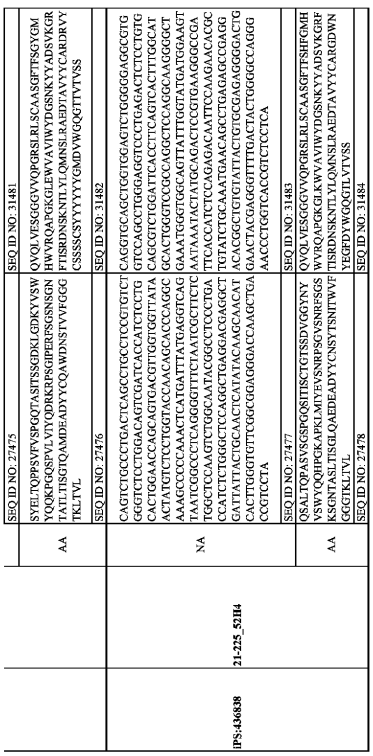
【図５０－１１２６】



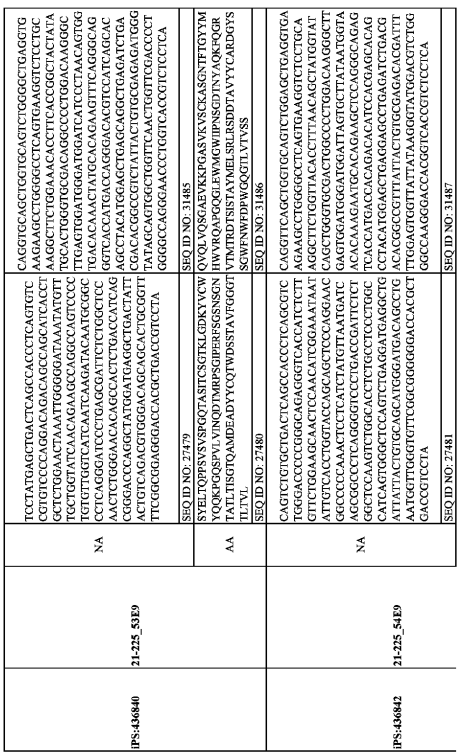
【図５０－１１２７】



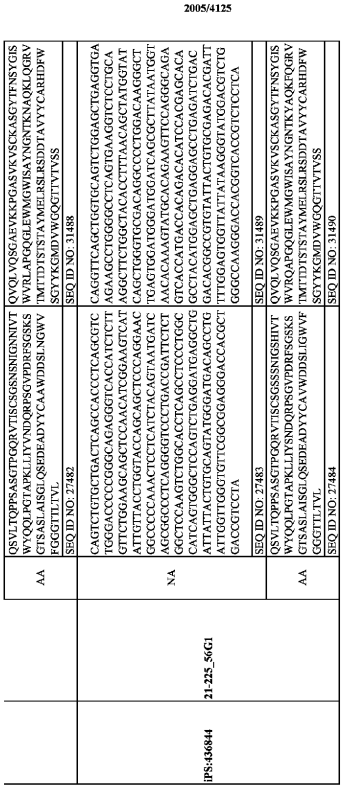
【図５０－１１２８】



【図５０－１１２９】

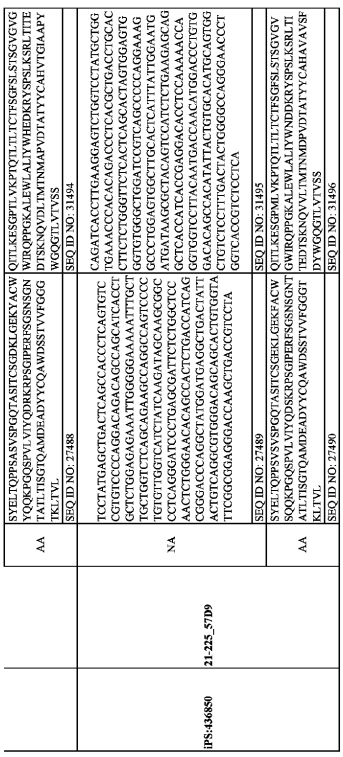


【図５０－１１３０】


2005/4125
FIGURE 50
iPS:436844
21-225_56G1
AA
NA
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSNSNIGNNIVT
WYQQLPGTAPKLLIYYNDQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGWV
FGGGTTLTVL
SEQ ID NO: 27482
CAGATCTGTTGCTGATCTAGCCACCCTCAGGTC
TGGGACCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTT
GTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTCAT
ATTGTTACCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAAC
GCCCCCAAACTCCTCATCTATCAGTAATGATC
ATGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCT
GGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCTGGC
CATCAGTGGGCTCCATGGAGGTGAGGATGAGGCTG
ATTATTACTGTGCAGTATGGGATCAGCCTG
ATTGGTTGGGTGTTCGGCGGAGGGACCACGCT
GACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27483
SEQ ID NO: 27484
iPS:436846
21-225_56I3
AA
NA
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNTVT
WYQQLPGTAPKLLIYSNNQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGWVF
FGGGTTLTVL
SEQ ID NO: 27485
CAGATCTGTTGCTGATCTAGCCACCCTCAGGTC
TGGGACCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTT
GTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAAT
ATTGTTACCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAAC
GCCCCCAAACTCCTCATCTATAGTAATAATCG
ACCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCT
GGCTCCAAGTCTGGCACCTCCTCCTGGC
CATCAGTGGACTCCGAGCTCAGGCCTG
ATTATTGCTGTGCAGCATGGGATCAGCCTG
AATGGTTGGGTGTTCGGCGGAGGGACCACGCT
GACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27487
SEQ ID NO: 31489
QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSHTVT
WYQQLPGTAPKLLIYSNDQRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLDGWVF
FGGGTTLTVL
SEQ ID NO: 27484
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGIS
WVRQLPGQGLEWMGWISAYNGNTNYAQKLQGRV
TMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARHDFW
SQYYKGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 31490
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGIS
WVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTKYAQKFQGRV
TMTTDTSTSTAYMELRSDDTAVYYCARHDPW
SQYYKGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 31491
SEQ ID NO: 31492
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNSYGF
SWVRQAPGQGLEWMGWIDSAYNGNTEAQKFQGR
VTMTTDTSTSTAYMELRSLRADDTAVYYCARREF
WSGYYKGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 31493

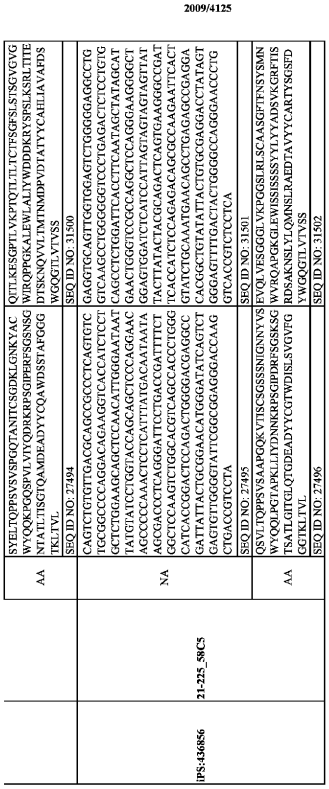
【図５０－１１３１】

【図５０－１１３２】

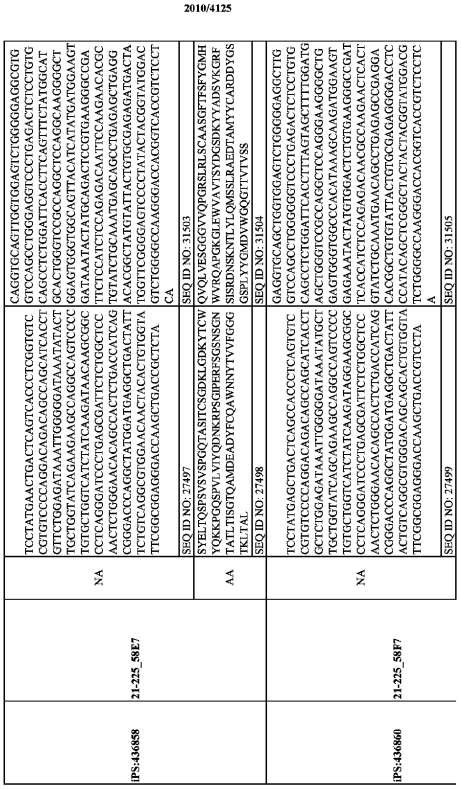

2007/4125
FIGURE 50
iPS:436850
21-225_57D9
AA
NA
SYELTQPPSASVSPGQTASITCSGDKLGEKYACW
YQQKPGQSPVLVIYQDRKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGT
TKLTVL
SEQ ID NO: 27488
SEQ ID NO: 31494
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAGATAAATTGGGGGATAAATATTGCT
TGCTGGTCTCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
TGTGTTGGTCATCTATCAAGATAGCAAGCGGC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27489
SEQ ID NO: 31495
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGEKFACW
SQQAPQQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
ATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27490
SEQ ID NO: 31496
QTTLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLSTSGVGV
GWIRQPPGKALEWLALIYWNDDKRYSPSLKSRLTI
TEDTSKNQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHAVFSF
DYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31497
QTTLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLTTSGVGVG
WIRQPPGKALEWLALIYWHEDARRYSPSLKSRLTITF
DTSKNQVDLTMTNMAPVDTATYYCAHVTGHAPY
WGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31498
TCCTATGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGGTC
TGAAACCCACAGACAGGCCCTCACCATCTCC
GCTCTGGAGATAAACTGGGGGATAAATATGCT
TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
TGTGTTGGTCATCTATCAAGATAGGAAGCGGC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
AGGTGGTCCTTACAATGACCAACATCGGACCTGT
CGGGACCCCGGCCTATGAAGGCTGACTATT
GGACAGCCCATATTACTGTGCACACCTATA
GCGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
TCGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27493
SEQ ID NO: 31499

【図５０－１１３３】

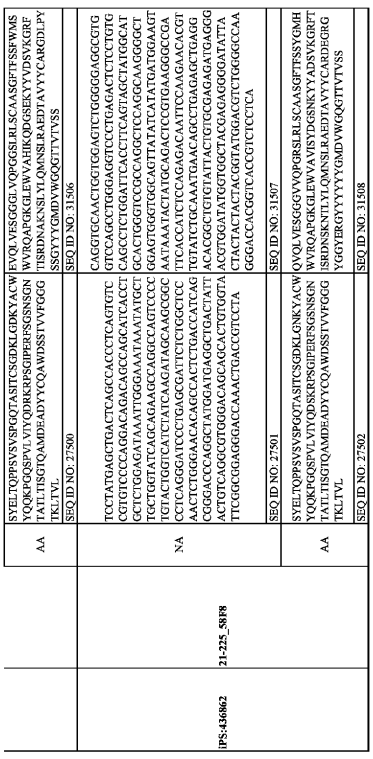
【図５０－１１３４】



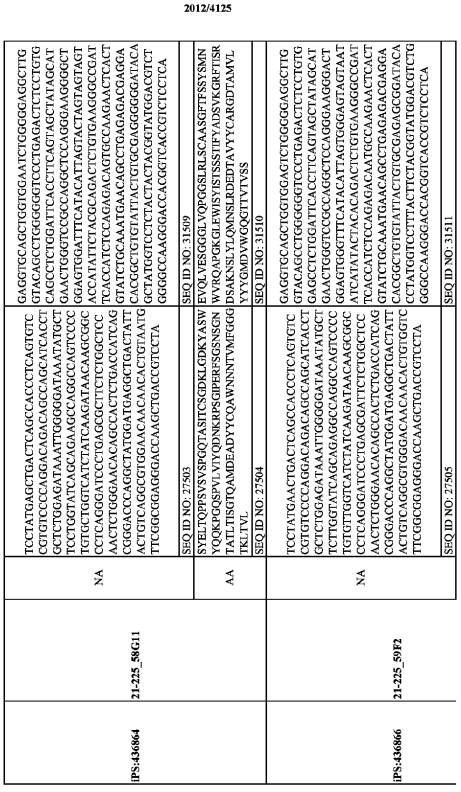
【図５０－１１３５】



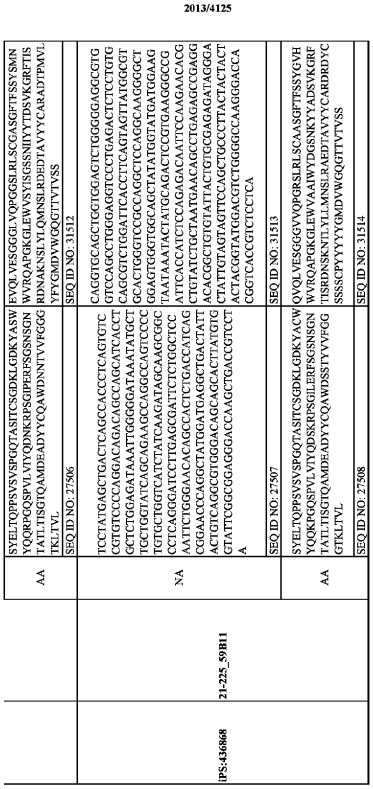
【図５０－１１３６】



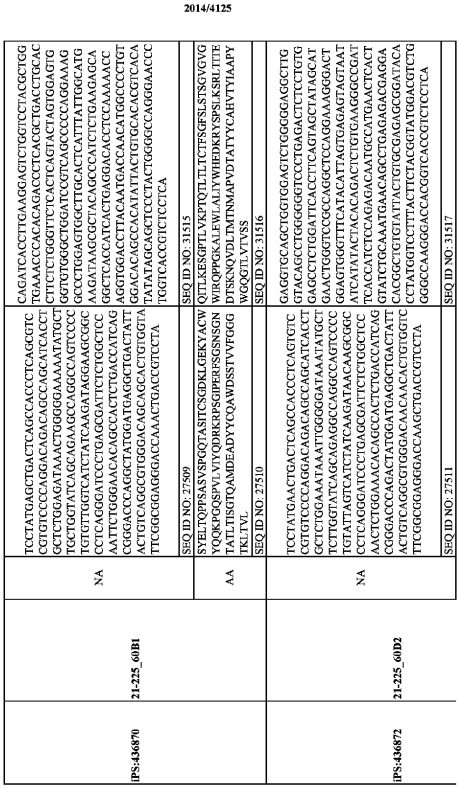
【図５０－１１３７】



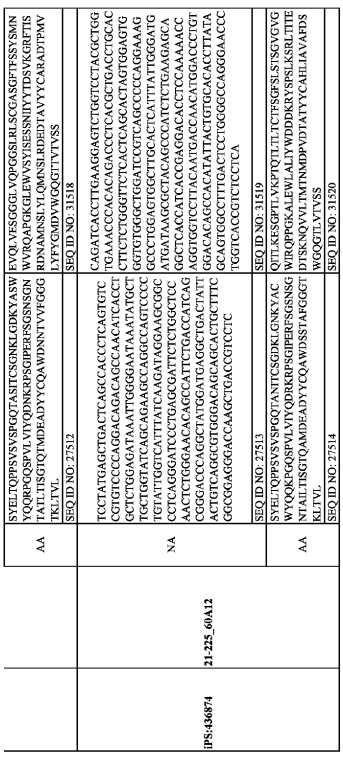
【図５０－１１３８】



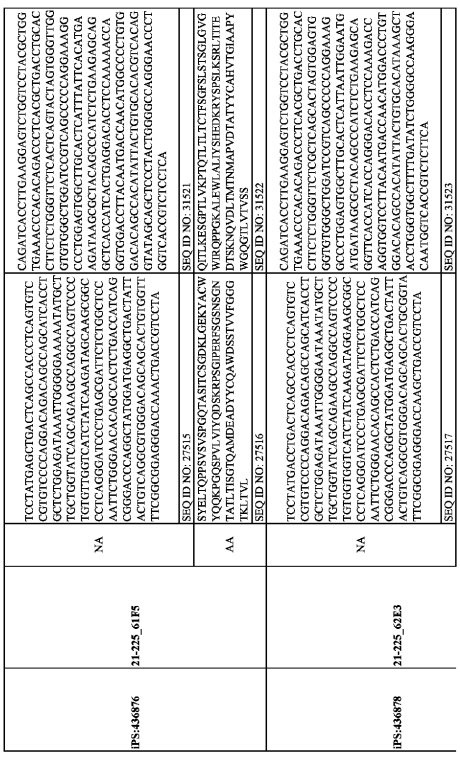
【図５０－１１３９】



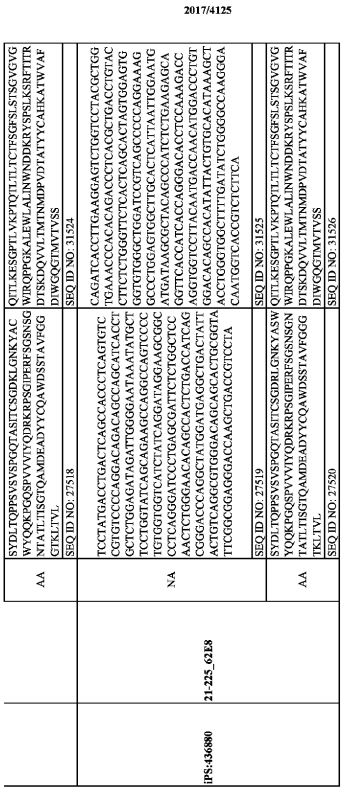
【図５０－１１４０】



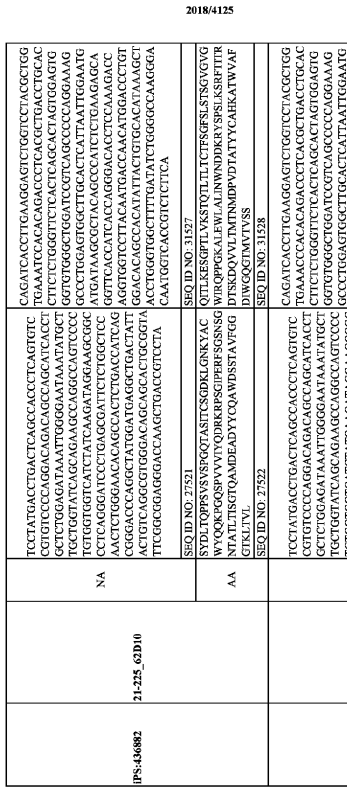
【図５０－１１４１】



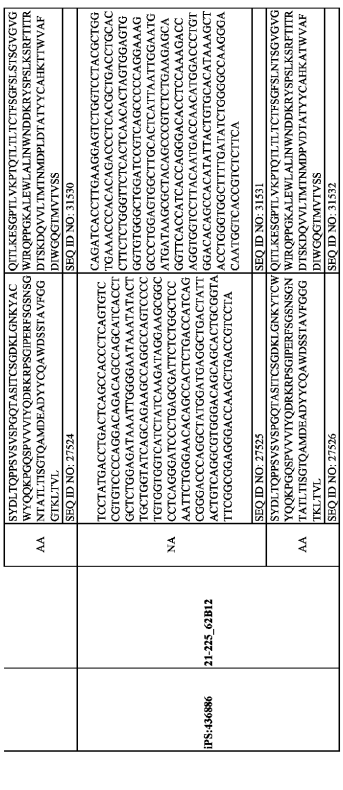
【図５０－１１４２】



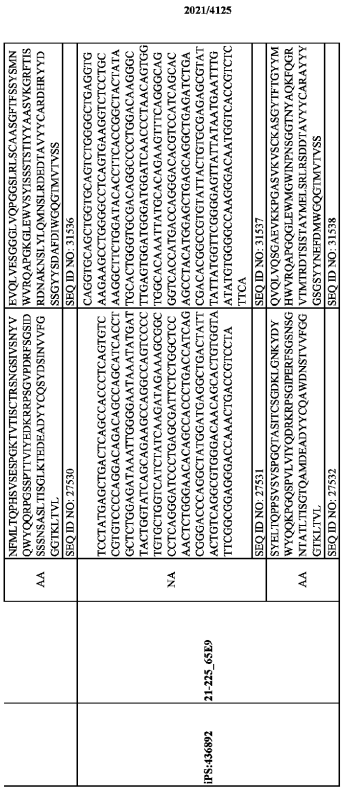
【図５０－１１４３】



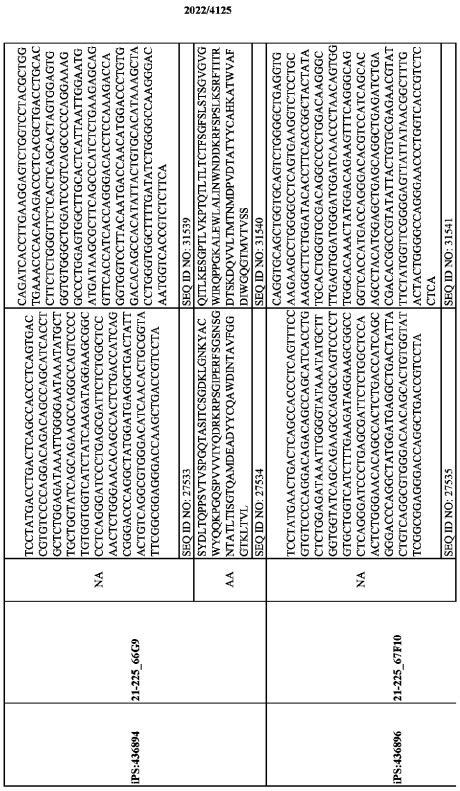
【図５０－１１４４】


2019/4125
FIGURE 50
iPS:436886
21-225_62B12
AA
SYDLTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYAC
WYQQKPGQSPVVVIYQDRKRPSGIPERFSGSNSG
NTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGG
GTKLTVL
SEQ ID NO: 27524
SEQ ID NO: 31530
NA
TCCTATGACCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACCAGCATCACCT
GCTCTGGAGATTAGATTGGGGAATAATATACT
TCGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
TGTGGTGGTCATCTATCAAGATAGGAAGCGGC
CCTCCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AATTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCACTCGCGGTA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27525
SEQ ID NO: 31531
SYDLTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYTCW
YQQKPGQSPVVVIYQDRKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27526
SEQ ID NO: 31532
AA
QTTLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLSNTSGVGVG
WIRQPPGKALEWLALINWNDDKRYSPSLKSRFTITR
DTSKQVVVLTMTNMDPVDTATYYCAHKATWVAF
DIWGQGTMVTVSS
SEQ ID NO: 31532
NA
GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATAGCAT
GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
GGAGTGGGTTTCATACATTAGTAGTAGTACTAGT
ACCATATACTACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGAT
TCACCATCTCCAGAGACAATGCCAAGAACTCACT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGACGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCACCGT
TACTATGATAGTAGTGGTTATTTACTCTGATACTT
TGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTC
TCTTCA
SEQ ID NO: 27529
SEQ ID NO: 31535
AA
NFMLTQPHSVSESPGKTVTISCTRSNGSIVSNYV
QWYQQRPGSSPTTMITDSRRPSGVPDRFSGSID
SSSNSALTISGLKTEDEADYSCQSYDGINVVFG
GGTKLTV

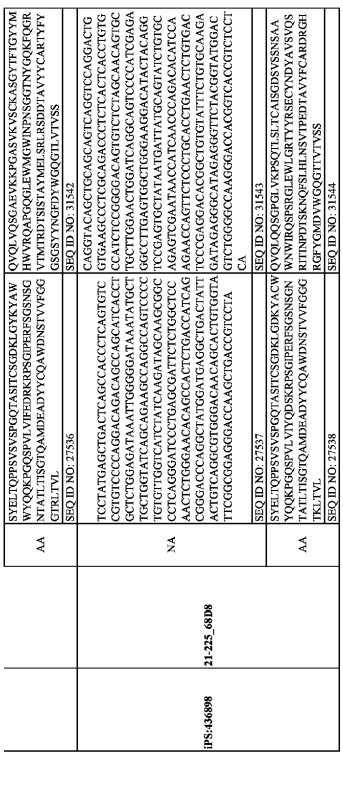
【図５０－１１４６】



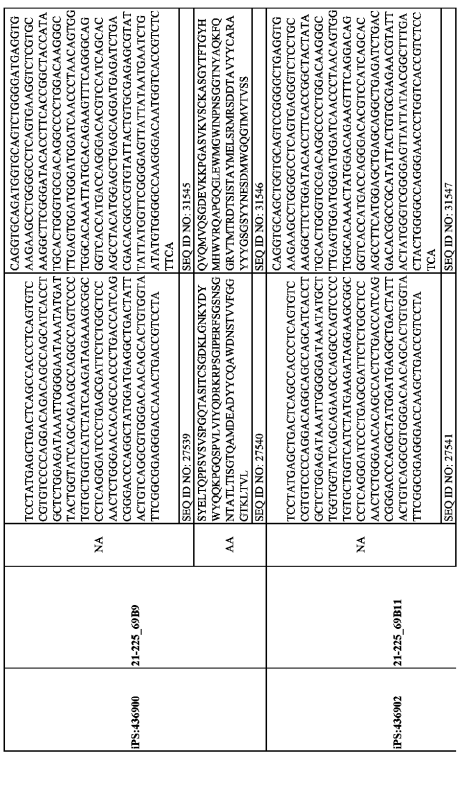
【図５０－１１４７】



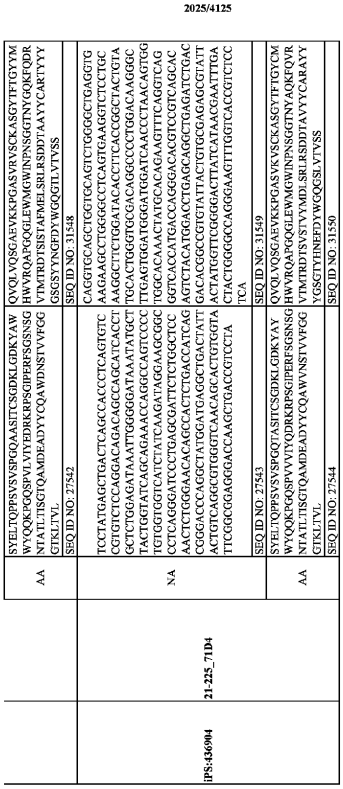
【図５０－１１４８】



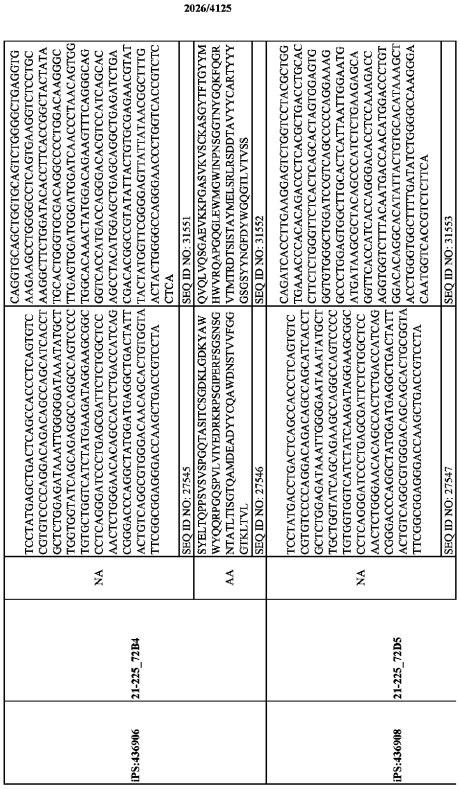
【図５０－１１４９】



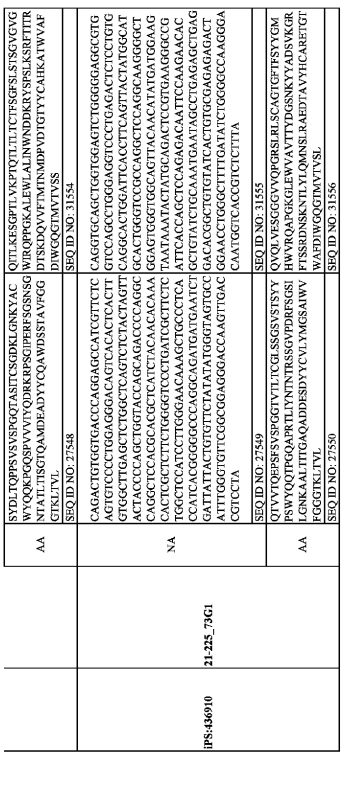
【図５０－１１５０】



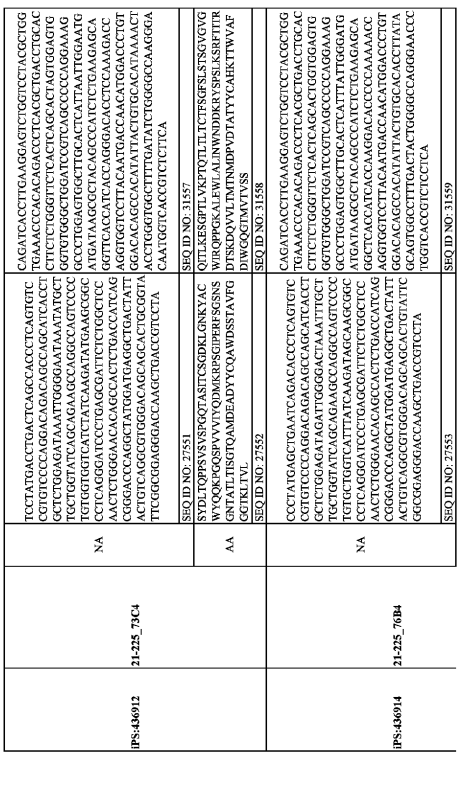
【図５０－１１５１】



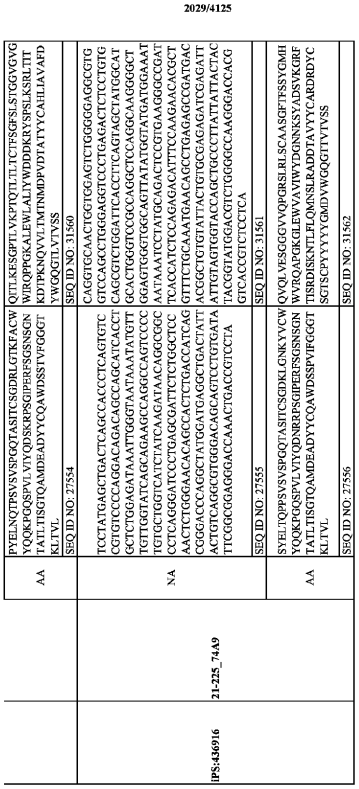
【図５０－１１５２】



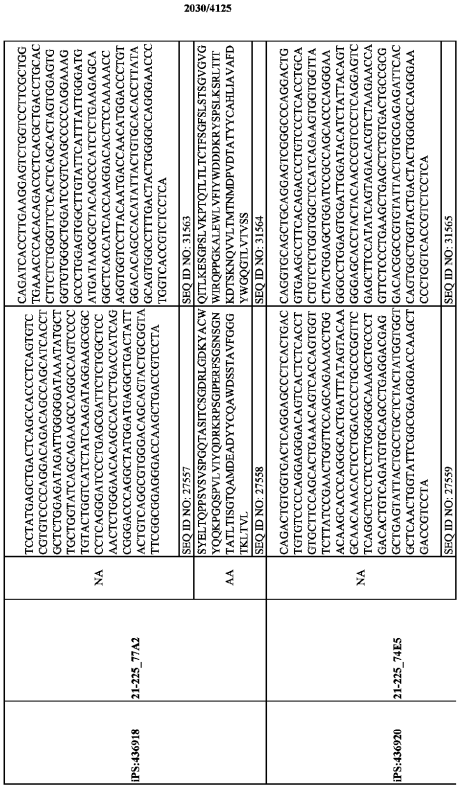
【図５０－１１５３】



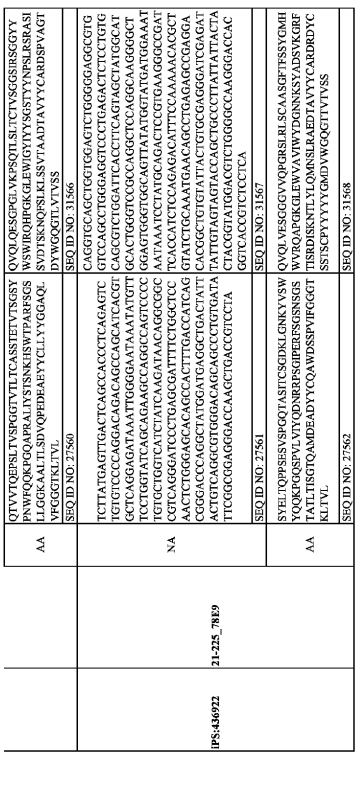
【図５０－１１５４】



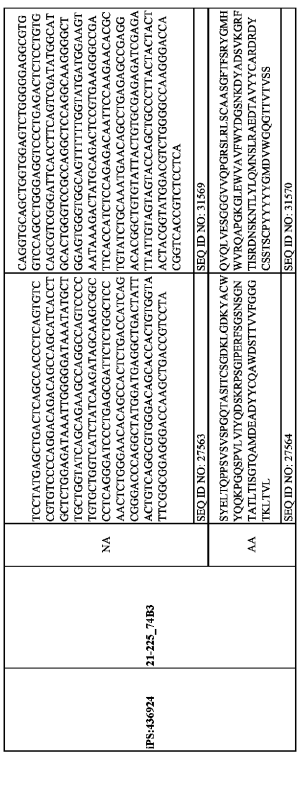
【図５０－１１５５】


2030/4125
FIGURE 50
IPS:436918
21-225_77A2
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNNKSYADSVKGRF
TISRDISKNTLFLQMNSLRADDTAVYYCARDRDYC
SGTSCPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27556
NA
GTCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAGCACAGCCACTTTGACCATCAG
CGGCAACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27557
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGTKFACW
YQQKPGQSPVLVIYQDKKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27558
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAT
AATAAAGACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAATCGAGAAT
TATTGTAGTAGTACCAGCTGCCCTTATTATTACTA
CTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAC
SEQ ID NO: 27559
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNRKSYADSVKGRF
TISRDISKNTLFLQMNSLRAEDTAVYYCARDRDYC
SSTSCPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27560
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAATCGAGAT
TATTGTAGTAGTACCAGCTGCCCTTATTATTACTA
CTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAC
SEQ ID NO: 27563
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYAC
YQQKPGQSPVLVIYQDKKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27564
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAT
AATAAAGACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27565
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNNKSYADSVKGRF
TISRDISKNTLFLQMNSLRADDTAVYYCARDRDYC
SGTSCPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGATCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTTCGCTGG
TGAAACCCACACAGACCCTCACGCTGACCTGCAC
CTTCTCTGGGTTCTCACTCAGCACTAGTGGAGTG
GGTGTGGGCTGGATCCGTCAGCCCCCAGGAAAG
GCCCTGGAGTGGCTTGTATTCATTTATTGGGATG
ATGATAAGCGCTACAGCCCATCTCTGAAGAGCA
AGGTGGTCCTTACAATGACCAACATGGACCCTGT
GGACAGCCACATATTACTGTGCACACCTTATA
GCAGTGGCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
TGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27563
NA
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAGATAAATTGGGGGATAAATATGCT
TGTGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27569
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYACW
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27570
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27571
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGDKYACW
YQQKPGQSPVLVIYQDKKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27572
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27573
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYAC
YQQKPGQSPVLVIYQDKKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27574
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27575
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDNKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27576
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27577
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGTKFACW
YQQKPGQSPVLVIYQDKKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27578
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27579
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGNNKSYADSVKGRF
TISRDISKNTLFLQMNSLRADDTAVYYCARDRDYC
SGTSCPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27565

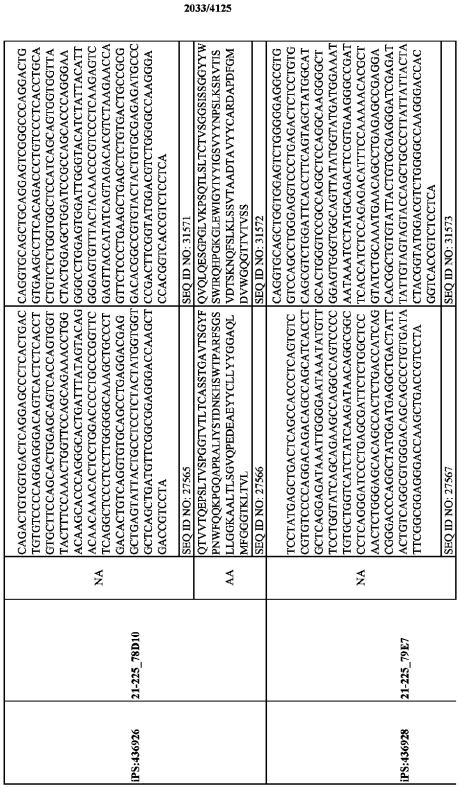
【図５０－１１５６】



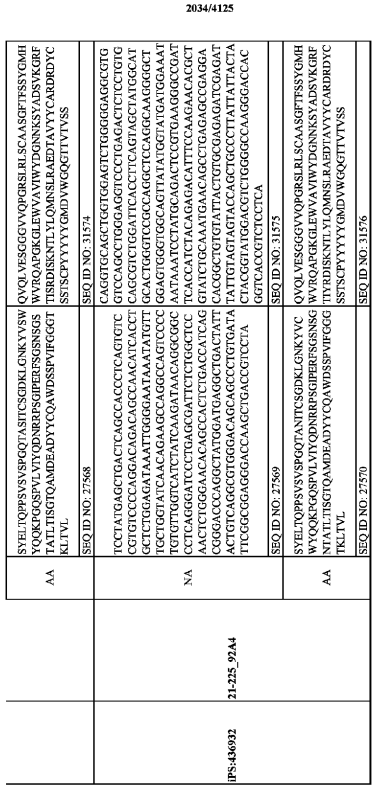
【図５０－１１５７】


2032/4125
FIGURE 50
IPS:436924
21-225_74B3
AA
QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGMH
WVRQAPGKGLEWVAVFWYDGSNKDYADSVKGRF
TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRDY
CSSTSCPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27570
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27571
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYACW
YQQKPGQSPVLVIYQDKKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27572
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27574
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27576
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27577
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGDKYACW
YQQKPGQSPVLVIYQDKKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGGG
TKLTVL
SEQ ID NO: 27578
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27579
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27580
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27581
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27582
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27583
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27584
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27585
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27586
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27587
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27588
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27589
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27590
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27591
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCAGTTATTGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
CGGGACCCAGGCTATGGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGTCCTGTGATA
TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27592
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGNKYVC
YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN
TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSPVIFGGGT
KLTVL
SEQ ID NO: 27562
NA
CAGGTTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGTTATGGCAT
GCACTGGGTC

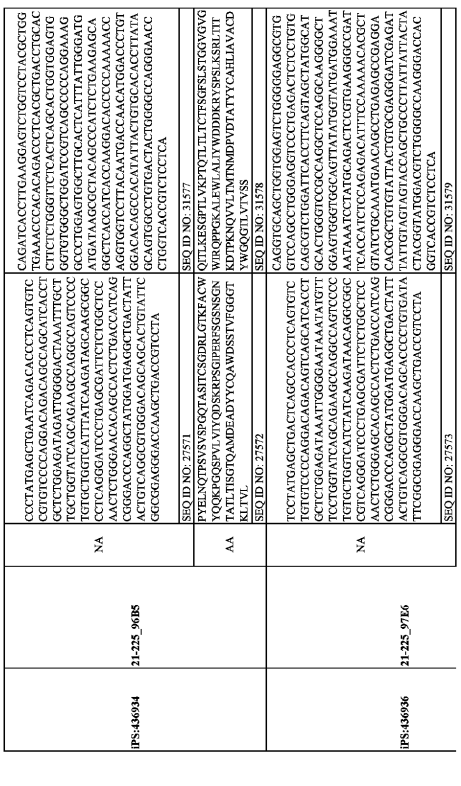
【図５０－１１５８】



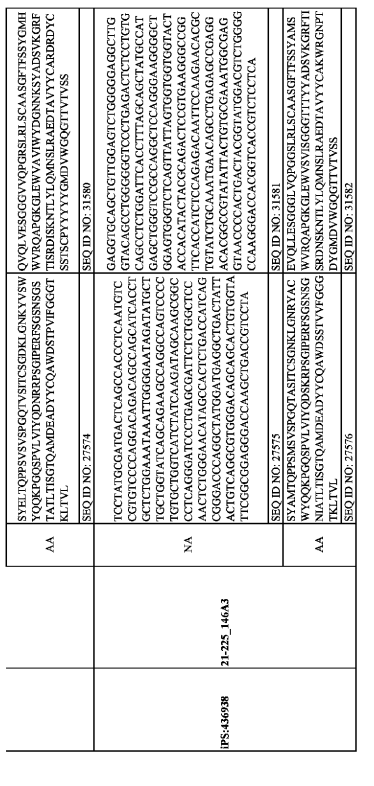
【図５０－１１５９】



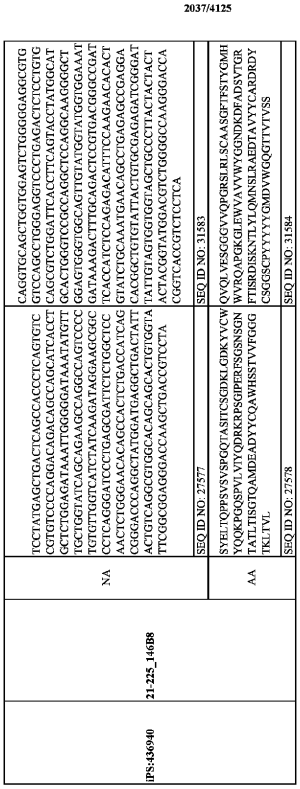
【図５０－１１６０】



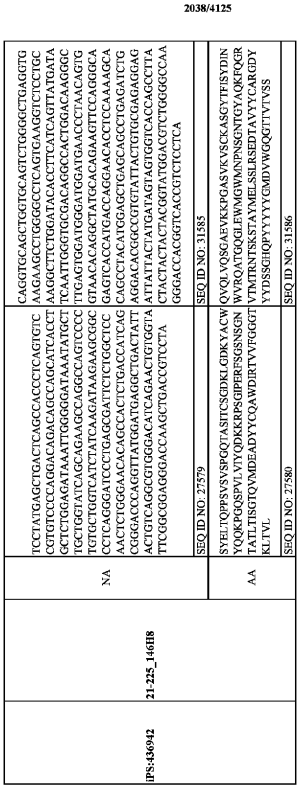
【図５０－１１６１】



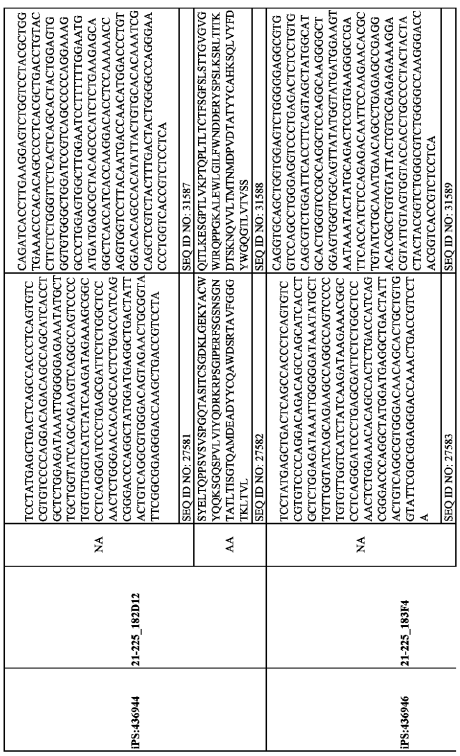
【図５０－１１６２】



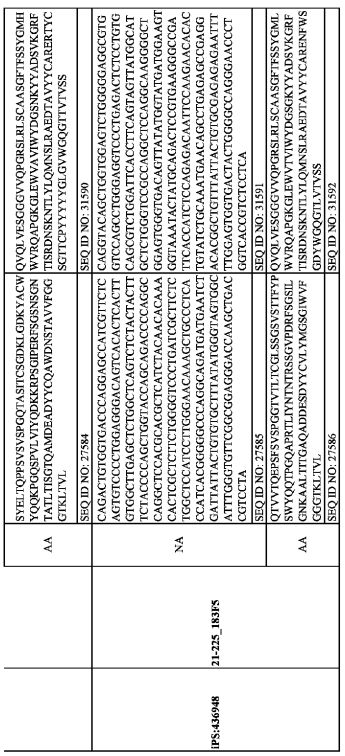
【図５０－１１６３】



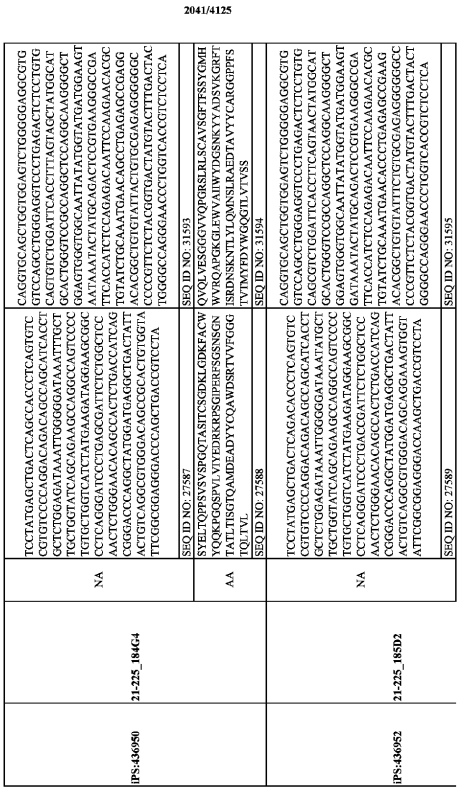
【図５０－１１６４】



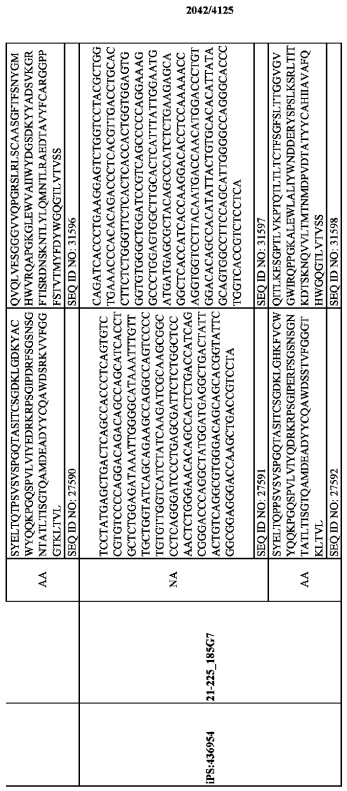
【図５０－１１６５】



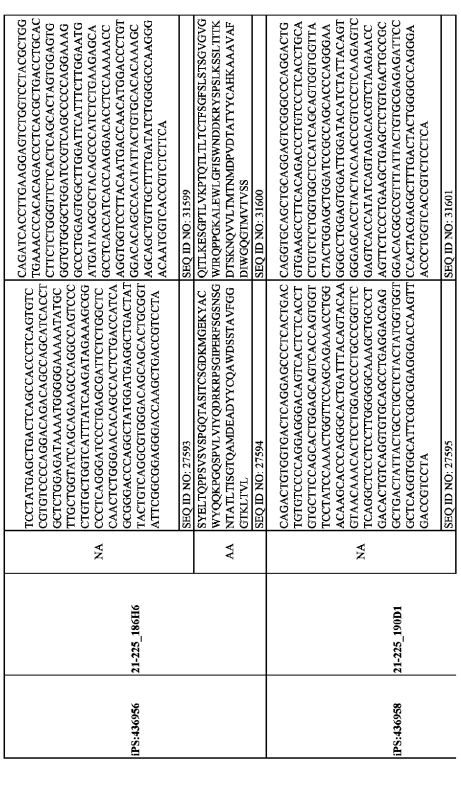
【図５０－１１６６】



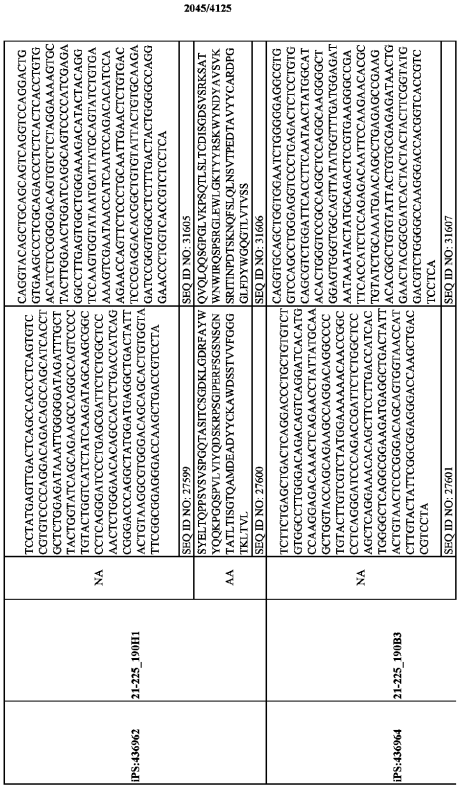
【図５０－１１６７】



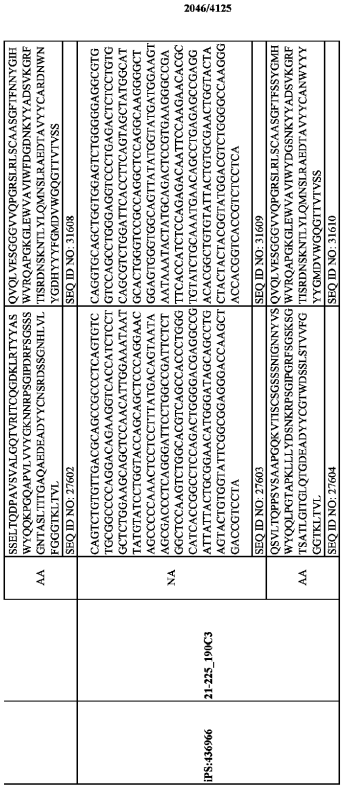
【図５０－１１６８】


2043/4125
FIGURE 50
iPS:436950
21-225_184G4
NA
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAGATAAAATGGGGGAAAAATATGC
TTGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCC
CTGTGCTGGTCATTTATCAAGATAGAAAGCGG
CCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTC
CAACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCA
GCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTAT
TACTGTCAGGCGTGGGACAGCACTGCGGT
ATTCGGCCGGAGGGACCCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27593
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKMGEKYAC
WYQQKPGQSPVLVIYQDRKRPSGIPERFSGSNSG
NTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTAVFGG
GTKLTVL
SEQ ID NO: 27594
AA
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAGAATAAATTGGGGGATAAATATGCT
TTGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
CTGTGCTGGTCATCTATGAAGATAGGAAAGGGGC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
CGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCACTGCGGGTGTA
TTCGGCCGGAGGGACCCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27595
iPS:436956
21-225_186H6
NA
CAGATCACCTTGAAGGAGATCTGGTCCTACGCTGG
TGAAACCCACACAGACCCTCACTCTTACCATCAC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTGGAGATAAAATGGGGGAAAAATATGCT
TTGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCC
CTGTGCTGGTCATCTATGAAGATAGGAAAGGGGC
CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC
AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG
CGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATT
ACTGTCAGGCGTGGGACAGCACTGCGGGTGTA
TTCGGCCGGAGGGACCCAAGCTGACCGTCCTA
SEQ ID NO: 27596
AA
SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKMGEKYAC
WYQQKPGQSPVLVIYQDRKRPSGIPERFSGSNSG
NTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSRTVVFGG
GTKLTVL
SEQ ID NO: 27597
AA
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVS
WYQQLPGTAPKVLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSG
TSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSRLNVGVFG
GGTKLTVL
SEQ ID NO: 27598
NA
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGATACATCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGC
GGACACGGCCGTTTATTACTGTGCGAGAGATTCC
CCAACTACGAGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27599
AA
QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAGYDV
HWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPSGVPDRFSGSKS
GTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLSGSVVF
GGGTKLTVL
SEQ ID NO: 27600
NA
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGATACATCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGC
GGACACGGCCGTTTATTACTGTGCGAGAGATTCC
CCAACTACGAGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27601
iPS:436958
21-225_190D1
NA
CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
GTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTTA
CTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAA
GGGCCTGGAGTGGATTGGGATACATCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTC
GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACC
AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGC
GGACACGGCCGTTTATTACTGTGCGAGAGATTCC
CCAACTACGAGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGA
ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27602
AA
QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASSTGAVTSGSY
PNWFQQKPGQAPRALIYSTSNKHSWTPARFSGS
LLGGKAALTLSGVQPEDEADYYCLLYYGGAQV
AFGGGTKLTVL
SEQ ID NO: 27603
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCTTCGGATTCACCTTCAGTAACGCCTGGAT
GAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTTGGCCGTATTAAAAGTAAAACTGAT
GGTGGGACAATAGACTACGCTGCACCCGTGAAAG
GCAGATTCACCATCTCAAGAGATGATTCAAAAAAC
ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAAAACCGA
GGACACAGCCGTGTATTACTGTACCACAGATAGA
GGGGGTATTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG
GTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27604
AA
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVS
WYQQLPGTAPKVLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSG
TSALGITGLQTGDEADYYCGTWDSRLNVGVFG
GGTKLTVL
SEQ ID NO: 27605
NA
CAGATCACCTTGAAGGAGATCTGGTCCTACGCTGG
TGAAACCCACACAGACCCTCACTCTTACCATCAC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTTCTGGTGGTTCCACTCACTCACTGGAGTG
GGTCTTCGGCTGGATTCATCTATTATAGTGGTAGT
ACTAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC
ACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTC
TCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGAC
ACGGCCGTTTATTACTGTGCGAGAGATTCCCCA
ACTACGAGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27606
AA
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVS
WYQQLPGTAPKVLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSG
TSALGITGLQTGDEADYYCGTWDSRLNVGVFG
GGTKLTVL
SEQ ID NO: 27607
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGAAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCTTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTATAGTGGTAGTAGTA
AATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGCC
CCGGTTCTTCTACGGTGTGGACTATTGGGGCCAG
GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27608
AA
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVS
WYQQLPGTAPKVLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSG
TSALGITGLQTGDEADYYCGTWDSRLNVGVFG
GGTKLTVL
SEQ ID NO: 27609
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGAAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCTTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTATAGTGGTAGTAGTA
AATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGCC
CCGGTTCTTCTACGGTGTGGACTATTGGGGCCAG
GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27610
AA
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVS
WYQQLPGTAPKVLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSG
TSALGITGLQTGDEADYYCGTWDSRLNVGVFG
GGTKLTVL
SEQ ID NO: 27611
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGAAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
GCAGCTTCGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
GGAGTGGGTCTCAGCTATTATAGTGGTAGTAGTA
AATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGCC
CCGGTTCTTCTACGGTGTGGACTATTGGGGCCAG
GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27612
AA
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVS
WYQQLPGTAPKVLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSG
TSALGITGLQTGDEADYYCGTWDSRLNVGVFG
GGTKLTVL
SEQ ID NO: 27613
NA
TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC
TGAAACCCACACAGACCCTCACTCTTACCATCAC
CGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCT
GCTCTTCTGGTGGTTCCACTCACTCACTGGAGTG
GGTCTTCGGCTGGATTCATCTATTATAGTGGTAGT
ACTAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTC
ACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTC
TCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGAC
ACGGCCGTTTATTACTGTGCGAGAGATTCCCCA
ACTACGAGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
CTGGTCACCGTCTCCTCA
SEQ ID NO: 27614
AA
QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASSTGAVTSGSY
PNWFQQKPGQAPRALIYSTSNKHSWTPARFSGS
LLGGKAALTLSGVQPEDEADYYCLLYYGGAQV
AFGGGTKLTVL
SEQ ID NO: 27615
NA
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
GTCCAGCCTGGAAGGTC

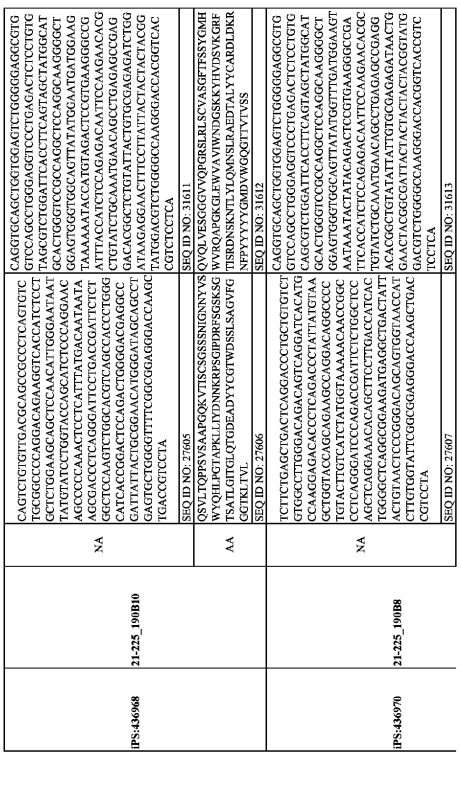
【図５０－１１７０】



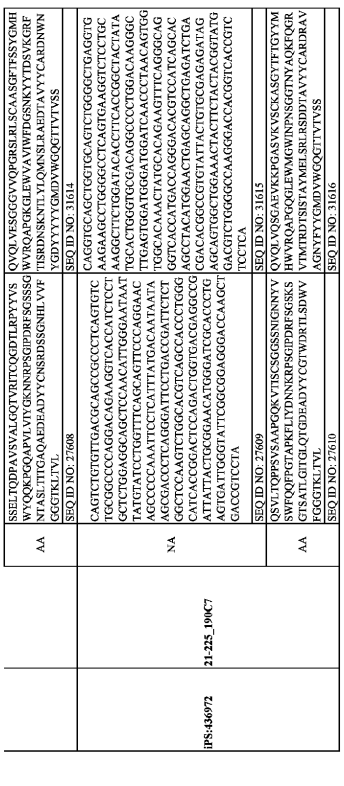
【図５０－１１７１】



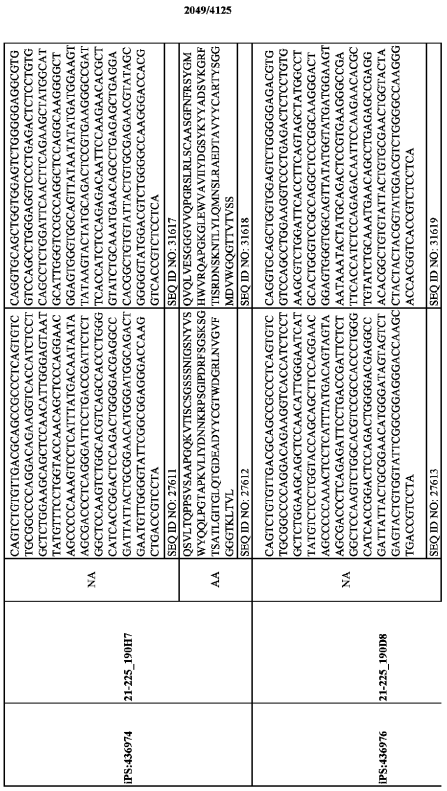
【図５０－１１７２】



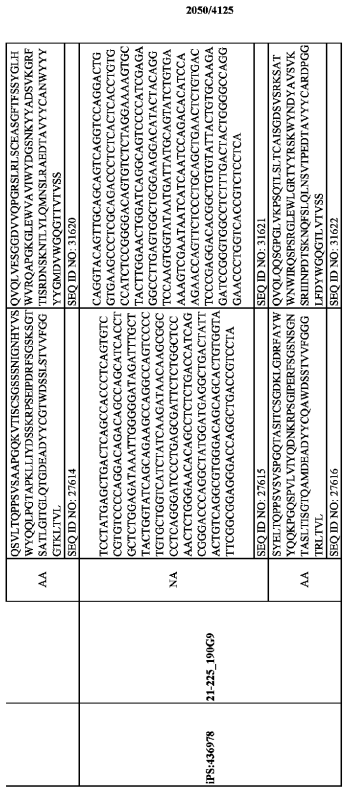
【図５０－１１７３】



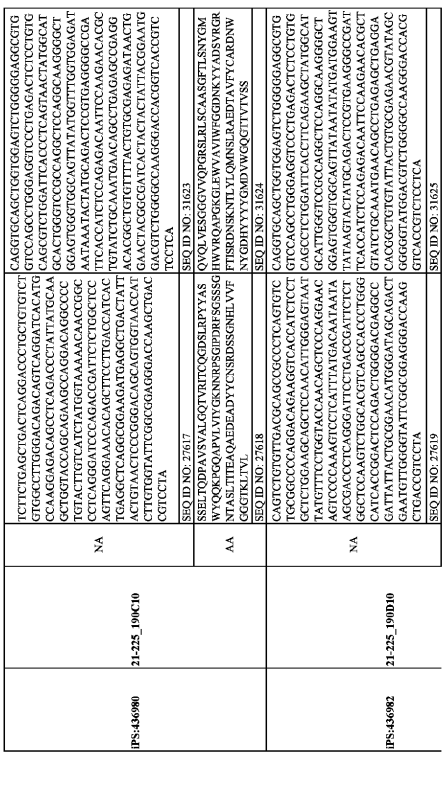
【図５０－１１７４】



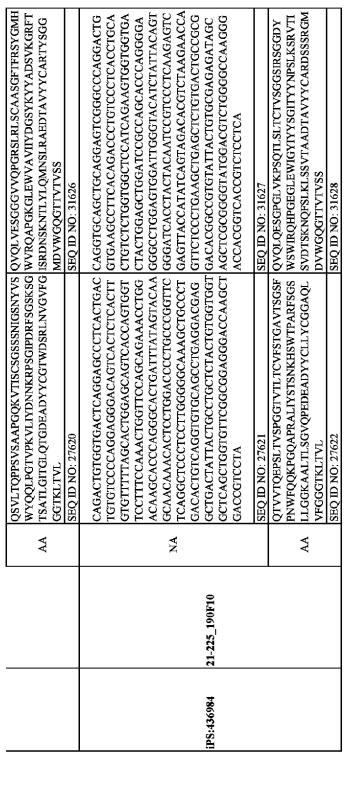
【図５０－１１７５】



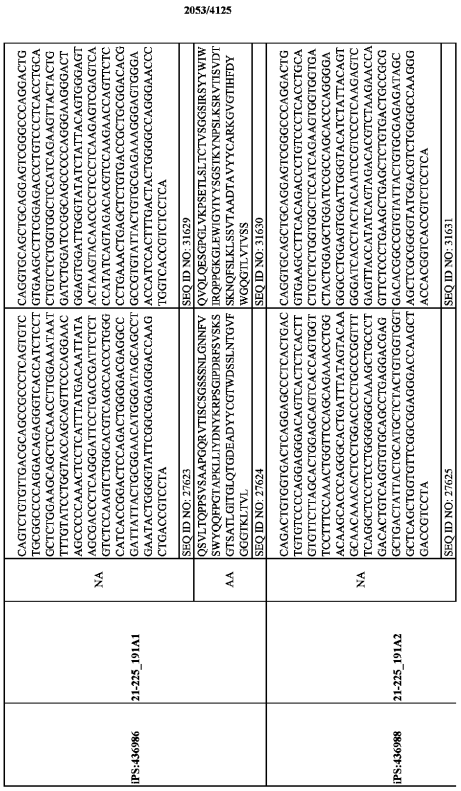
【図５０－１１７６】



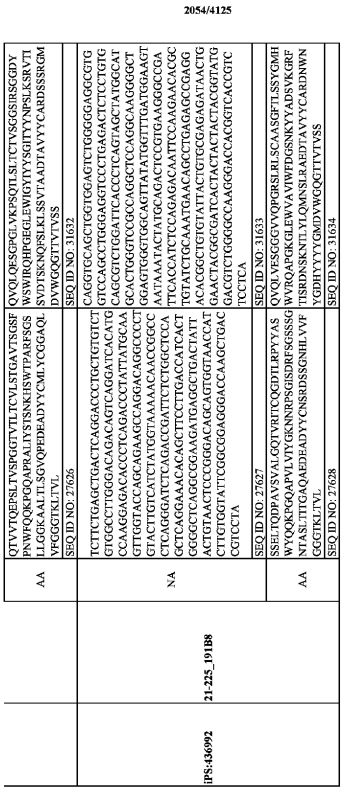
【図５０－１１７７】



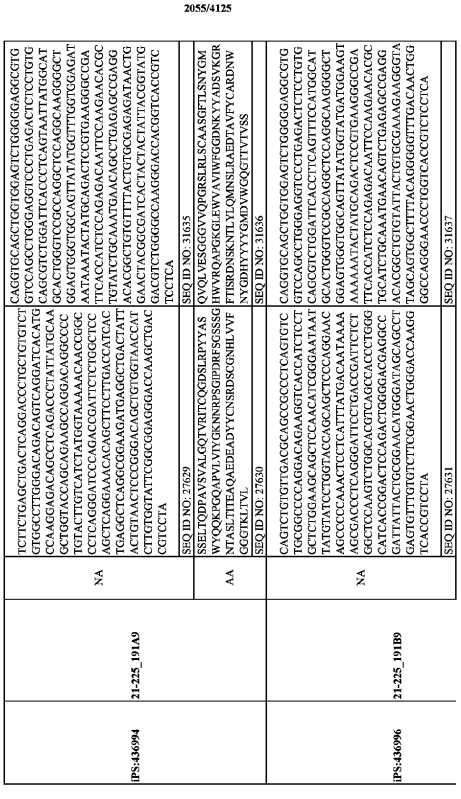
【図５０－１１７８】



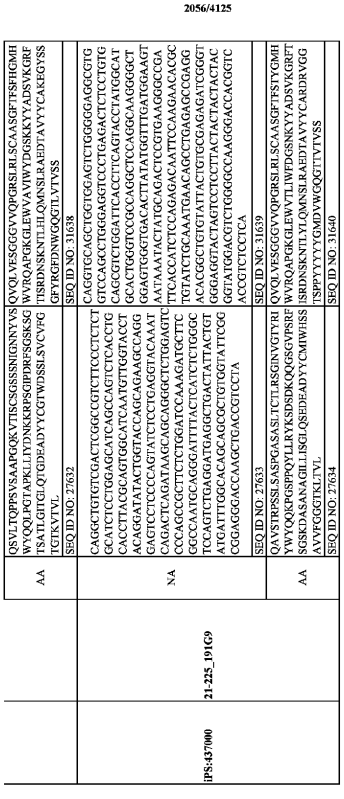
【図５０－１１７９】



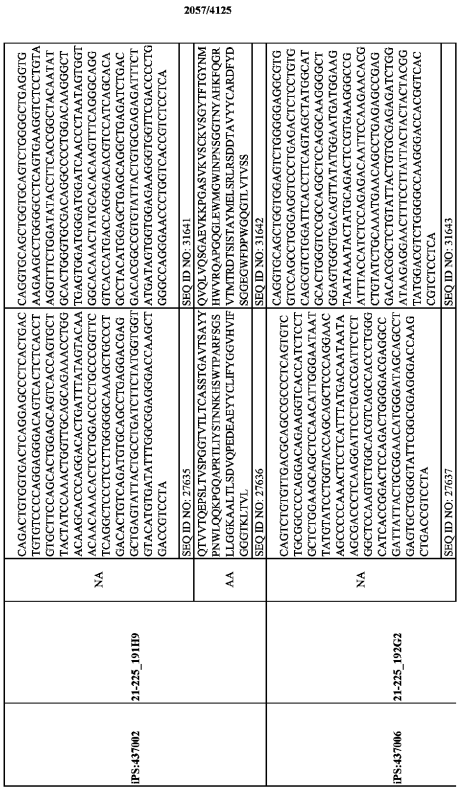
【図５０－１１８０】



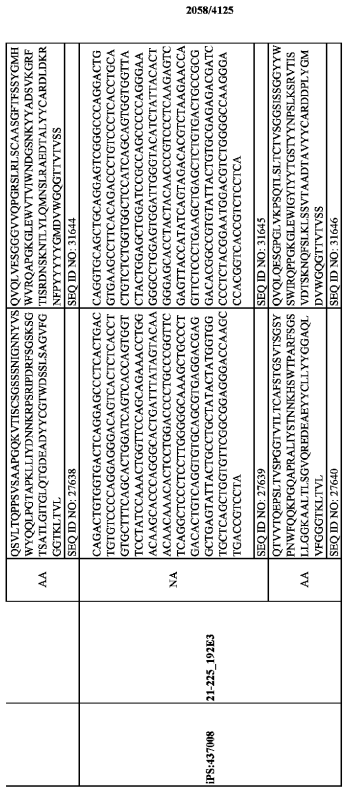
【図５０－１１８１】



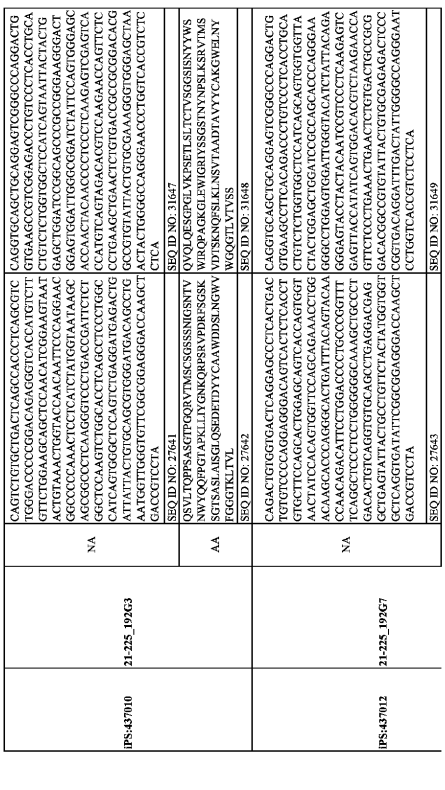
【図５０－１１８２】



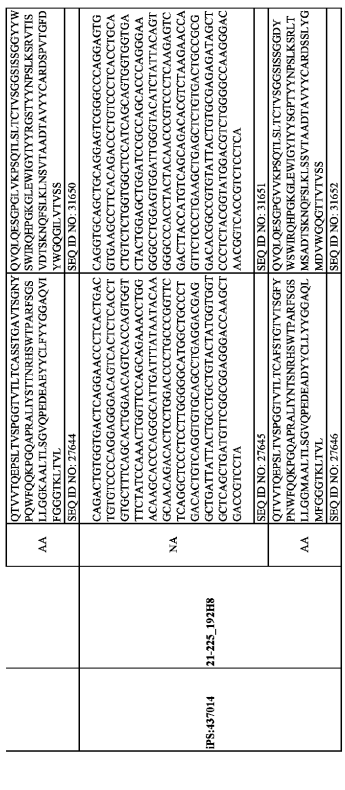
【図５０－１１８３】



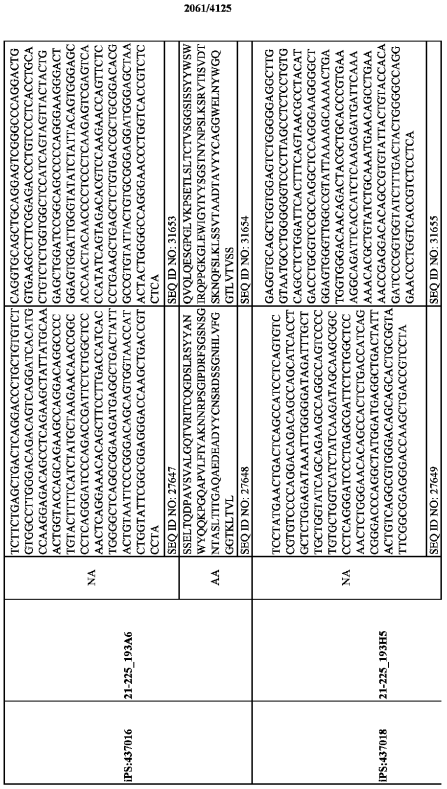
【図５０－１１８４】



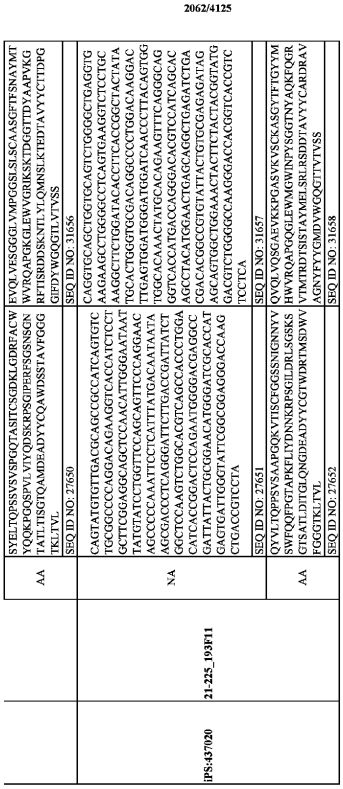
【図５０－１１８５】



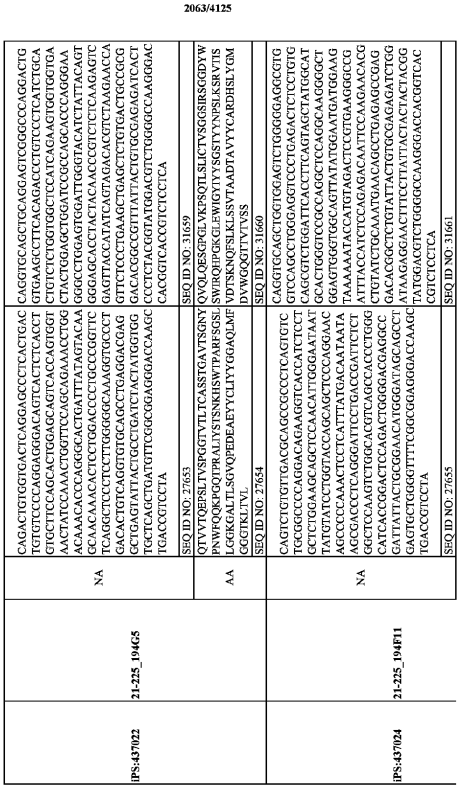
【図５０－１１８６】



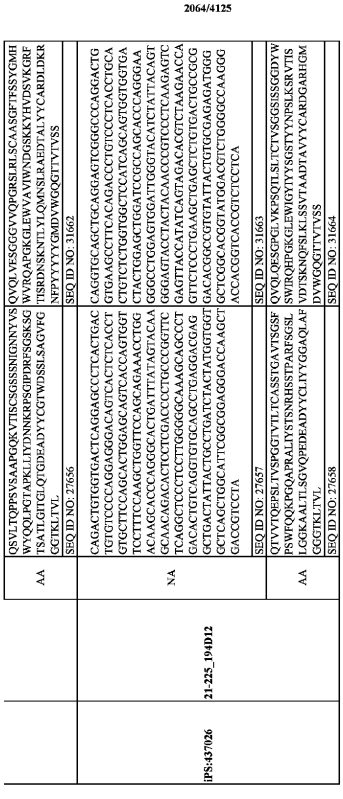
【図５０－１１８７】



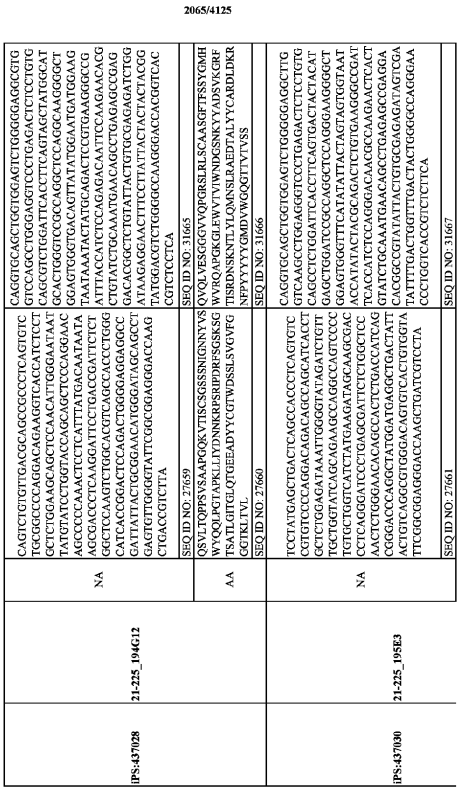
【図５０－１１８８】



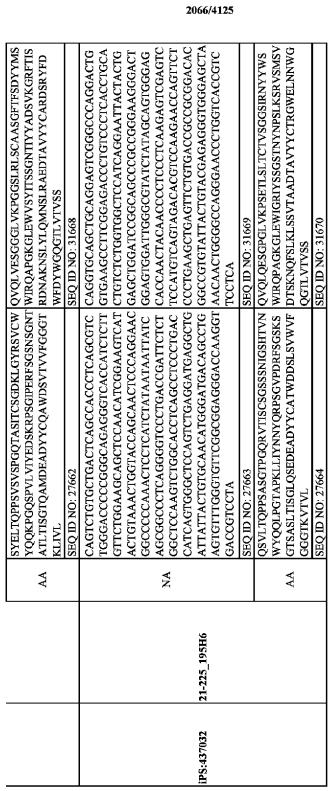
【図５０－１１８９】



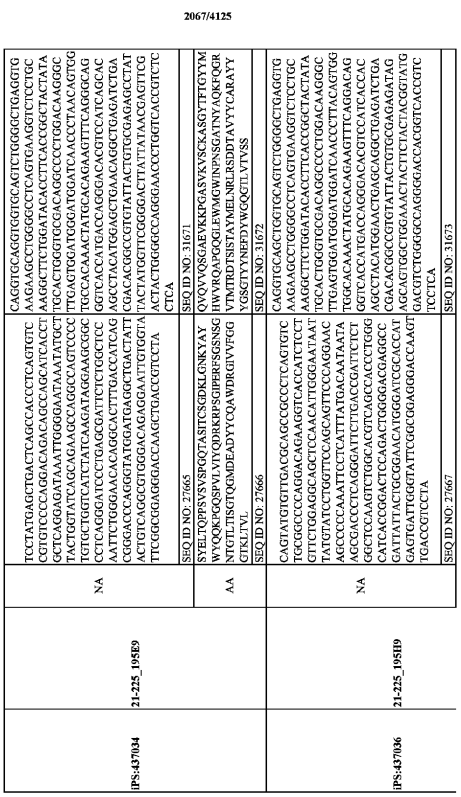
【図５０－１１９０】



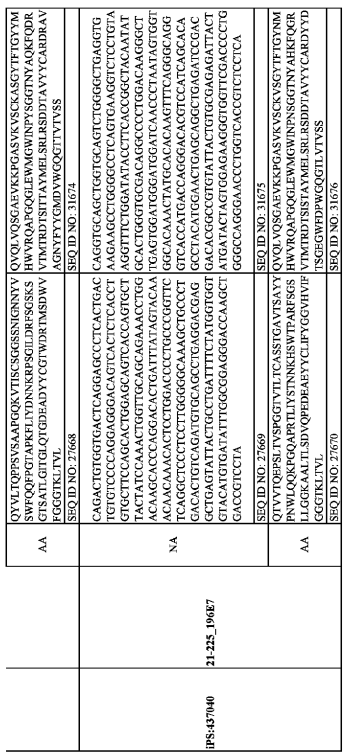
【図５０－１１９１】



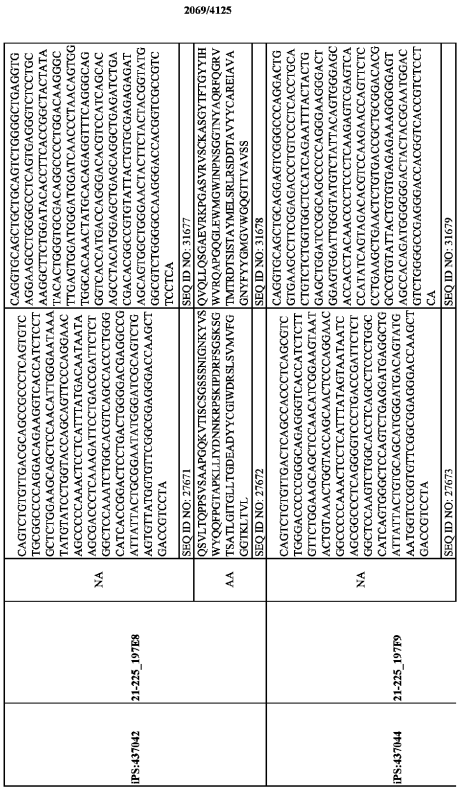
【図５０－１１９２】



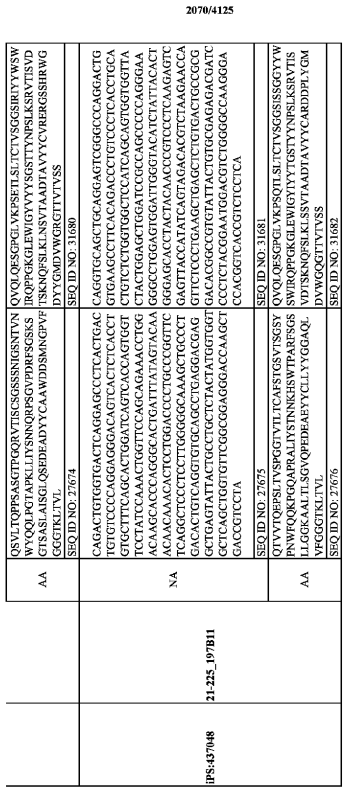
【図５０－１１９３】



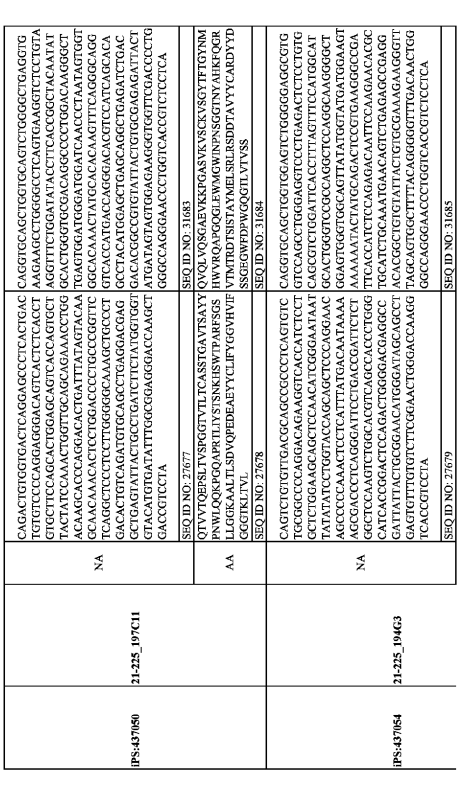
【図５０－１１９４】



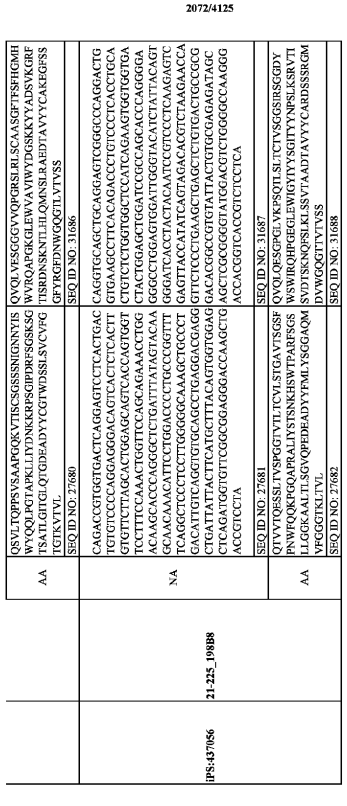
【図５０－１１９５】



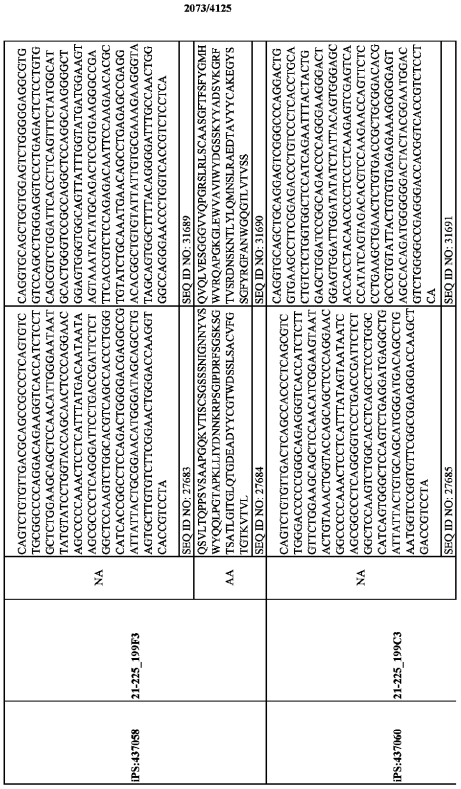
【図５０－１１９６】



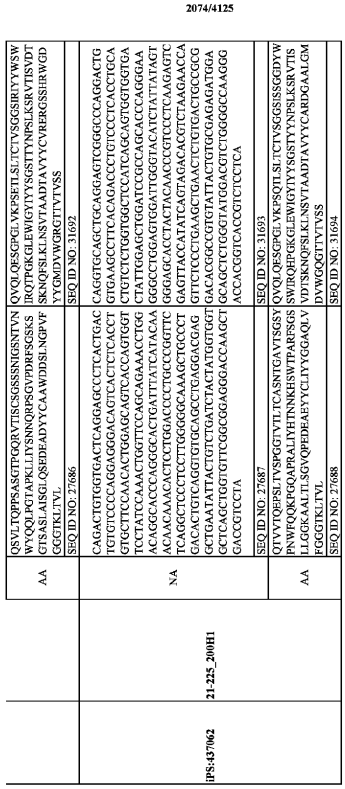
【図５０－１１９７】



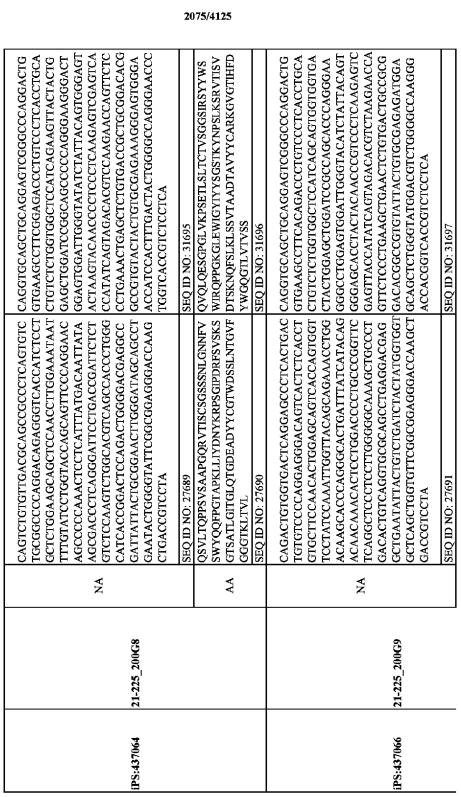
【図５０－１１９８】



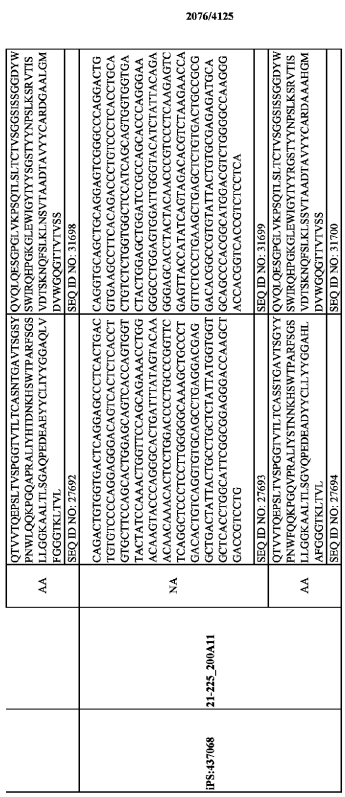
【図５０－１１９９】



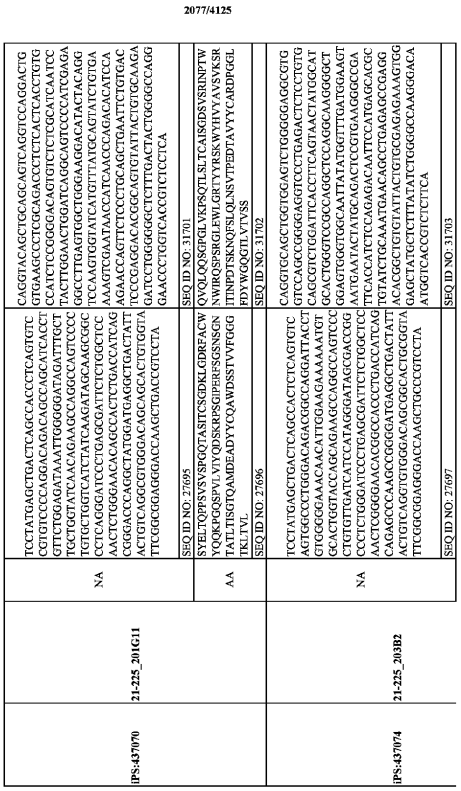
【図５０－１２００】



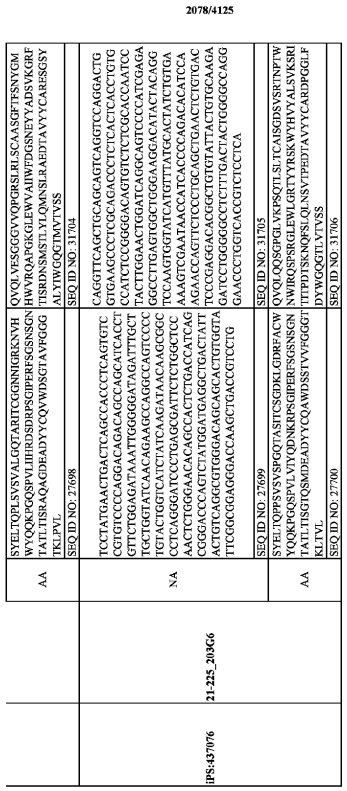
【図５０－１２０１】



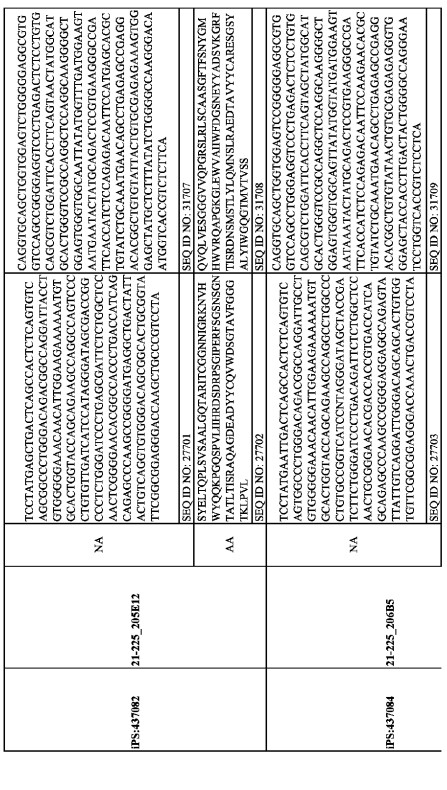
【図５０－１２０２】



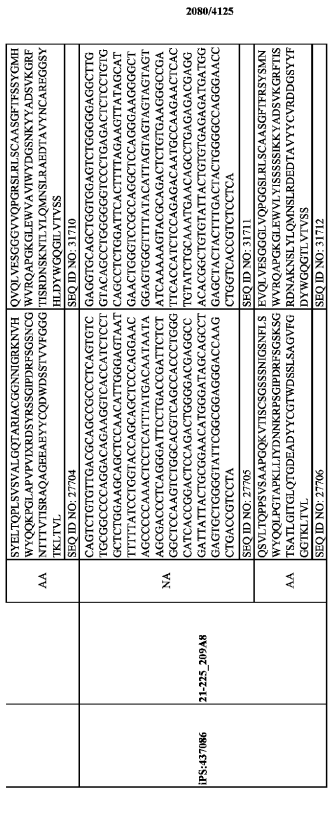
【図５０－１２０３】



【図５０－１２０４】



【図５０－１２０５】



【図５０－１２０６】

FIGURE 50

2081/4125

iPS:437088	21-225_209H10	NA	TCCTATGAATTGACTCAGCCACTCTCAGTGTC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			ACTTGCCCTGGGACAGTCGACACGGCCAGGATTCCT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			GTCGGGAAACAACATTGGAAGAAAAATCT	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTATGGCATGCAT
			CTCTGCCGGTCATCCTTAGGGATAGCTACCGG	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGGAAGTT
			TCTTTCGGGATTCTTCTACAGATTTTCTGCTCC	AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGCCGA
			AACTCGGGGATACCAGGGCAGCCGTGACGATTA	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			GCAAGAGCCAAGCGGCAGGGAGCAGACGAGTA	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			TTATTGTCAGATTGGGACAGCAGCACTTGTG	GGAGCTACCACCTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			TGTTCGGCGGAGGGACCAAACTGACCGTCCTA	TCCTGGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31713
		AA	SVELTQPLSVSVALGQTARIACGGNNIGRKNVH	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
			WYQQKPGLAPVPVLRDSYRSSGIPDRFSGSNW	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
			GNTATVTISRAQAGDEAEYYCQDWDSSTVVPGG	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDFGGSY
			GTKLTVL	HLDYWGQGILVTVSS
			SEQ ID NO: 27708	SEQ ID NO: 31714
iPS:437090	21-225_210F11	NA	CAGACTGTGGTGACTCAGGAGCCCTCACTGAC	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			TGTGTCCCCAGGAGGGACAGTCACTCTCACCT	GTGAAGCCGTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
			GTGCTTTCAGCACTGGAGCAGTCACCAGTGGT	CTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTTC
			AATTATCCAAACTGGTCCAGCAGAAACCTGG	CTACTGGAGCTGGACCGACCAGGGAA
			ACAAGCACCCAGGGCACTGATTTACAGTACAA	GGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAATT
			GCAACAAAACACTCCTGGACCCCTGCCGGTTC	GGGACCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTTC
			TCAGGCTCCCTCCTTGGGGGCAAAGCTGCCCT	GAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTACGAACCA
			GACACTGTGAGGTGTGCAGCCTGAAGACGAG	CTTCTCCTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCG
			GCTCAGCTGGTGTTCGGCGGAGGGACCAAGCT	CCATTGACCGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGG
			GACCGTCCTA	ACCACGGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31715

FIGURE 50

2082/4125

		AA	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCAFSTGAVTSGNYP	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGSYW
			PNWFQQKPGQAPRALIYSTSNKHSWTPARFSGS	SWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGNTYYNPSLKSRVTIS
			LLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCLLYYGGAQL	VDTSTNHFSLKLSSVTAADTAVYYCARDHPLTGMD
			VFGGGTKLTVL	VWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27710	SEQ ID NO: 31716
iPS:437092	21-225_210B12	NA	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			GGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTG	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			CACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTTATA	AAGGCTTCTGGATTCACCTTCACCGACTATATA
			ACTATGTCTCGTGGTACCAACACACCCAGGC	TCACACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
			AAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAG	TTGAGTGGATGGGAATCAACCCTAACAGTGG
			CTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTG	GGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCAC
			ACCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAG	AGCCTACATGGAGCTGAGTAGGCTGAGATCTGA
			TGATTATTACTGCAGCTCATATACAAGCAGCC	CGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGTAT
			GCACTCTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGTTG	GACTCGTCGTTCGCCCCTGGGGCCAGGGAACCCTG
			ACCGTCCTA	TCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31717
		AA	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNY	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGFTFTDYYMN
			VSWYQQHPGKAPKLMIYEVRNRPSGVSNRFSGS	WVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
			KSGNTASLTISGLQAEDEADYYCGSYVKGTWV	KSGNTASLTSLQLAEDEADYYCSSYTSSRTLVF
			FGGGTKLTVL	GGGTKLTVL
			SEQ ID NO: 27712	SEQ ID NO: 31718

FIGURE 50

【図５０－１２０８】

2083/4125

iPS:437094	21-225_210D12	NA	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTG	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATA	CAACCGTCTGGATTCACCTTCAGTTATGGCATT
			ATTATGTCTCGTTGGTACCAACACCCAGGC	CACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			AAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAG	GGAGTGGGTATCAACCCTAACAGTGGTGGCACA
			TAATCCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTC	AATCAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
			TGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			GATTATTACTGCGGCTCATATGTAAAAGGCAT	ACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGGGGGACTG
			CACTTGGGTGTTCGGCGGAGGGACCAAGTCTAA	GAACCCCGAGGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
			CCGTCCTC	GACCACGGTCATCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31721
iPS:437096	21-225_210E12	NA	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
			GGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTG	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CACTGGAACCAGCAGTGGATCACCATCTCCTG	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			ACTATGTCTCCTGGTACCAACACCCAGGC	GCACTGGTGCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			AAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAG	GGAGTGGGTCTCAGCTGGTTATAATGGTGATGAAGT
			TAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTC	AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
			TGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			GATTATTACTGCAGCTCATATGTAAAAGGCAT	ACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGGGGGACTG
			CACTTGGGTGTTCGGCGGAGGGACCAAGCTCA	GAACCCCGAGGGTTTGGACGTCTGGGGCCAAGG
			CCGTCCTA	GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31723
		AA	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNY	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGFTFSNYGM
			SWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGS	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR
			KSGNTASLTISGLQAEDEADYYCSSYTSSRTLVF	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDWN
			GGGTKLTVL	PEGLDYWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27718	SEQ ID NO: 31724

FIGURE 50

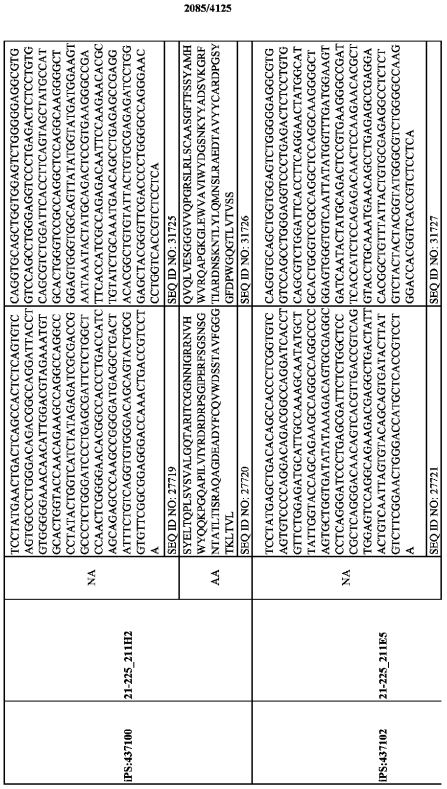
【図５０－１２０９】

2084/4125

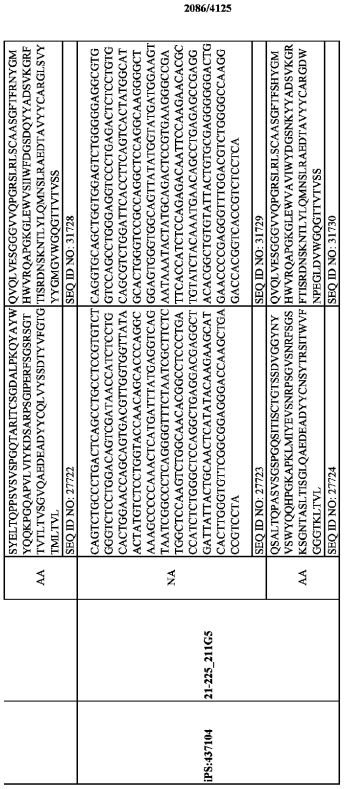
iPS:437098	21-225_211C1	NA	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTG	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CACTGGAACCAGTAGTGACGTTGGTATTATA	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTCACTATGGCAT
			ACTATGTCTCCTGGTACCAACACCCAGGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			AAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAG	GGAGTGGGTCGGCAGTTATATGGTATGGAAGT
			TAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTC	AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
			TGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
			CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCT	TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
			GATTATTACTGCAACTCATATACAAGCAGCAT	ACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGGGGGACTG
			CACTTGGGTGTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGA	GAACCCCGAGGGTTTGGACGTCTGGGGCCAAGG
			CCGTCCTA	GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31723
		AA	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNY	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGFTFSHYGM
			VSWYQQPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSK	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGR
			SGNTASLTISGLQAEDEADYYCNSYTSSITWVFG	FTISRDNSKNTLYLQMNTLRAEDTAIYYCARDWN
			GGTKLTVL	PEGLDYWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 27718	SEQ ID NO: 31724

FIGURE 50

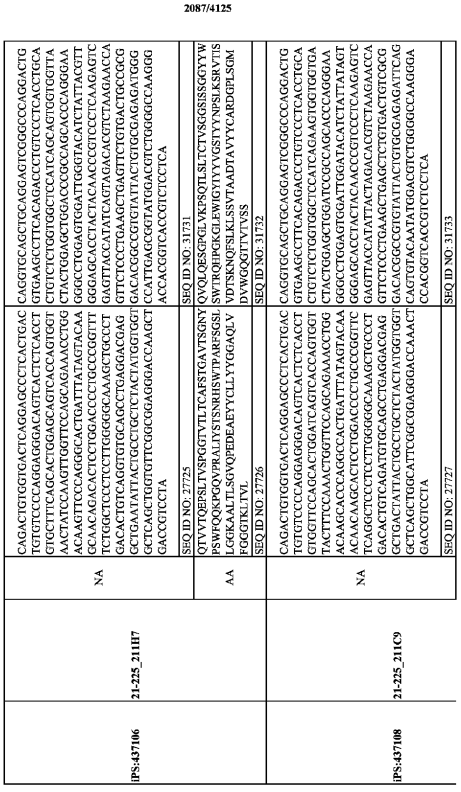
【図５０－１２１０】



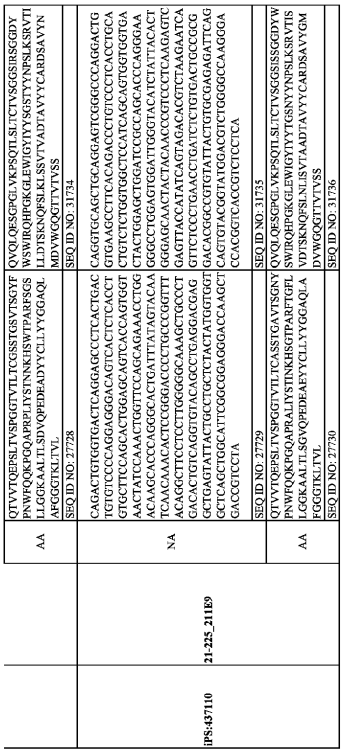
【図５０－１２１１】



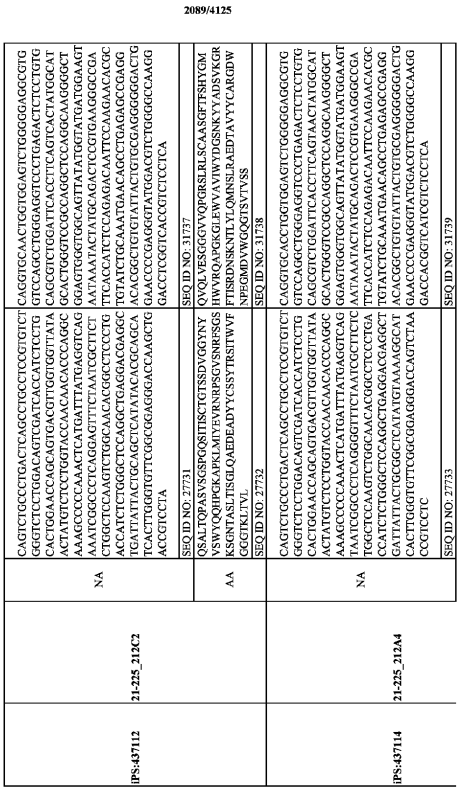
【図５０－１２１２】



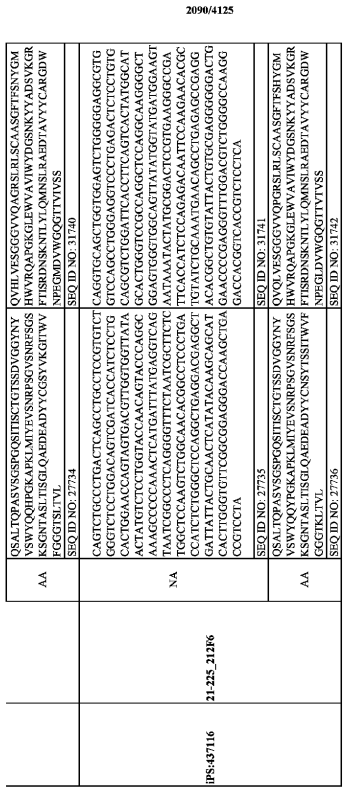
【図５０－１２１３】



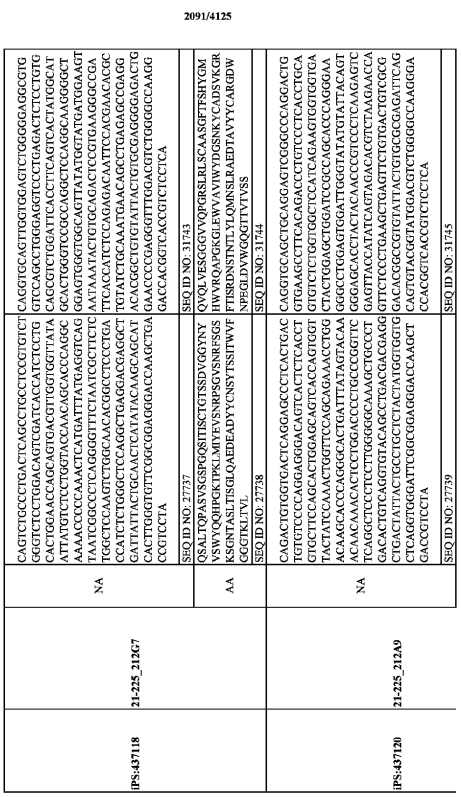
【図５０－１２１４】



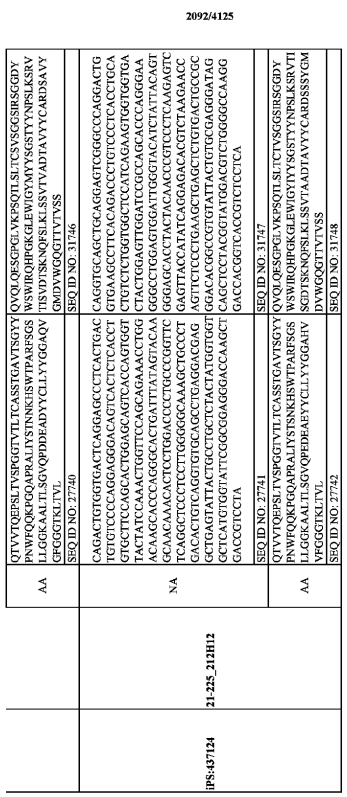
【図５０－１２１５】



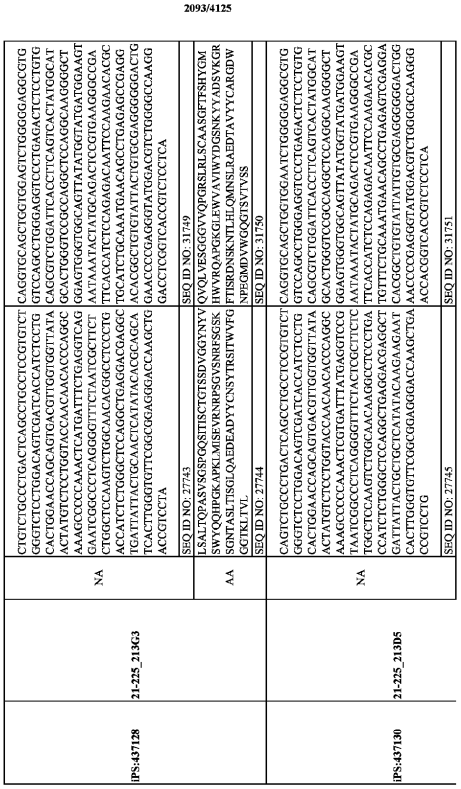
【図５０－１２１６】



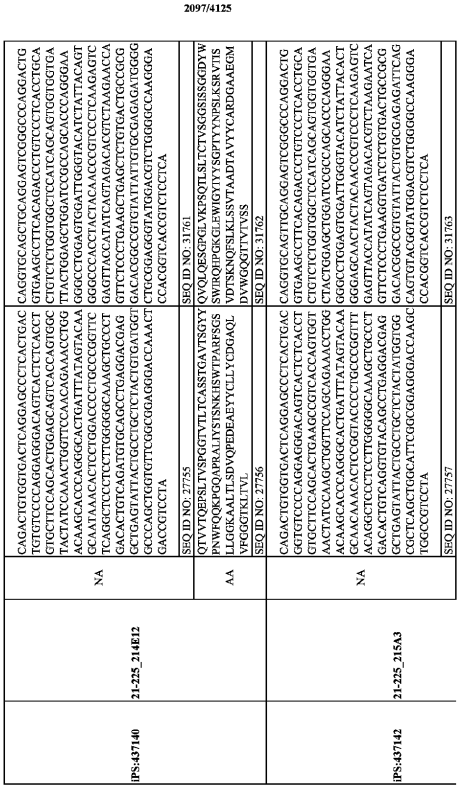
【図５０－１２１７】



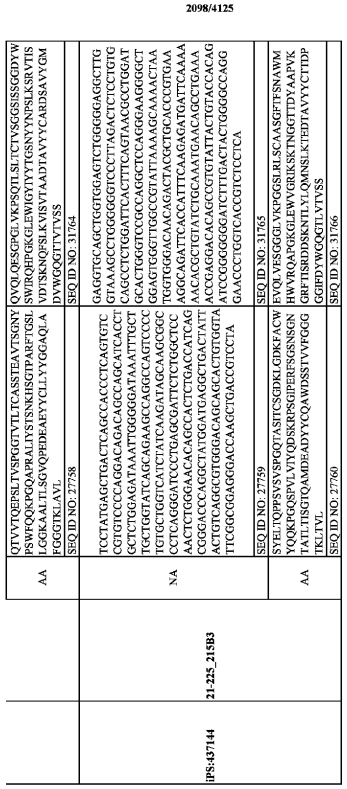
【図５０－１２１８】


2093/4125
FIGURE 50
iPS:437128
21-225_213G3
NA
CTGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCT

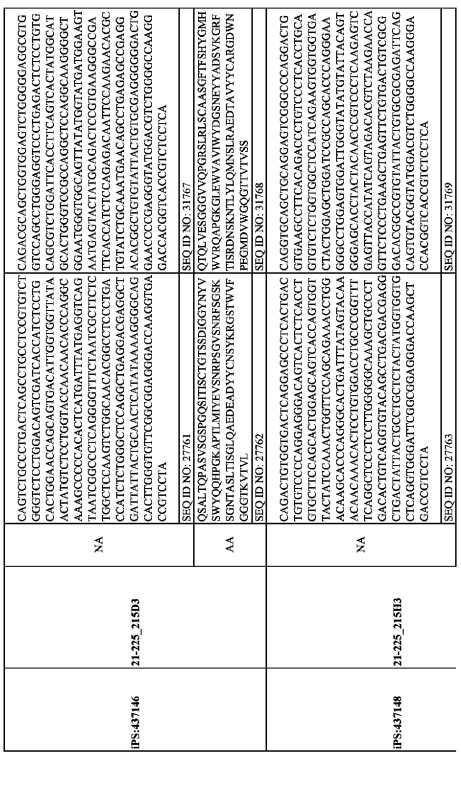
【図５０－１２２２】



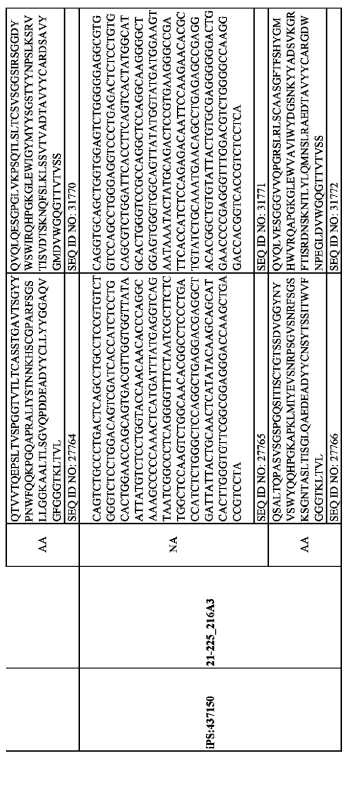
【図５０－１２２３】



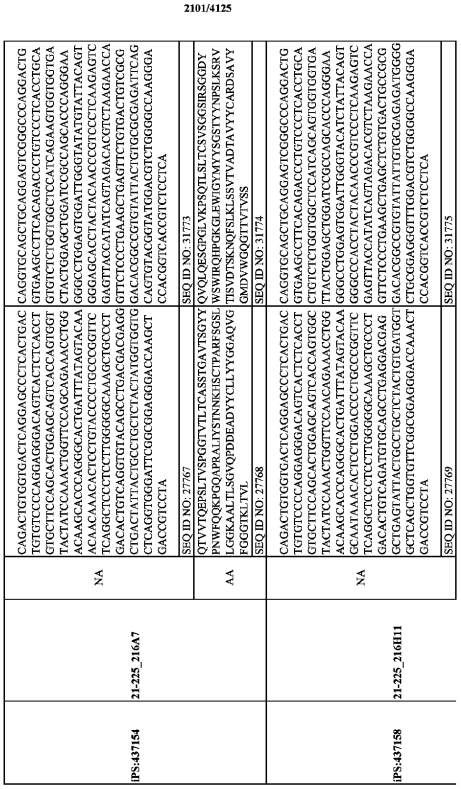
【図５０－１２２４】



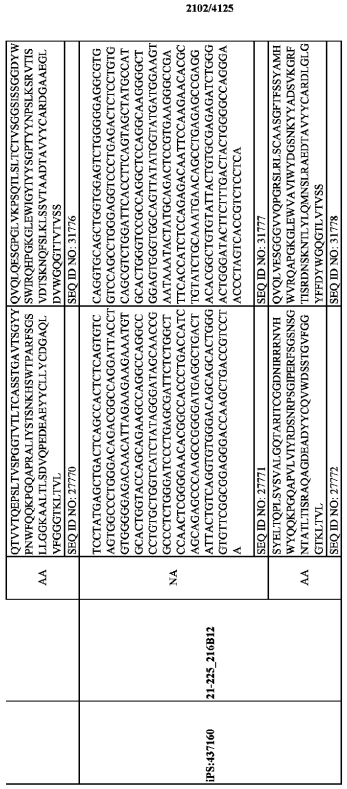
【図５０－１２２５】



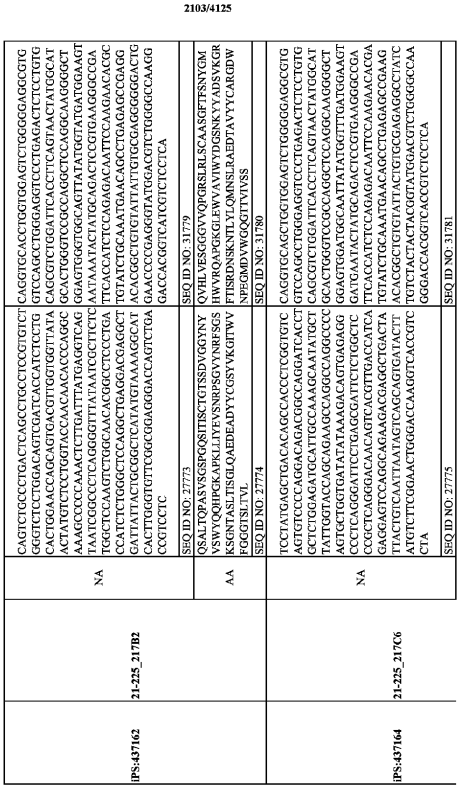
【図５０－１２２６】



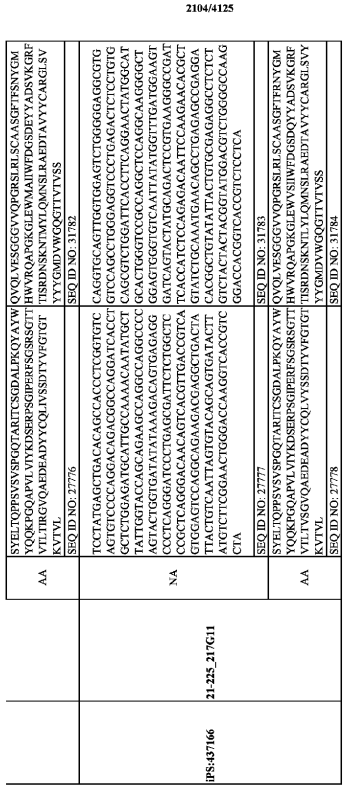
【図５０－１２２７】



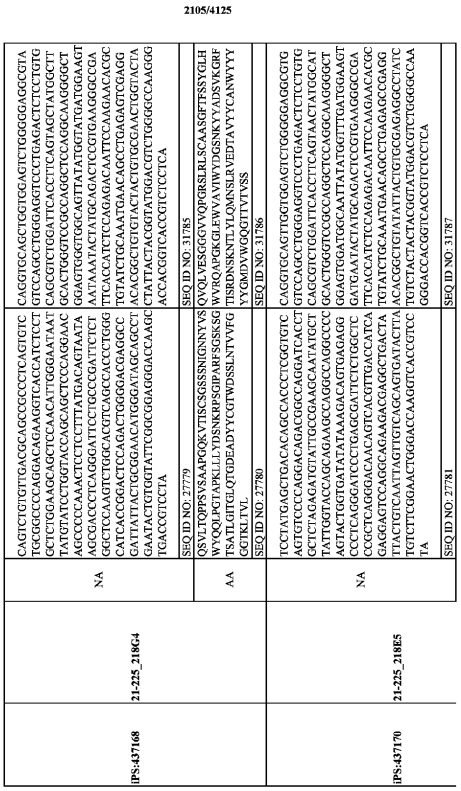
【図５０－１２２８】



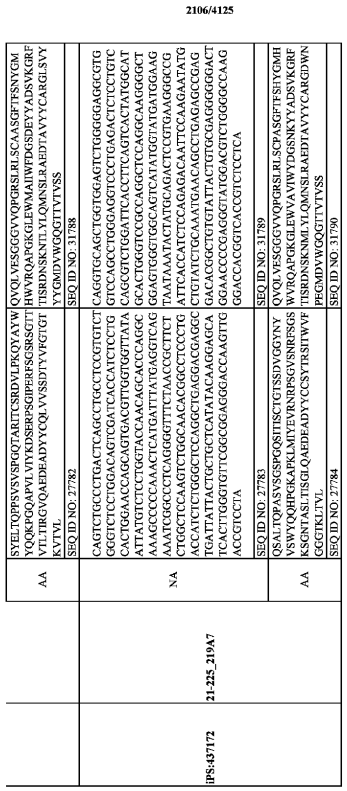
【図５０－１２２９】



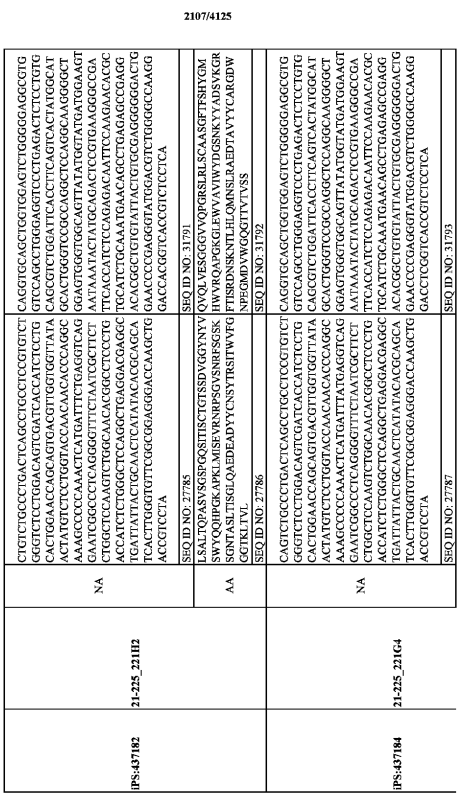
【図５０－１２３０】



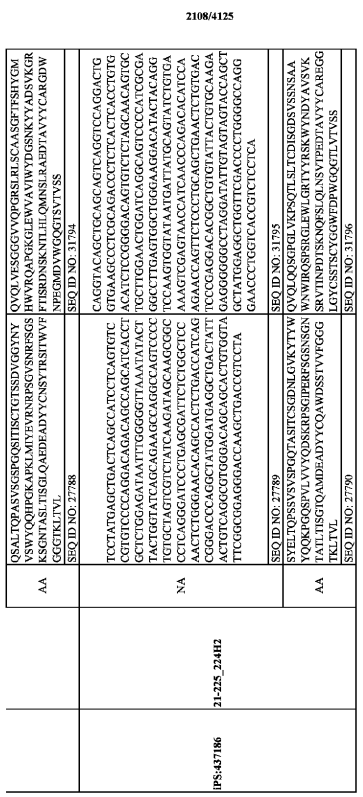
【図５０－１２３１】



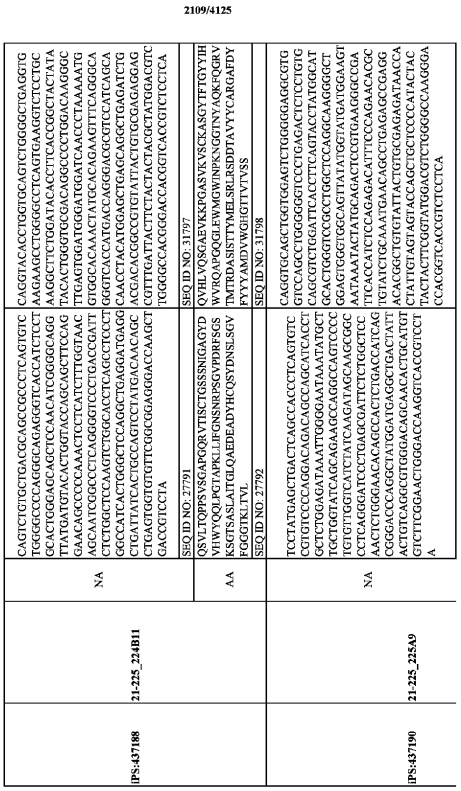
【図５０－１２３２】



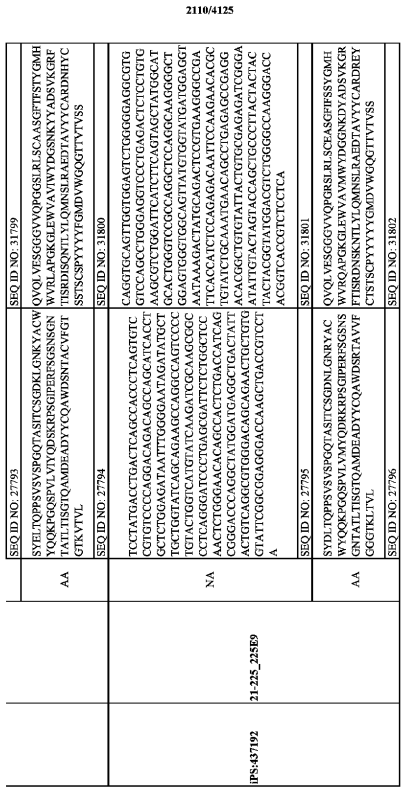
【図５０－１２３３】



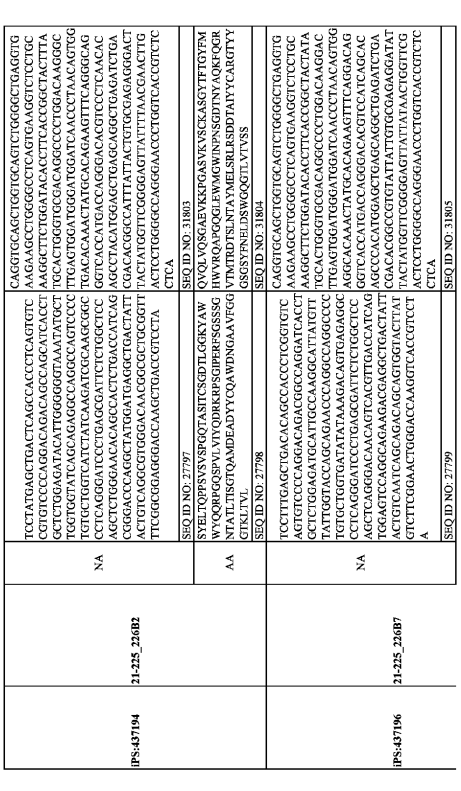
【図５０－１２３４】



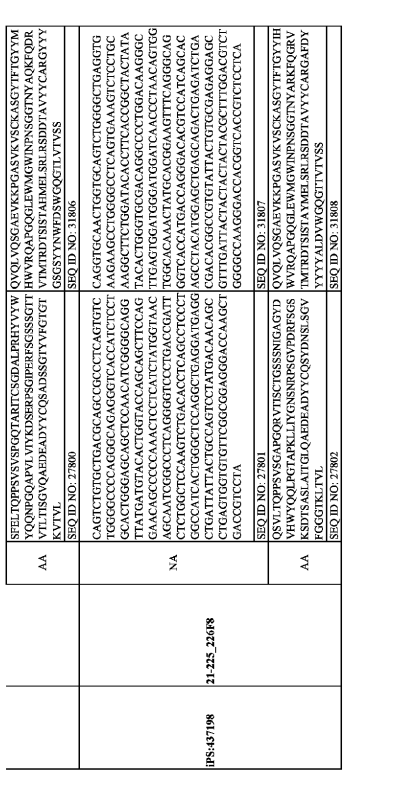
【図５０－１２３５】



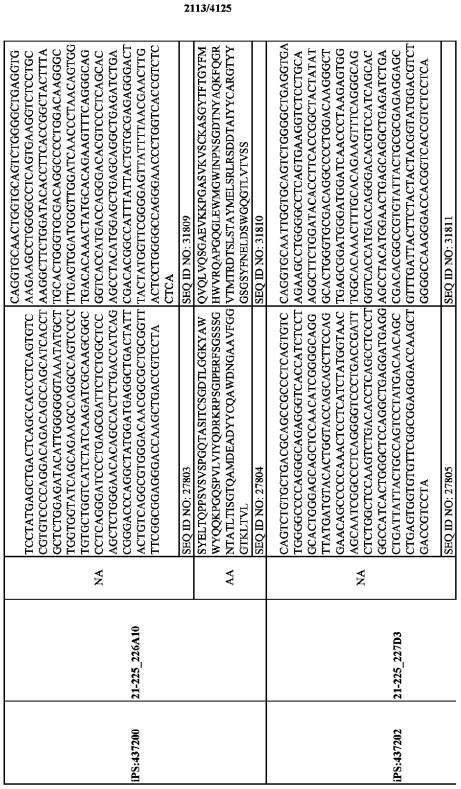
【図５０－１２３６】



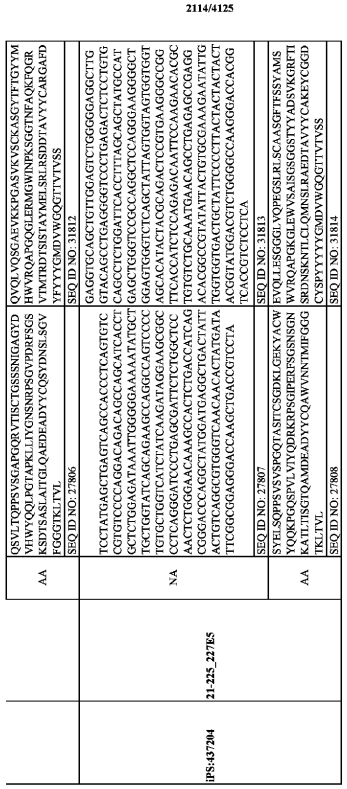
【図５０－１２３７】



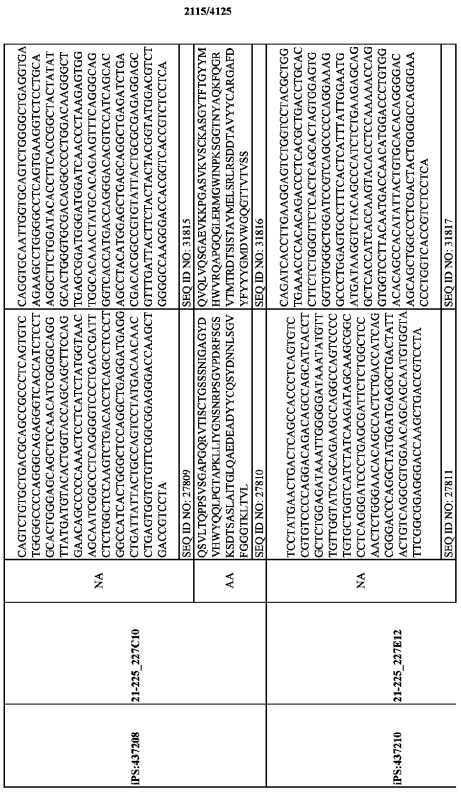
【図５０－１２３８】



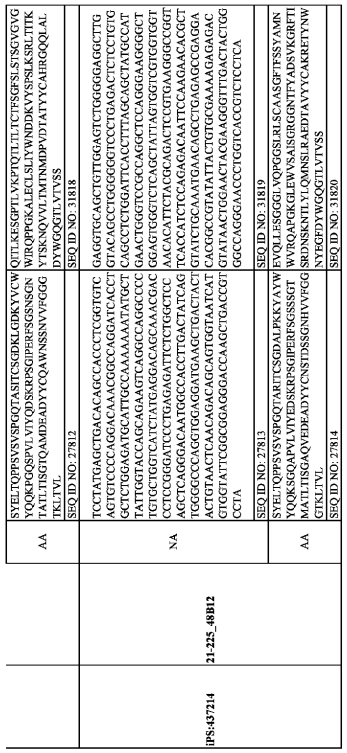
【図５０－１２３９】



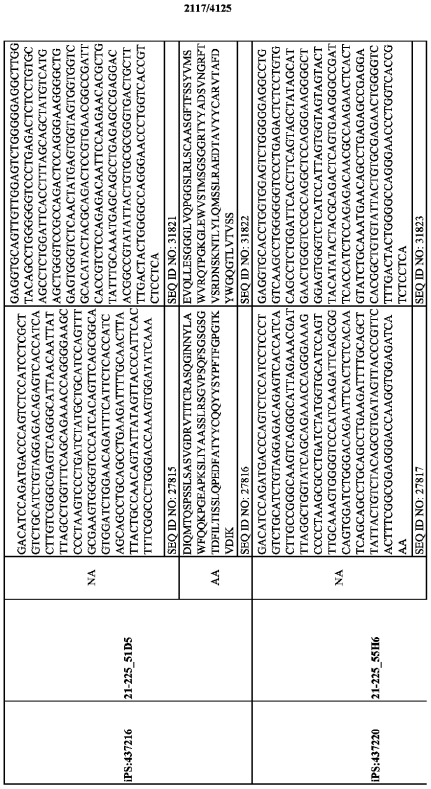
【図５０－１２４０】



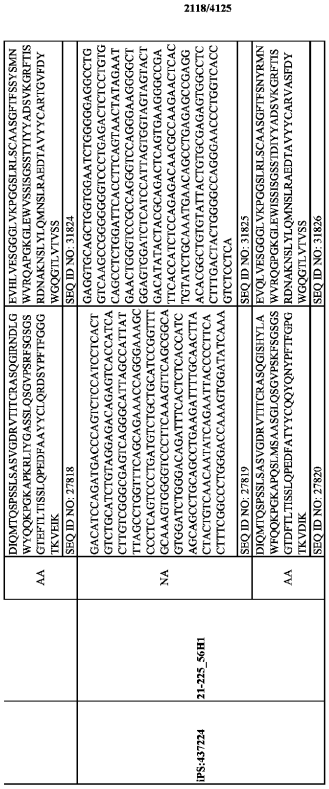
【図５０－１２４１】



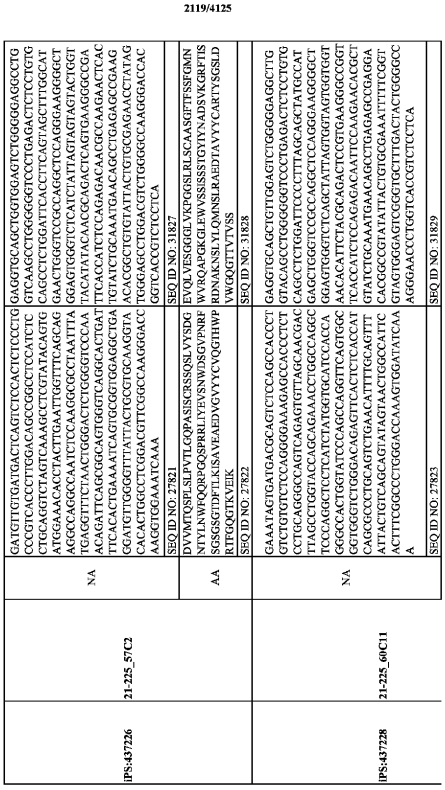
【図５０－１２４２】



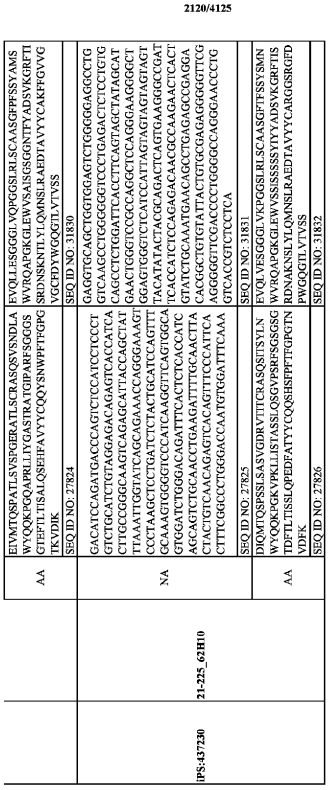
【図５０－１２４３】



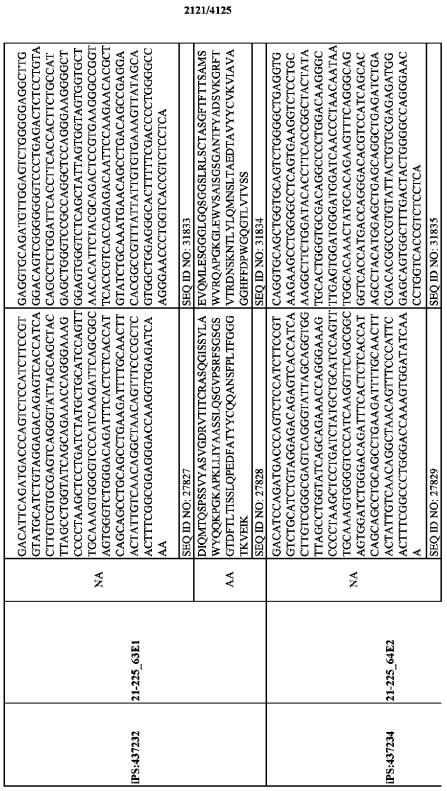
【図５０－１２４４】



【図５０－１２４５】



【図５０－１２４６】


2121/4125
FIGURE 50
iPS:437232
21-225_63E1
NA
GACATTCAGATGACCCAGTCTCCAATCTTCCGT GAGGTGCAGATGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG
GTATGCACTGTGACAGAGATCAATCACTAC GGACAGTCGGGAGGGTTCCTGAGACTCTCCTGTA
CTTGCCATCTTCGGAGACAAGGTTACTCTAC TTTGCTTCGGACAGGGTACCAAGCTGGAGATC
TTAGCTTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAAG GAGCTTGGGTTCTGGCAGGTTAGAGGGGCT
CCCCTAAGCTCCTGATCTATAGTGCTTCCAGT GGAATGGAGTTCAGCTATTAGTGTCGTCT
TGCGAAAGTTCGGCGTGCCCTTCAGGTTT AACACCTTCAGCGGCACTTCTGGAAGGCGGT
CAGCAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGT CTCACCTTCAACAGTAACAACTTCGACAAGGGA
ACTATTGTCAACAGGCTGAAGATTTGCAACTT GTACTGCAGAGGCCTGAGTCCTGTGACCT
AA
SEQ ID NO: 27827
DIQMTQSPSSVYASVGDRVTITCRASQGISSYLA WVQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPLTFGGG TKVEIK
SEQ ID NO: 27828
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCGCTC ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCA A
SEQ ID NO: 27829
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISNWLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT KVDIK
SEQ ID NO: 27830
GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27831
DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGH NYLDWYLQKPGRSPQLLIYLGSNRASGVPERFS GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQPLQTPF TFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 27832
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWP LTFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 27833
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSVISGGGSTYYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRGNPT FDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27834
GAGGTGCAACTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTG TGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTAT GCATGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAAGGGCT AGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTAGT AACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAATGGCCGG AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27835
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSVISGGGSTYYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRGNPT FDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27836
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG CACCGTCTCCGGATTCACCTTTAGCAGCTAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTTTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTAGT ACACACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAATGGCCGG AAGGTGGACATCAAA
SEQ ID NO: 27837
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWP LTFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 27838
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSVISGGGSTYYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRGNPT FDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27839
GAGGTGCAACTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTG TGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTAT GCATGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAAGGGCT AGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTAGT AACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAATGGCCGG AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27840
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27841
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWP LTFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 27842
CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG CACCGTCTCCGGATTCACCTTTAGCAGCTAT GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTTTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTAGT ACACACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAATGGCCGG AAGGTGGACATCAAA
SEQ ID NO: 27843
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWS LTFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 27844
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSVISGGGSTYYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRGNPT FDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27845
GAGGTGCAACTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTG GTAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTG TGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTAT GCATGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAAGGGCT AGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTAGT AACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGG TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GACACGGCCGTATATTACTGTGCGAAATGGCCGG AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27846
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPVRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWP FTFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 27847
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSVISGGGSTYYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRGNPT FDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27848
GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTAC TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCGCTC ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A
SEQ ID NO: 27849
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27850
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWP LTFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 27851
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSVISGGGSTYYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRGNPT FDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27852
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISNWLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT KVDIK
SEQ ID NO: 27853
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPVRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWS LTFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 27854
GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27855
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMS WVRQAPGKGLEWVSVISGGGSTYYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRGNPT FDYGMDVWGQGTTVTVSS
SEQ ID NO: 27856
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27857
DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDG NTSLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPVRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWP FTFGGGTKVEIK
SEQ ID NO: 27858
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC AGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCAT CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ACTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCGCTC ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAA A
SEQ ID NO: 27859
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27860
GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27861
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27862
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27863
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27864
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27865
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27866
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27867
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27868
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27869
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27870
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27871
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27872
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27873
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27874
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27875
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27876
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27877
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27878
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGGAGGGGCT AGAGTCCTGAGACAGTTCAGTGATAGTGGGTCAGT TAAGGTTTCTACTGGGGACTCCTGGGGTCCCAG ACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGAT TTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGA TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG GCATTGTGGGGTTTATTACTGTGCAAGTAA CACACTGGTTGCTACTTTCGGCGGAGGGACC AAGGTGGAGATCAAA
SEQ ID NO: 27879
GAAGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTG CCCGTCACCCTTGGAGAGCCGGCCTCCATCTC CTGCAGGTCTAGTCAAGAGCCTCCTGCATAGTA ATGGAAACCACTATTTGTATTGGTACCTACAG AAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTA GAGGCTGGGTCCGGCCAGGCTCCAGGGG

【図５０－１２５０】

FIGURE 50

2125/4125

IPS:437256	21-225_150F11		NA	GATGTTGTTGATGAGTCAGTATCCACTCTCCCT
				GCCGCTTCAGCTTGGGACAGCGGCTCCTCATCT
				CATGCAGCTTCGGATACAGCTCGTATACTGT
				GATGCAAACACCTATCTGCATTTCTGCATCAGT
				GAGCGCAGGTCCAATATCGAAGGCTTAATTT
				ATAAGTTTCCTACGCTGGTACTATGGGTCTCA
				GTCAATTGGCTTCAGCAGTTGGTCCTGCAGCA
				TTTCACTGTAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
				ACAACTGGCCTCCACTTTCGGCGGAGGAC
				CAAGGTGGAGAATCAAA
				SEQ ID NO: 27839
			AA	DVVMSQTPLSLPVTPGQPASISCRSSQSLVYSDG
				NTSLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDVGVPVR
				FSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQGTHW
				PPTFGQGTKVEIK
				SEQ ID NO: 27840
IPS:437258	21-225_153F9		NA	CAGGTACACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
				GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
				CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGCTATGGCAT
				GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
				GGAGTGGGTGGCTGTTATATGGTATGATGGAAGT
				AATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
				TTCACCATCTCCAGAGTCAATTCCAGGAACACGC
				ACAACGCCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAG
				AGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGA
				ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
				GTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31845
			AA	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGGSISSGN
				HWSWIRQPPGKGLEWIGEIYHSGSTNYNPSLK
				SRVTISVDKSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAR
				DRVEGATFDIWGQGTMVTVSS
				SEQ ID NO: 31846

【図５０－１２５１】

FIGURE 50

2126/4125

IPS:437260	21-225_170D11		NA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGGGCTGGGGGAGGCGTG
				GTCCAGGCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
				CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGCTATGGCAT
				GCACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
				GGAGTGGGTGGCTGTTATATGGTATGATGGAAGT
				GAAGCGCAGGTCCAATATCGAAGGCTTAATTT
				ATAAGTTTCCTACGCTGGTACTATGGGTCTCA
				GTCAATTGGCTTCAGCAGTTGGTCCTGCAGCA
				TTTCACCATCTCCAGAGTCAATTCCAGGAACACGC
				ACAACGCCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAG
				AGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGA
				ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
				GTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31845
			AA	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGGSISSGN
				HWSWIRQPPGKGLEWIGEIYHSGSTNYNPSLK
				SRVTISVDKSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAR
				DRVEGATFDIWGQGTMVTVSS
				SEQ ID NO: 31846
IPS:437258	21-225_153F9		NA	CAGGTACACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
				GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
				CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGCTATGGCAT
				GCACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
				GGAGTGGGTGGCTGTTATATGGTATGATGGAAGT
				GAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA
				TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
				TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
				GTGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGG
				ACACGCCTGTGTTATTACTGTCGAGAGGGGG
				TTACTGCCAACAATCTATAATAGTTACCCGCTA
				ACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCA
				CGGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31847
IPS:437260	21-225_170D11		AA	QVHLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGMH
				WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSDTYADSVKGRF
				TISRDISKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRDYC
				SGGNCPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
				SEQ ID NO: 31848
			NA	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
				AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCA
				AGGCTTCACCAGCTACGGCTCTAGTTTAT
				GCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCT
				TGAGTGGATGGGATGGATCAACGCTAACAATGGT
				AACACAATTTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGA
				GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGCACA
				GCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGAC
				GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGG
				GGCTACGGTGACTACGTGGGGGGTCTTTGACTAC
				TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31849
			AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYFM
				HWVRQAPGQGLEWMGWIKPKSGGTNSAQRFQG
				RVTMTRDTSISTAYMELNWLRSDPTAVYYCARGGT
				VTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCARGGT
				TVATWGVFDYWGQGTLVTVSS
				SEQ ID NO: 31850

【図５０－１２５２】

FIGURE 50

2127/4125

iPS:437262	21-225_170E4		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCCCCT
				GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
				CTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGCAATTAT
				TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
				CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCACTT
				TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
				AGCAGAGGCTGGACAGATTTTCAACTTCACC
				TTCACTGTCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATT
				GCAACATATTACTGTCAACAGTATGATAATCTC
				CCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAG
				ATCAAA
				SEQ ID NO: 27845
			AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLG
				WYQQKPGKAPKRLIYAASGLQSGVPSRFSGSGS
				GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGQ
				GTKVDIK
				SEQ ID NO: 27846
iPS:437264	21-225_171H12		NA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
				AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
				AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTTTA
				TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
				TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
				TGGCACAAACTCTGCAGAAGGTTTCAGGGCA
				GGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCATCAACA
				CAGCCTACATGGAGCTGAACAGGCTGAGATCTG
				ACGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGGGG
				GGACTACGGTGGCTACGTGGGGGGTCTTTGACTA
				CTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 27847
			AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCKASGYTFTGYFM
				HWVRQAPGQGLEWMGWIKPKSGGTNSAQRFQG
				RVTMTRDTSINTAYMELNRLRSDDTAVYYCARGGT
				TVATWGVFDYWGQGTLVTVSS
				SEQ ID NO: 31853

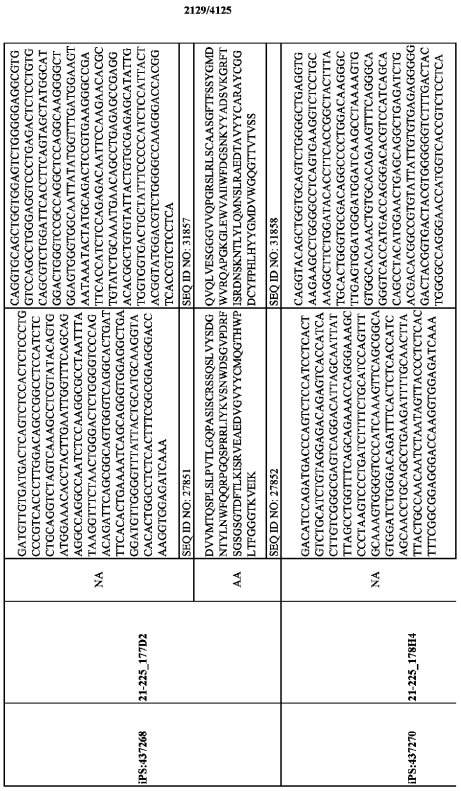
【図５０－１２５３】

FIGURE 50

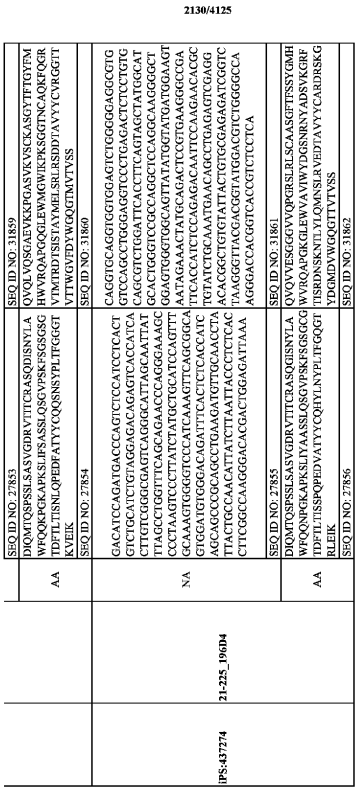
2128/4125

iPS:437266	21-225_177A5		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCTCACT
				GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
				CTTGTCGGGCGAGTCAGGACATTAGTAAT
				TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC
				CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTT
				GCAAAAGTGGGGTCCCATCACGTTCAGTGGC
				AGCAGGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACT
				TACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCTCTCACT
				TTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA
				SEQ ID NO: 27849
			AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLA
				WFQQKPGKAPKSLIYSASSLQSGVPSKFSGSGSG
				TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSDSYPLTFGGGT
				KVEIK
				SEQ ID NO: 27850
			NA	CAGGTGCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTG
				AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGCCGGTCTCCTGCA
				AGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTTTAT
				GCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCT
				TGAGTGGATGGGATGGATCAACGCTAACAATGGT
				AACACAATTTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGA
				GTCACCATGACCAGGGACACGTCCATAAGCACA
				GCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGAC
				GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGG
				TTACTGCCAACAATCTATAATAGTTACCCGCTA
				ACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCA
				CGGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 31849
			AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYFM
				HWVRQAPGQGLEWMGWIKPKSGGTNCAQKFQGR
				VTMTRDTSSSTAYMELSRLTSDDTAVYYCARGGA
				TVTTWGVFDYWGQGTLVTVSS
				SEQ ID NO: 31850

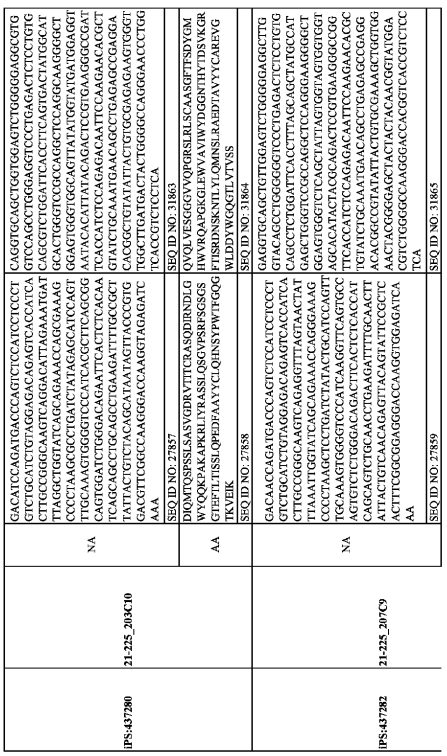
【図５０－１２５４】



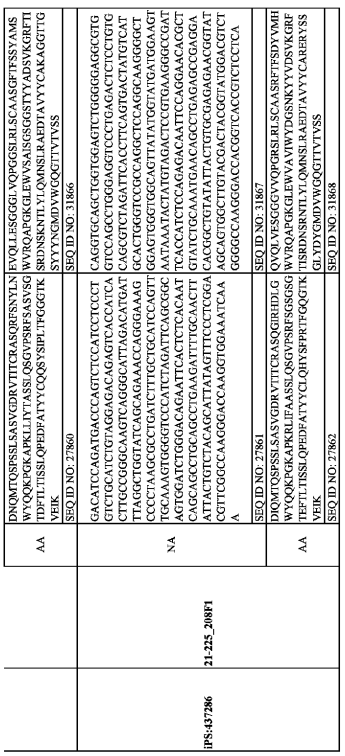
【図５０－１２５５】



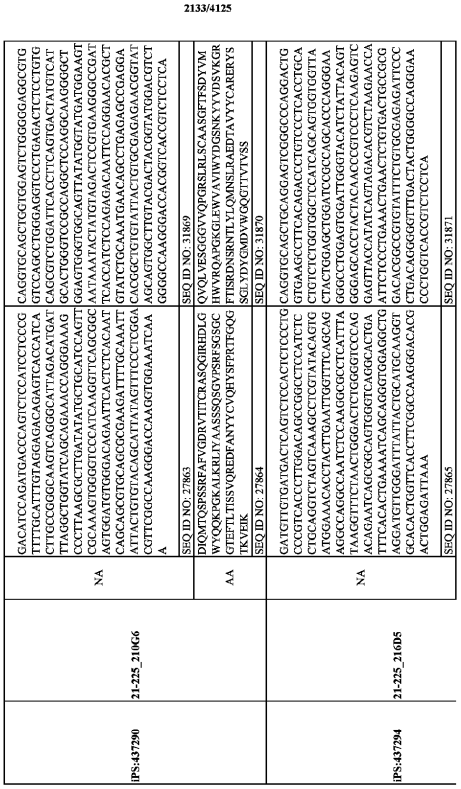
【図５０－１２５６】



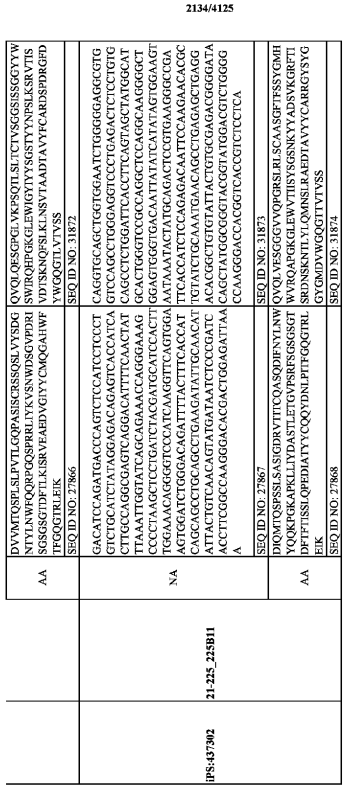
【図５０－１２５７】



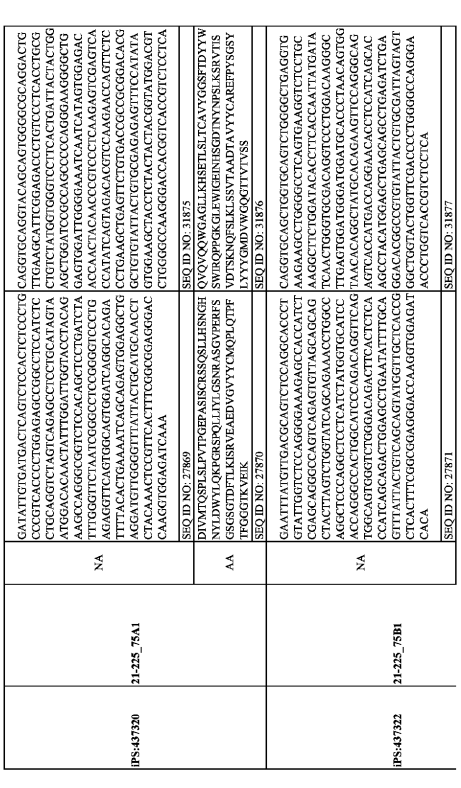
【図５０－１２５８】



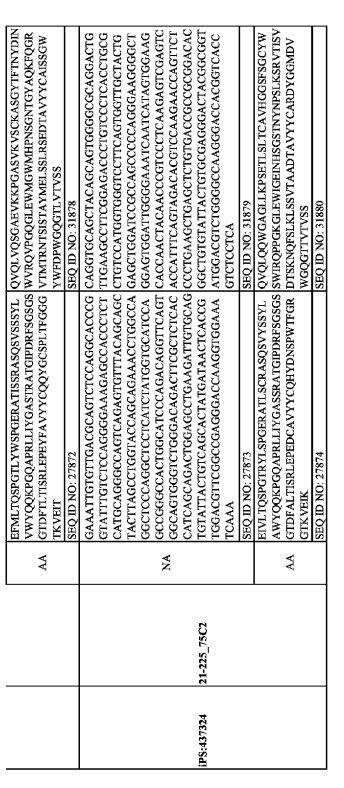
【図５０－１２５９】



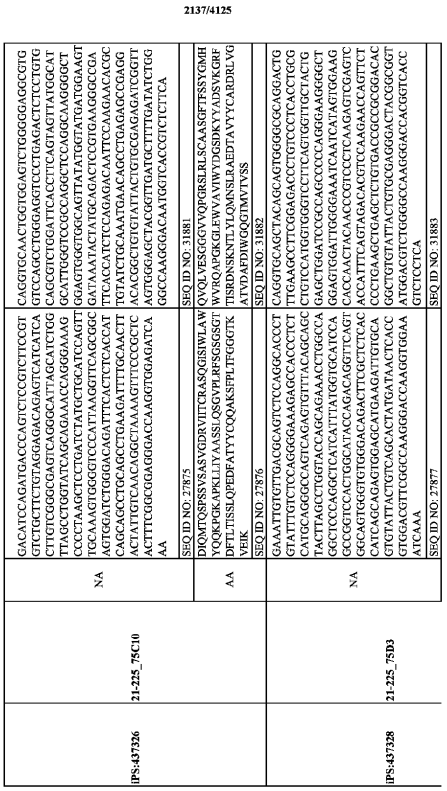
【図５０－１２６０】



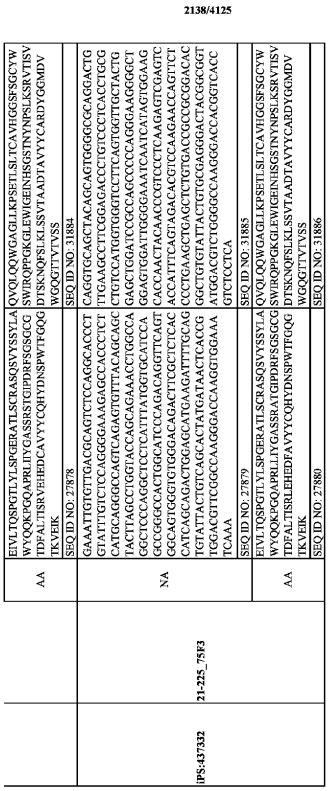
【図５０－１２６１】



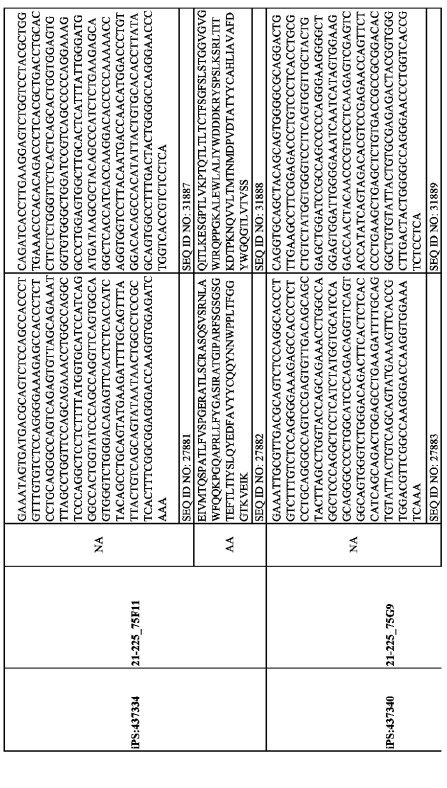
【図５０－１２６２】



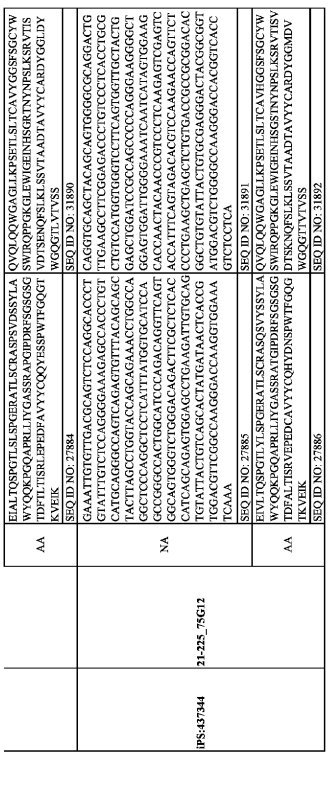
【図５０－１２６３】



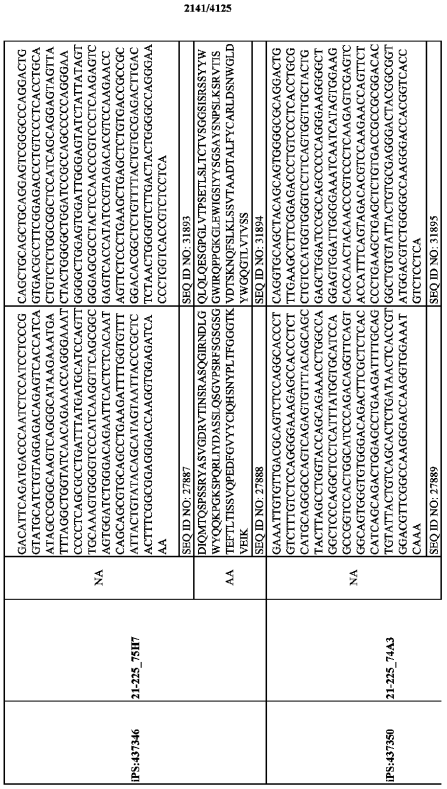
【図５０－１２６４】



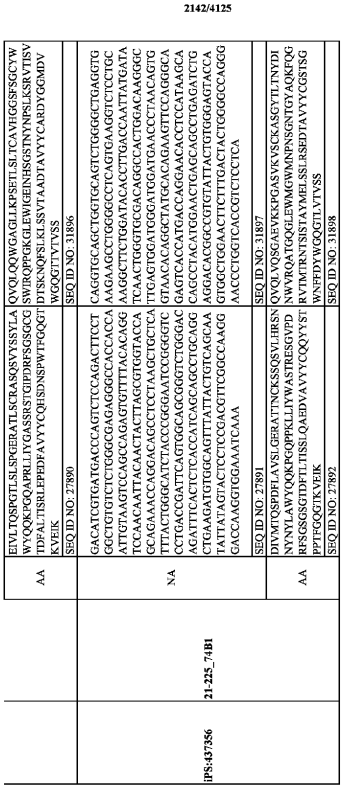
【図５０－１２６５】



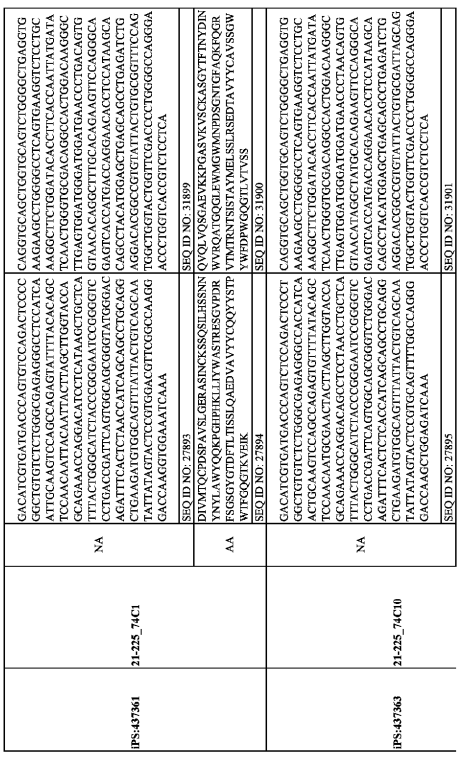
【図５０－１２６６】



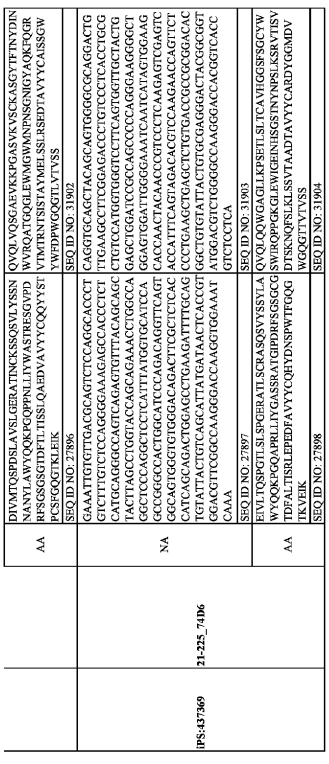
【図５０－１２６７】



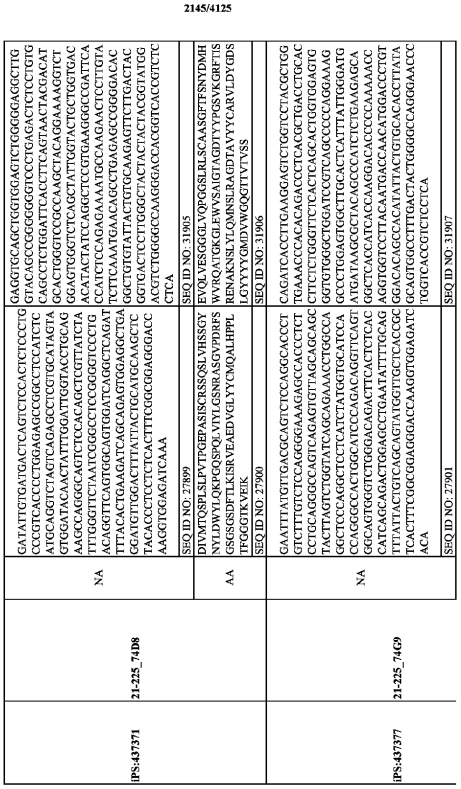
【図５０－１２６８】



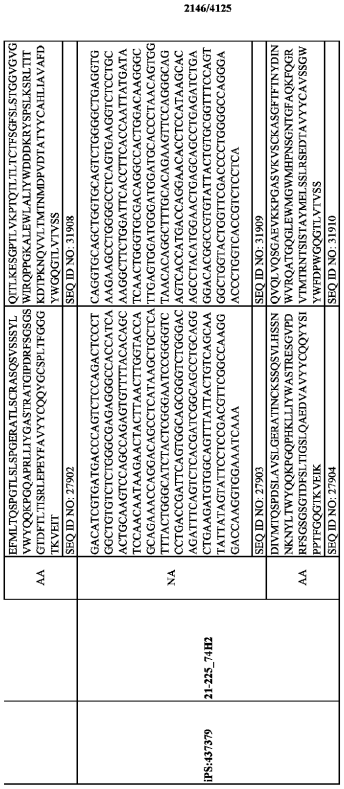
【図５０－１２６９】



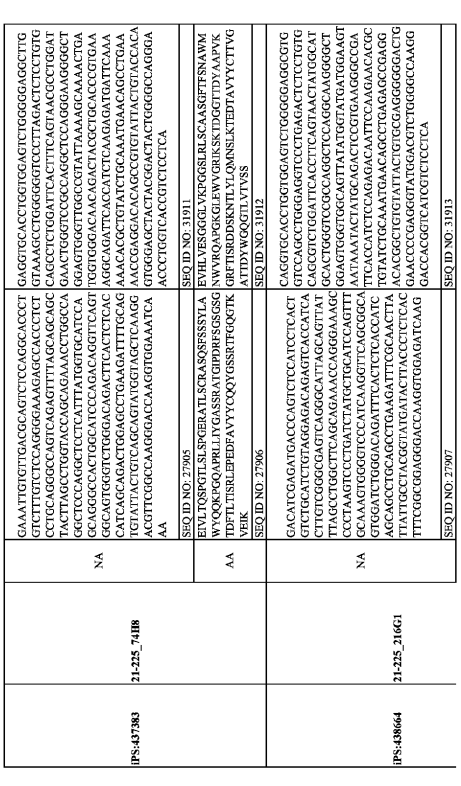
【図５０－１２７０】



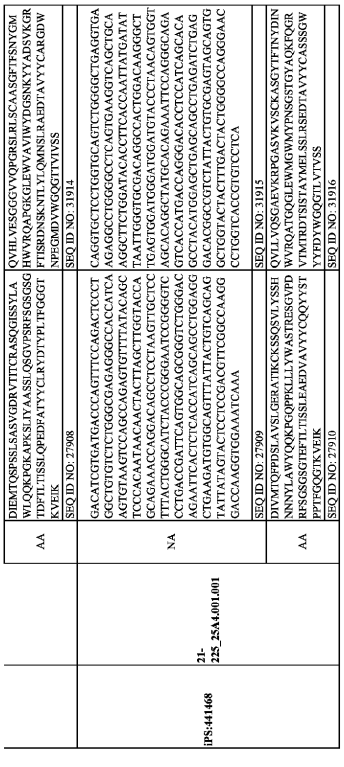
【図５０－１２７１】



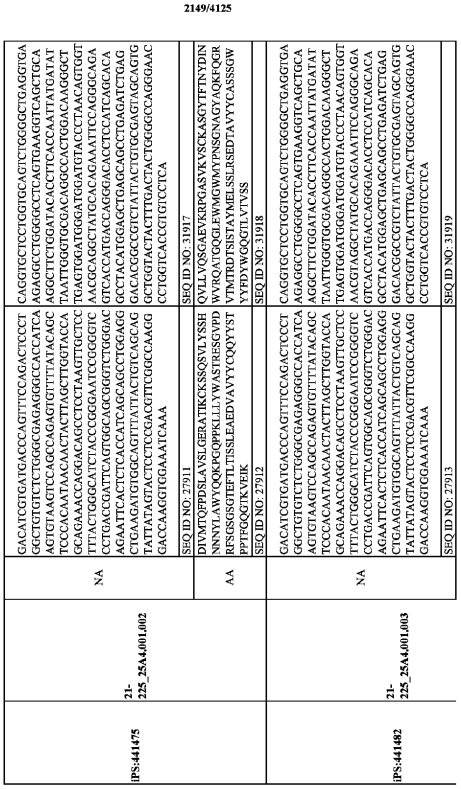
【図５０－１２７２】



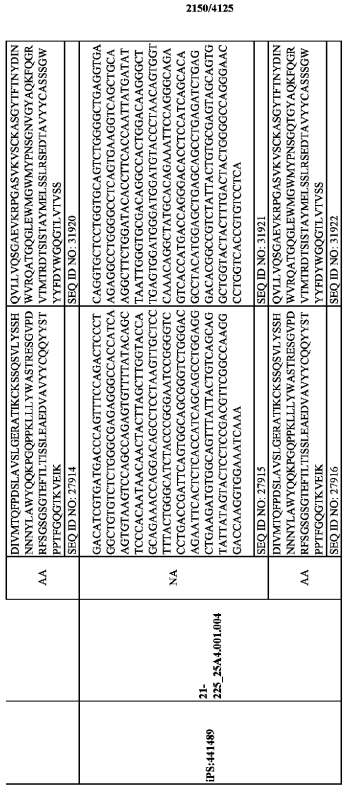
【図５０－１２７３】



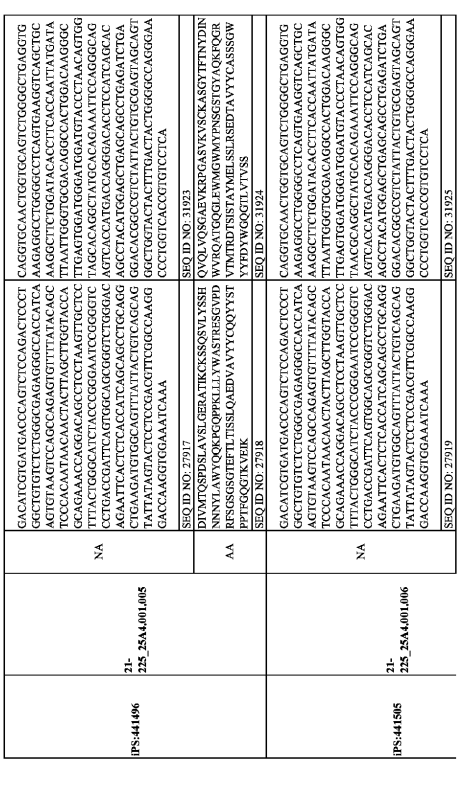
【図５０－１２７４】



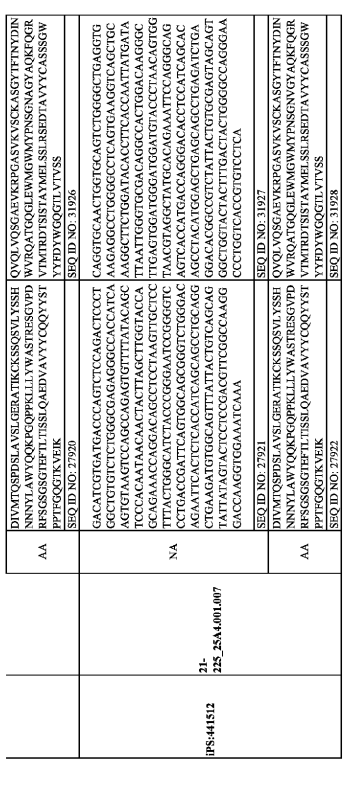
【図５０－１２７５】



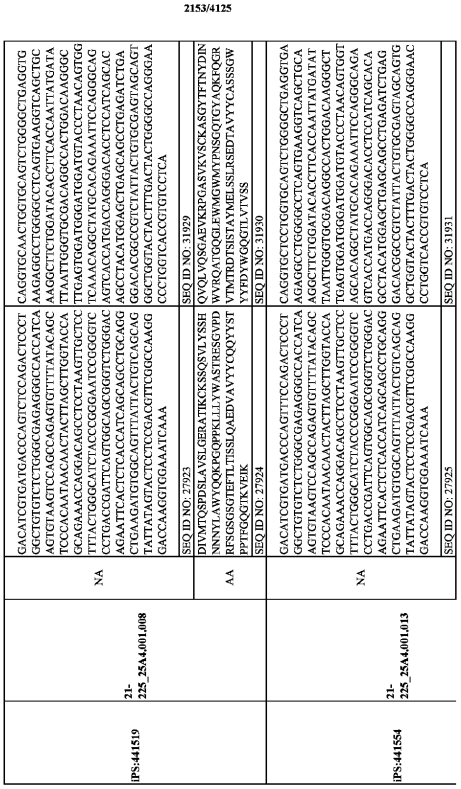
【図５０－１２７６】



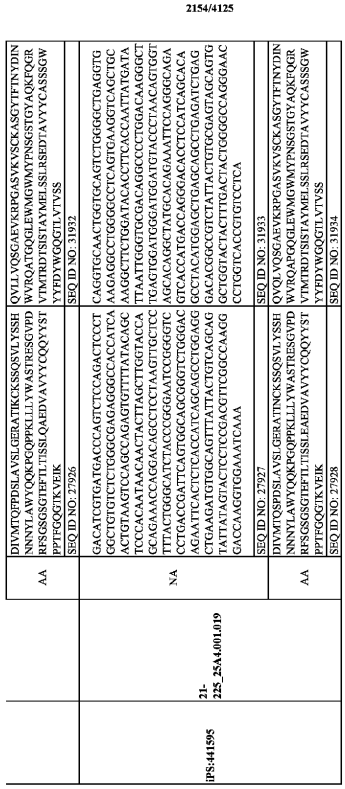
【図５０－１２７７】



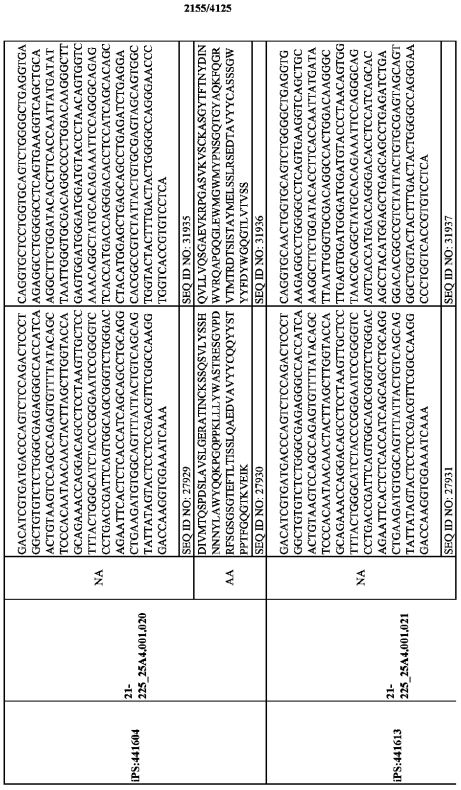
【図５０－１２７８】



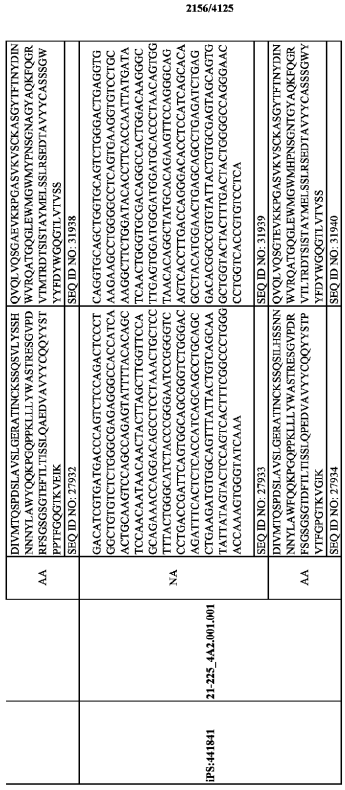
【図５０－１２７９】



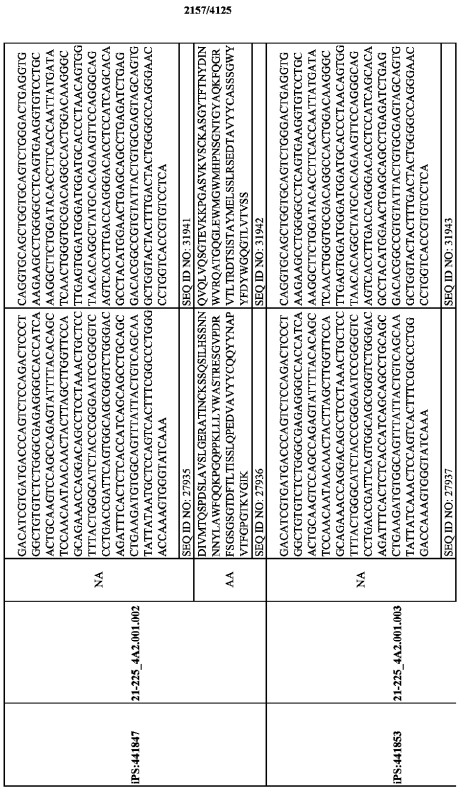
【図５０－１２８０】



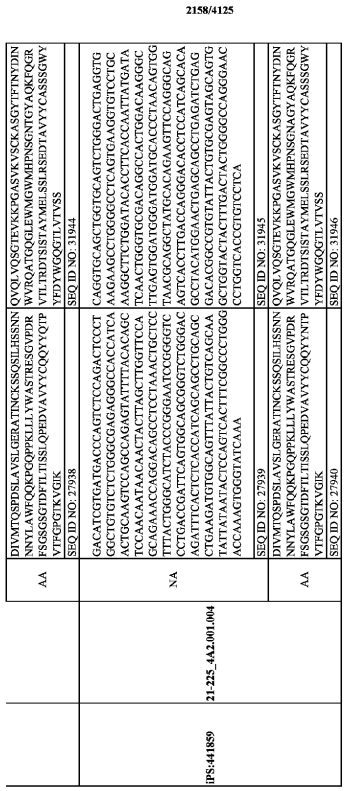
【図５０－１２８１】



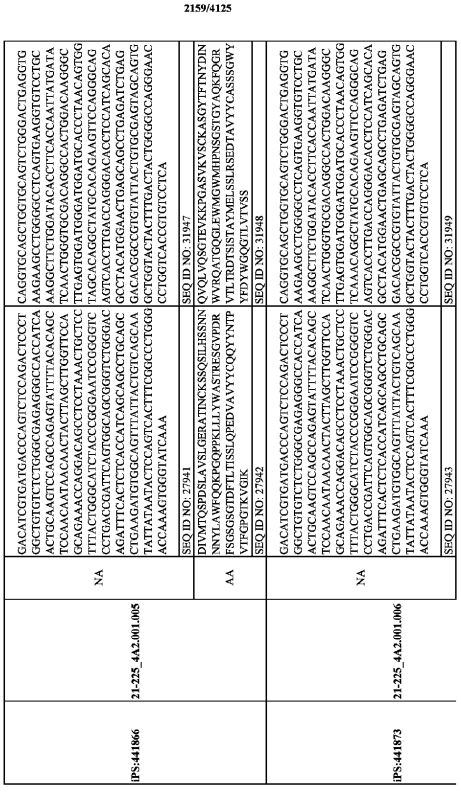
【図５０－１２８２】



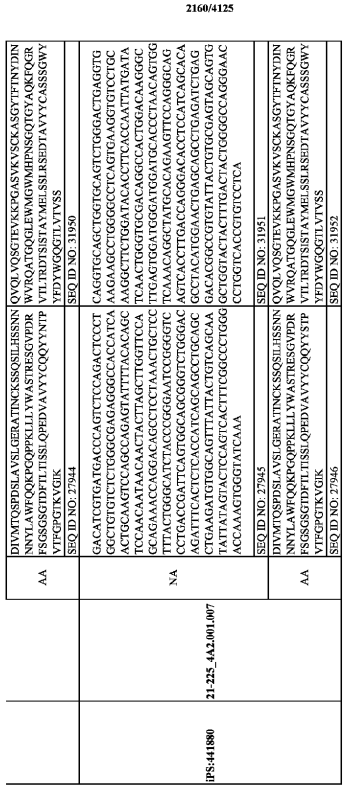
【図５０－１２８３】



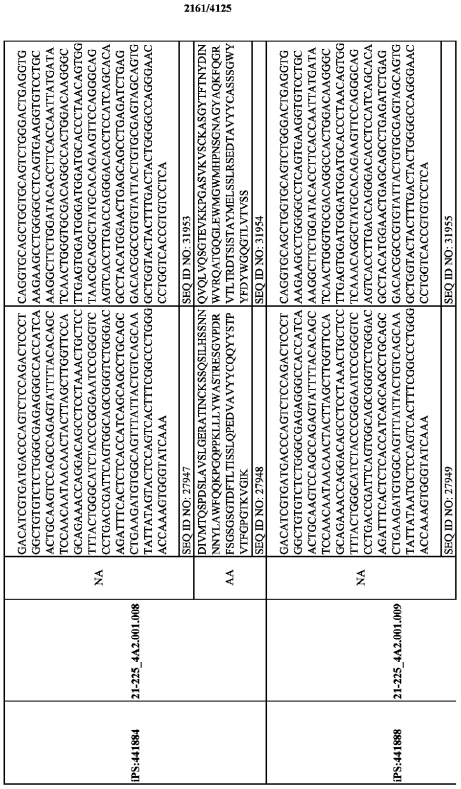
【図５０－１２８４】



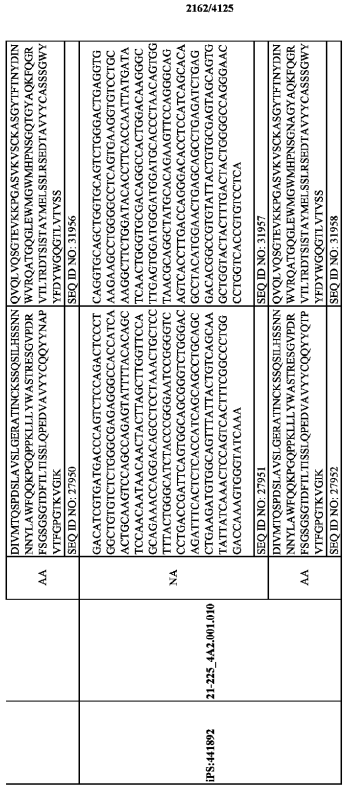
【図５０－１２８５】



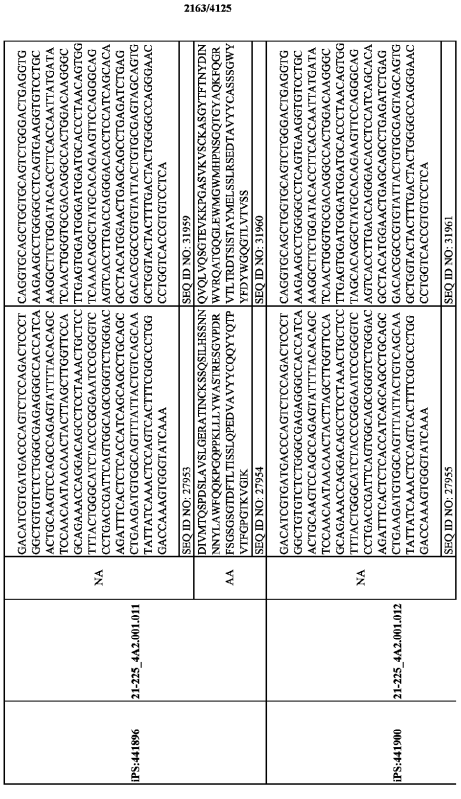
【図５０－１２８６】



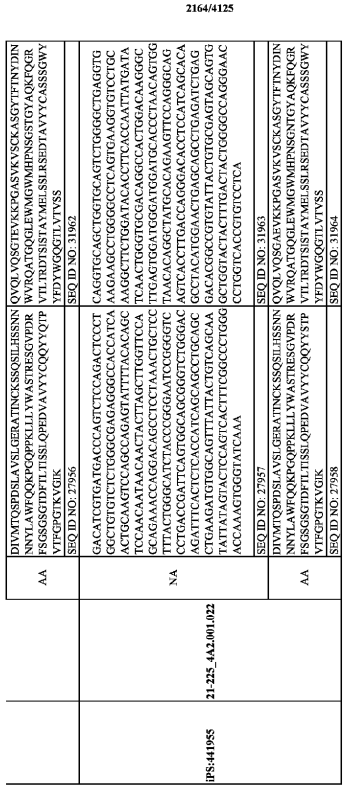
【図５０－１２８７】



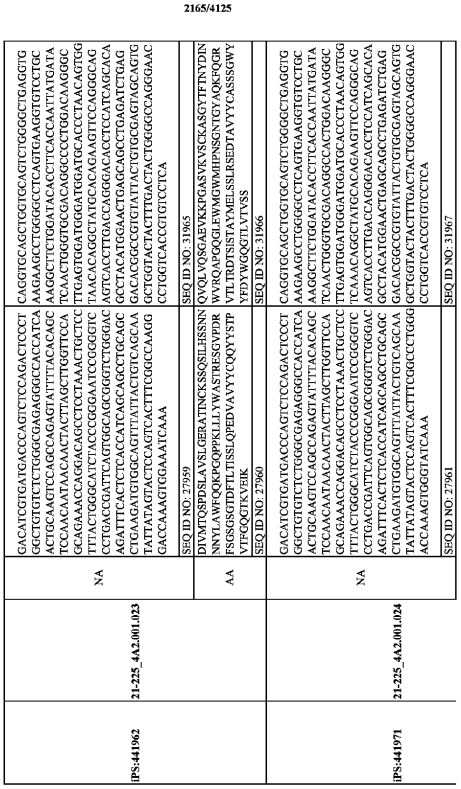
【図５０－１２８８】



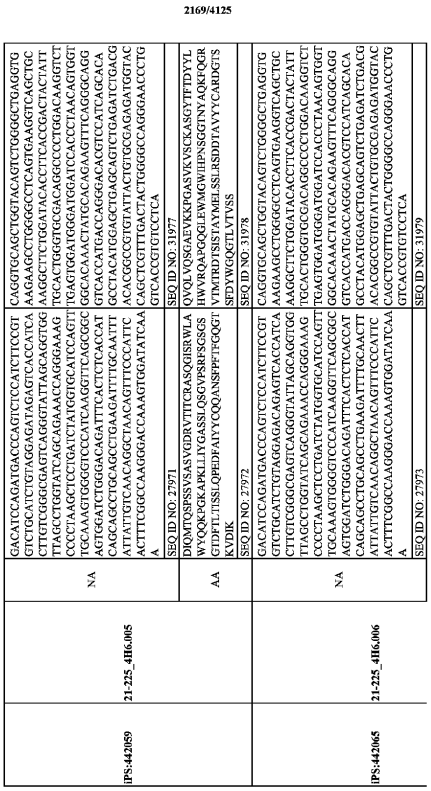
【図５０－１２８９】



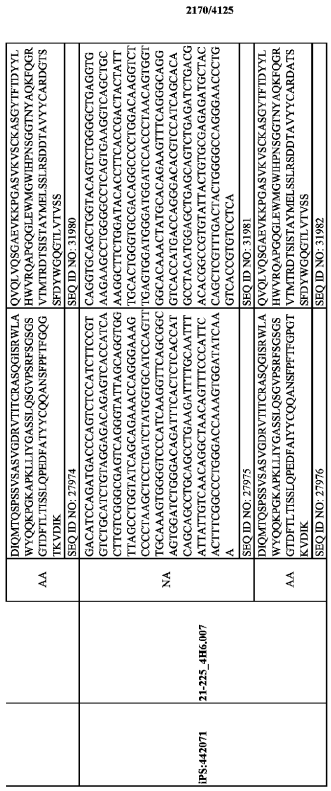
【図５０－１２９０】


2165/4125
FIGURE 50
iPS:441962
21-225_4A2.001.023
NA
AA
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTTGTCTCCAGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27959
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILHSSNN
NNYLAWFQQKPGQPPKLLLYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYCQQYYSTP
VTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 27960
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTTGTCTCCAGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27961
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTTGTCTCCAGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27962
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27963
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILHSSNN
NNYLAWFQQKPGQPPKLLLYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYCQQYYSTP
VTFGPGTKVEIK
SEQ ID NO: 27964
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27965
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILHSSNN
NNYLAWFQQKPGQPPKLLLYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYCQQYYSTP
VTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 27966
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27967
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILHSSNN
NNYLAWFQQKPGQPPKLLLYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYCQQYYSTP
VTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 27968
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27969
DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQDISRWLA
WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS
GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPFTFGPGT
KVDIK
SEQ ID NO: 27970
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWIIPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARDGTS
SPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27971
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 27972
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 27973
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILHSSNN
NNYLAWFQQKPGQPPKLLLYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYCQQYYSTP
VTFGPGTKVEIK
SEQ ID NO: 31971
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILHSSNN
NNYLAWFQQKPGQPPKLLLYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYCQQYYSTP
VTFGQGTKVEIK
SEQ ID NO: 31972
GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA
ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTATTTACACAGC
TCCAACAATAACAACTACTTAGCTTGGTTCCA
GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCC
TTGAGTGGATGGGATGGCATCCCTAACAGTGG
TTTACTGGGCATCTACCGGGGAATCCCGGGGTC
CCTGACGGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC
CTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA
GACCAAAGTGGAAATCAAA
SEQ ID NO: 31973
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSILHSSNN
NNYLAWFQQKPGQPPKLLLYWASTRESGVPDR
FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYCQQYYSTP
VTFGPGTKVEIK
SEQ ID NO: 31974
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT
GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA
CTTGTCGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGGTGG
TTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG
CCCCTAAGCTCCTGATCTATGGTGCAGCATCC
TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGC
AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT
ATTATTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCATTC
ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA
A
SEQ ID NO: 27975
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYYL
IHWVRQAPGQGLEWMGWIIPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCARDGTS
SPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31976
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYYL
IHWVRQAPGQGLEWMGWIIPNSGGTNYAQKFQGR
VTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCARDGTS
SPDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31977
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31978
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31979
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31980
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31981
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31982
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31983
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31984
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31985
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31986
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31987
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31988
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31989
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31990
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31991
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31992
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31993
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31994
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31995
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31996
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31997
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31998
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 31999
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32000
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32001
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32002
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32003
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32004
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32005
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32006
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32007
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32008
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32009
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32010
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32011
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32012
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32013
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32014
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32015
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32016
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32017
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32018
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32019
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32020
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32021
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32022
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32023
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32024
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32025
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32026
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32027
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32028
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32029
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32030
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32031
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32032
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32033
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32034
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32035
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32036
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32037
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32038
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32039
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32040
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32041
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32042
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32043
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32044
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32045
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32046
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32047
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32048
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32049
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32050
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32051
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32052
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32053
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32054
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32055
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32056
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32057
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32058
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32059
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32060
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32061
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQAPGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGWY
YFDYWGQGTLVTVSS
SEQ ID NO: 32062
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGQTGYAQKFQGR
VTLTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASS

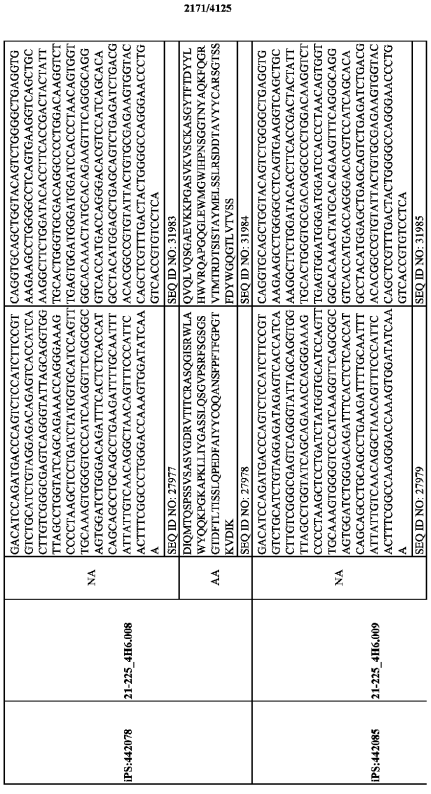
【図５０－１２９４】



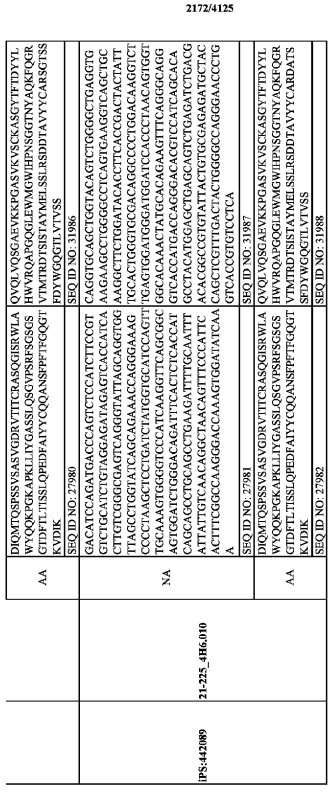
【図５０－１２９５】



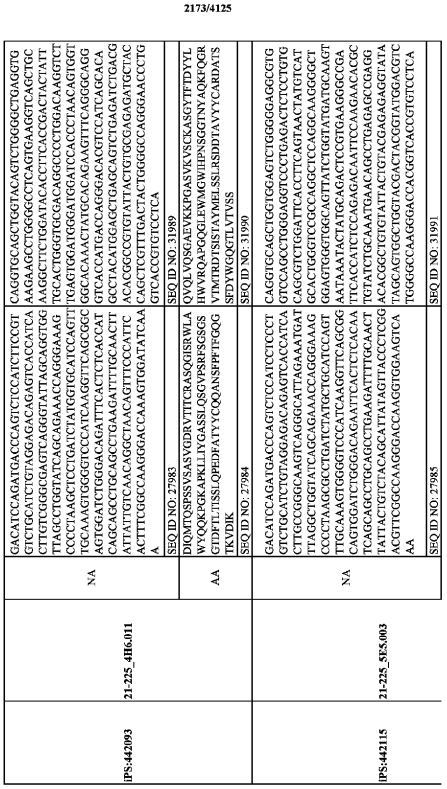
【図５０－１２９６】



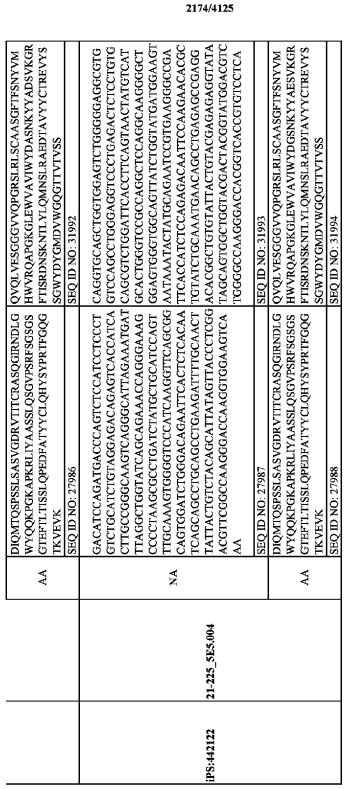
【図５０－１２９７】



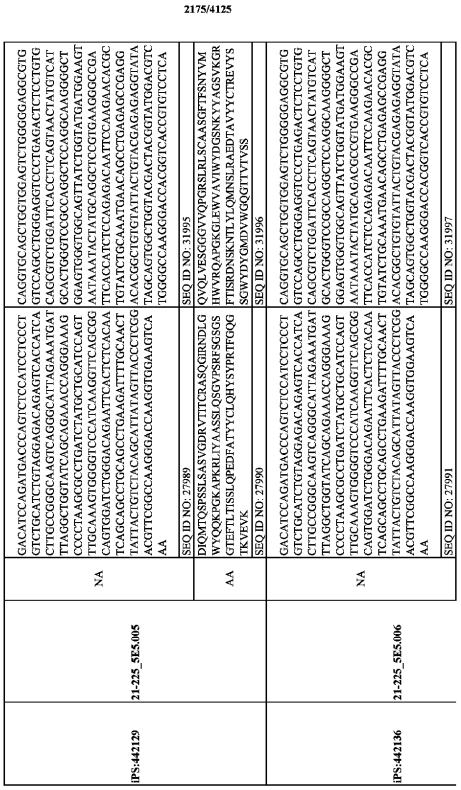
【図５０－１２９８】



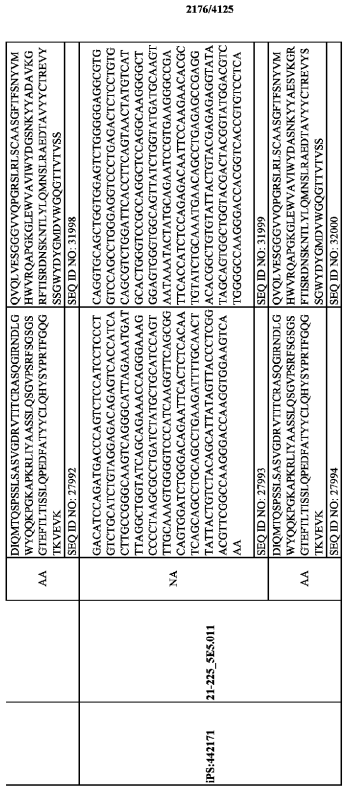
【図５０－１２９９】



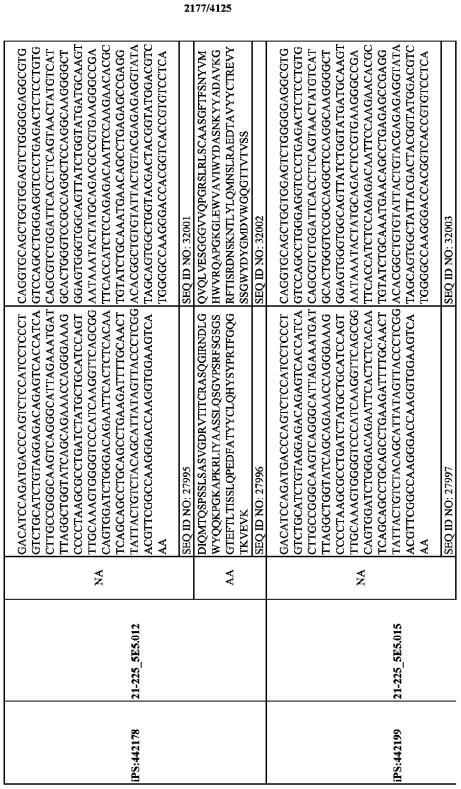
【図５０－１３００】



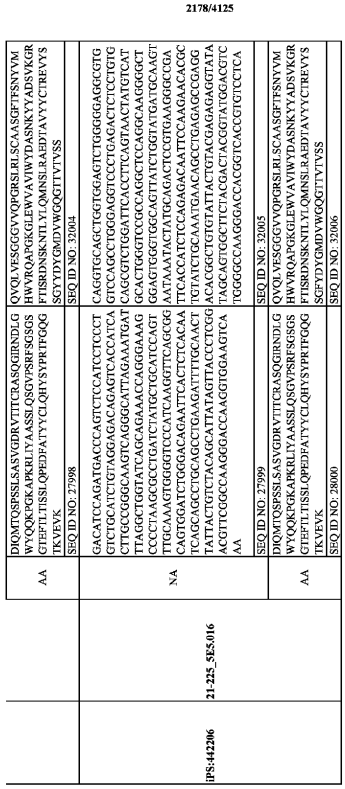
【図５０－１３０１】



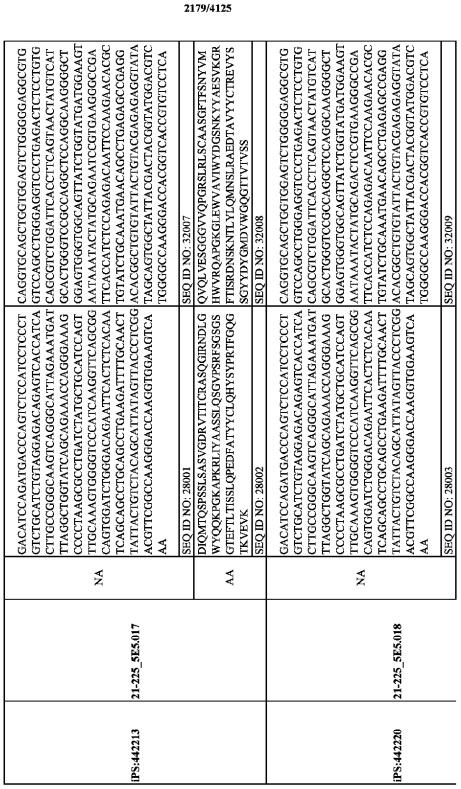
【図５０－１３０２】



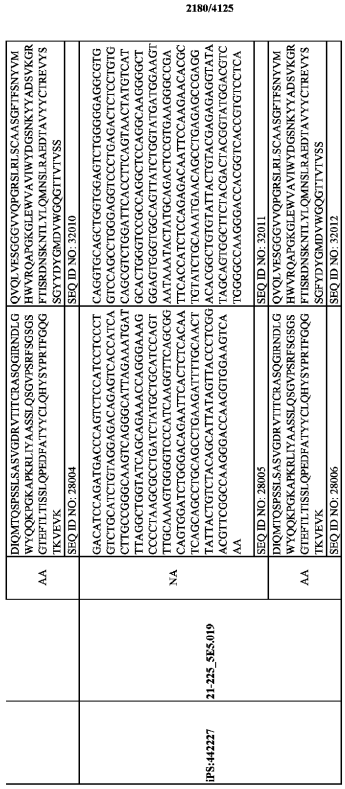
【図５０－１３０３】



【図５０－１３０４】



【図５０－１３０５】



10

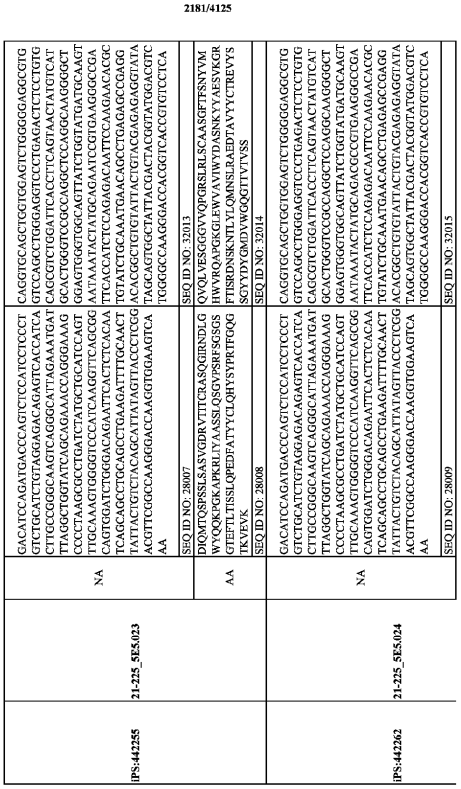
20

30

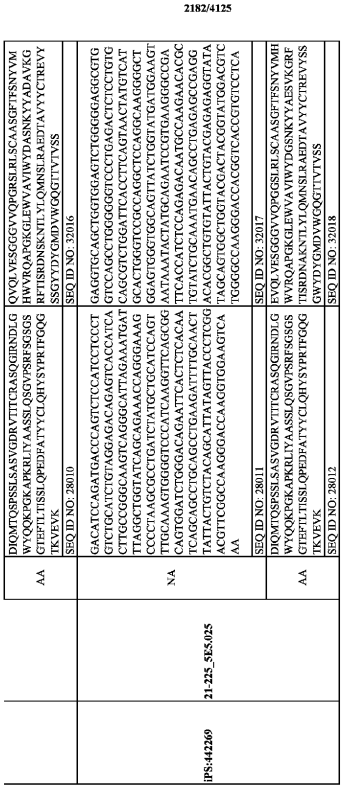
40

50

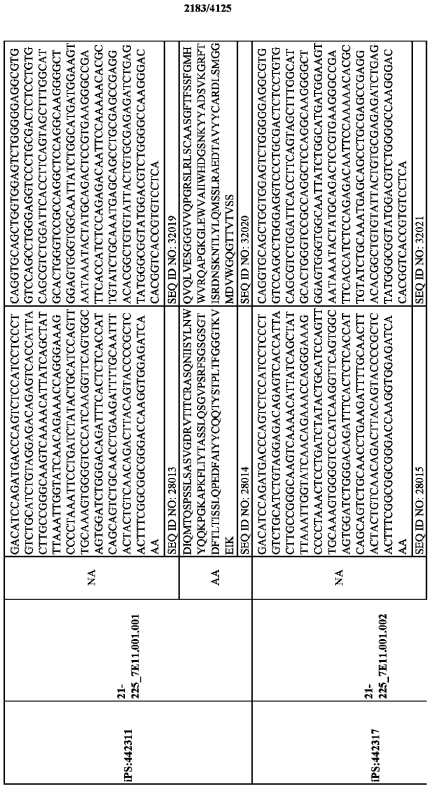
【図５０－１３０６】



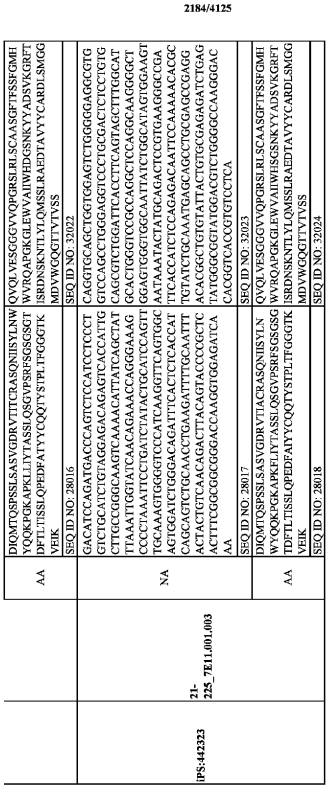
【図５０－１３０７】



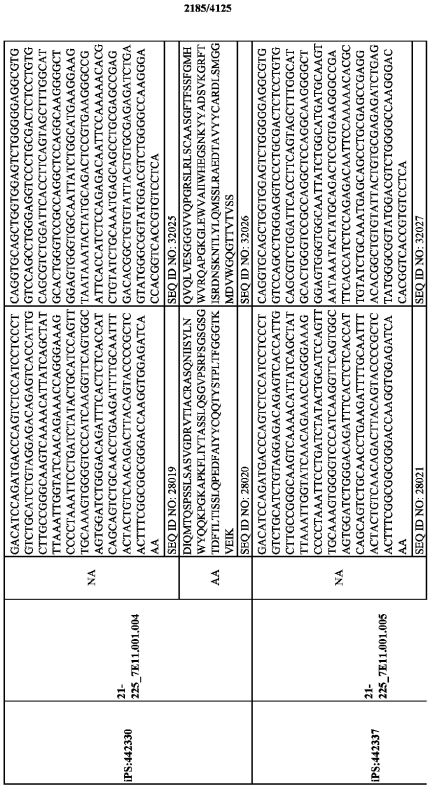
【図５０－１３０８】



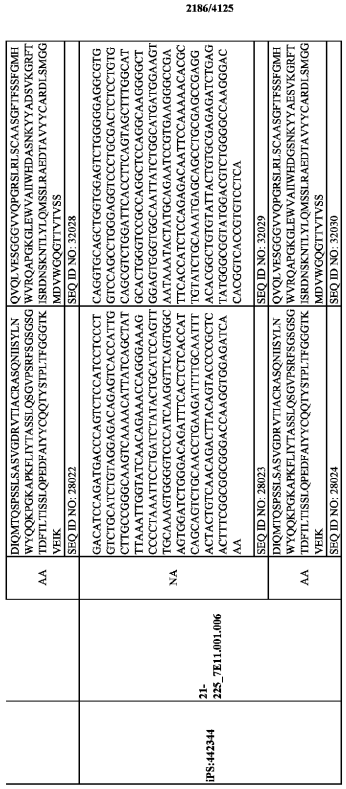
【図５０－１３０９】



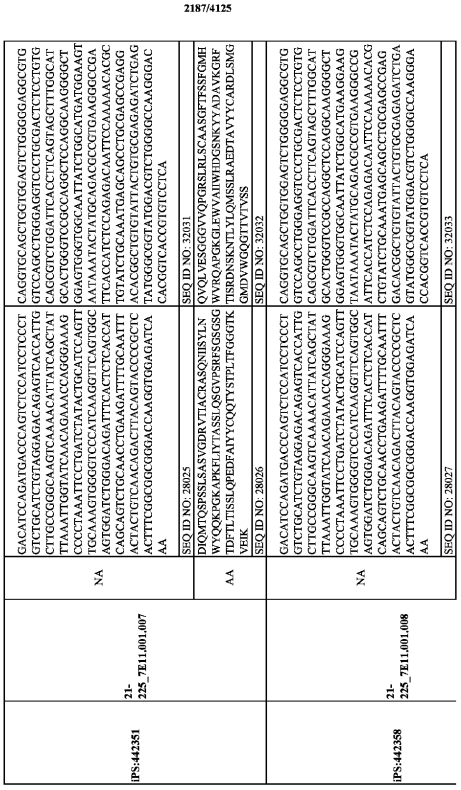
【図５０－１３１０】



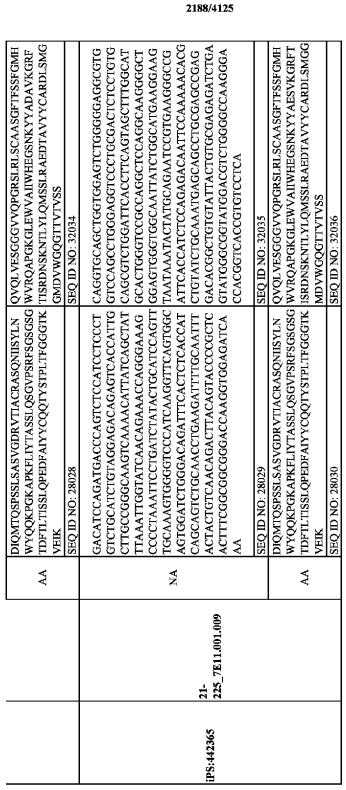
【図５０－１３１１】



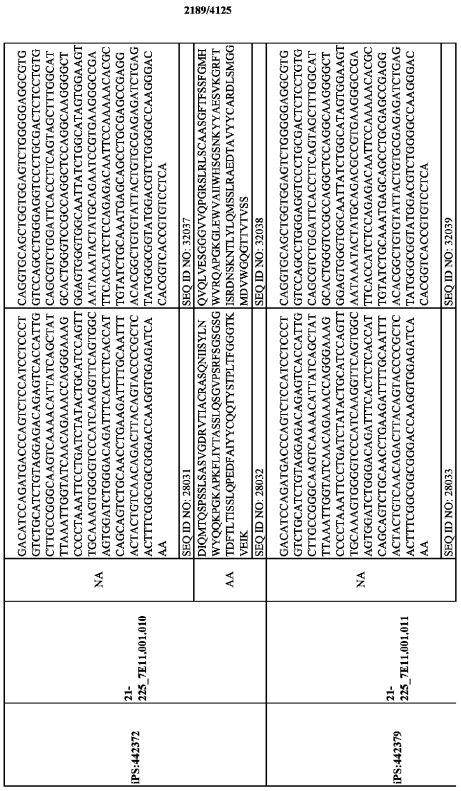
【図５０－１３１２】



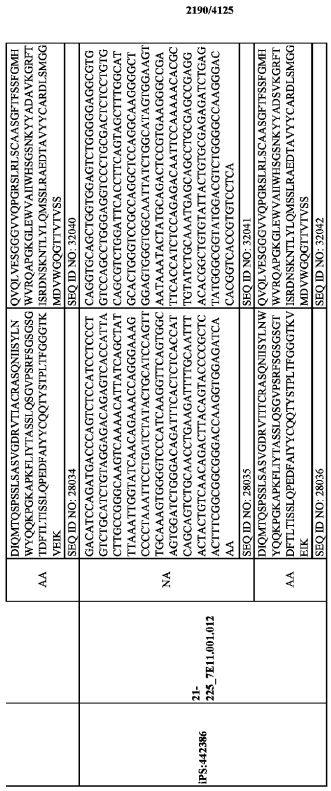
【図５０－１３１３】



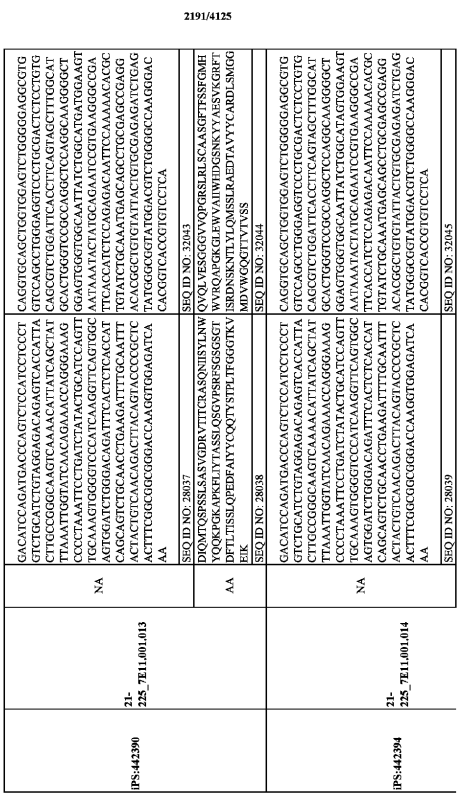
【図５０－１３１４】



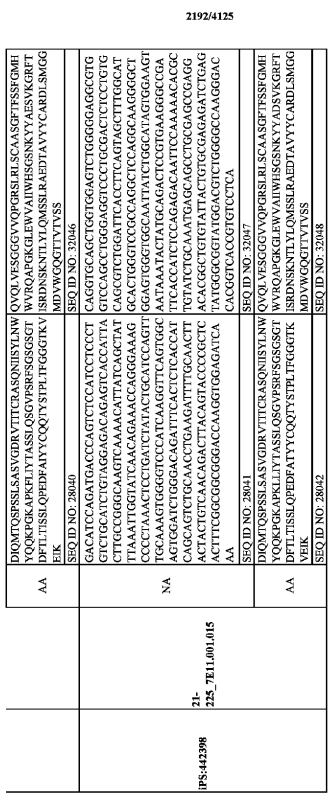
【図５０－１３１５】



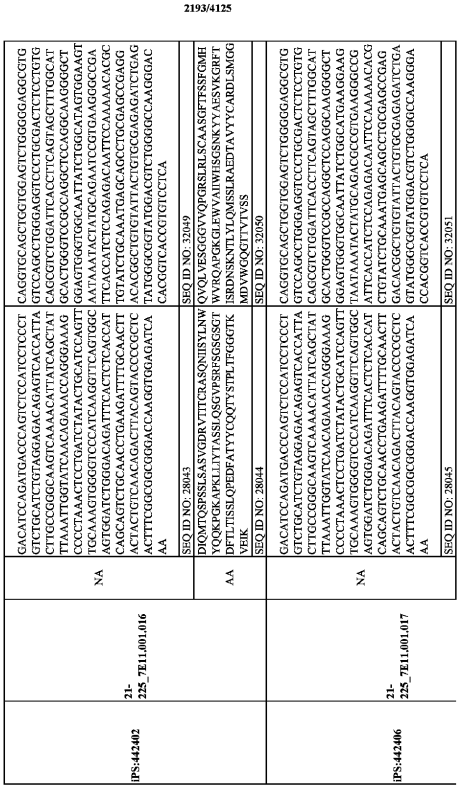
【図５０－１３１６】



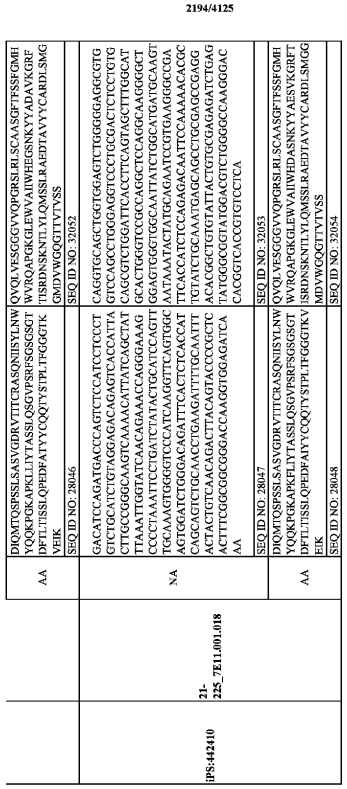
【図５０－１３１７】



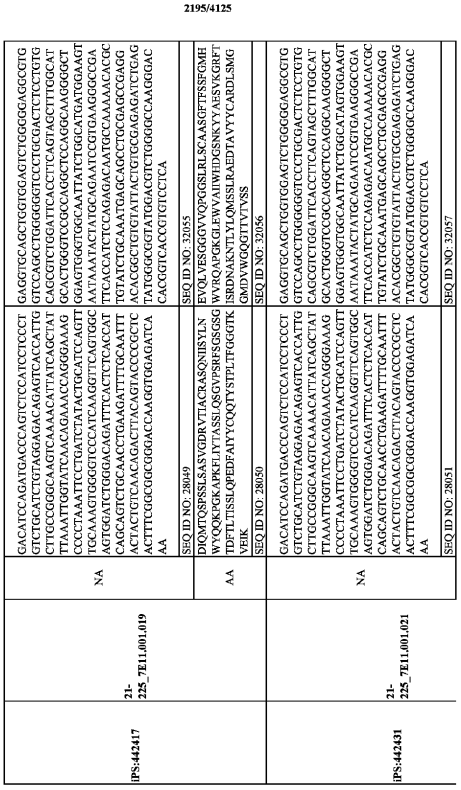
【図５０－１３１８】



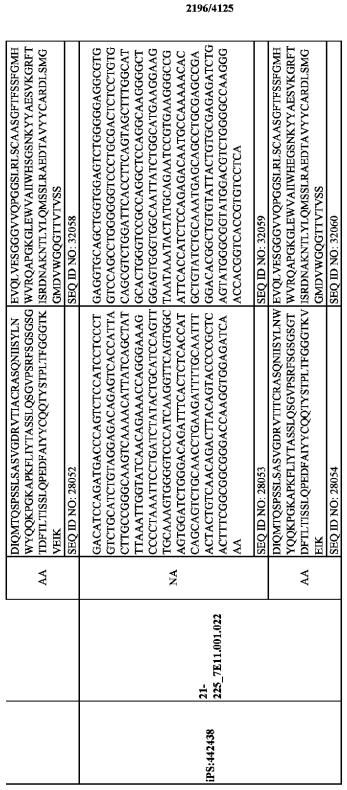
【図５０－１３１９】



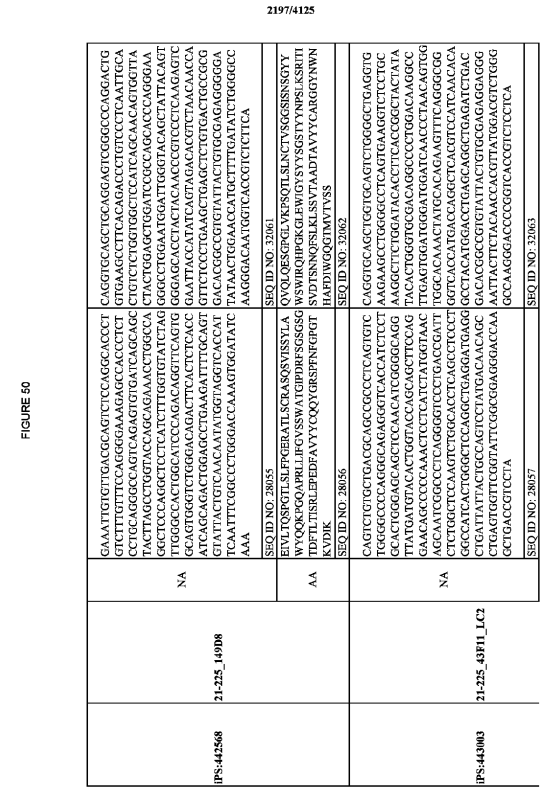
【図５０－１３２０】



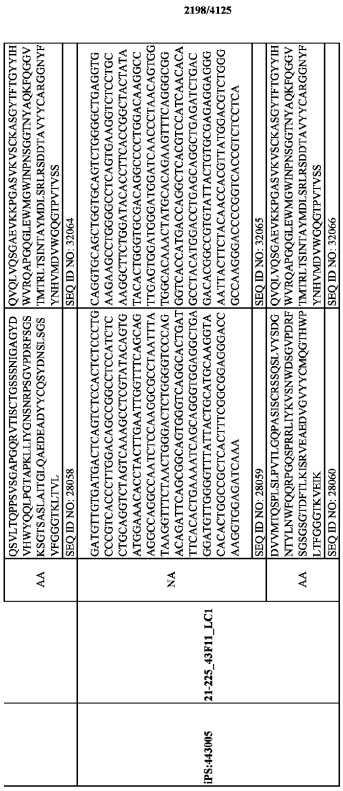
【図５０－１３２１】



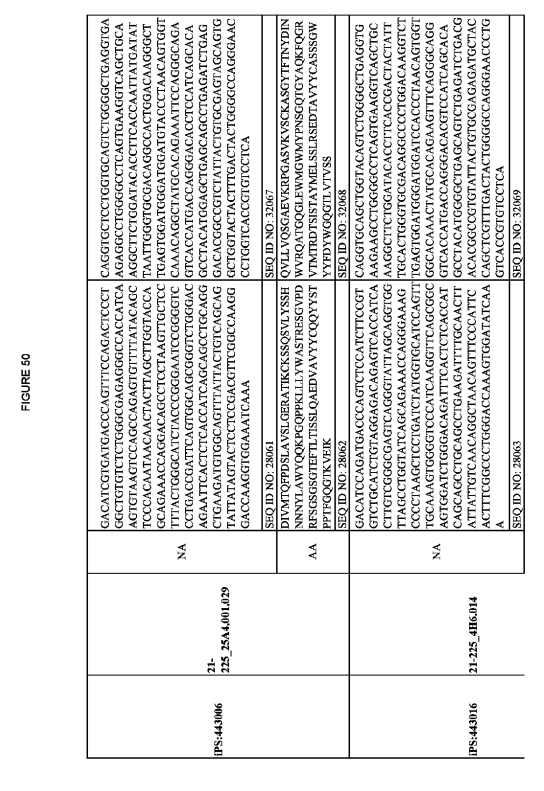
【図５０－１３２２】



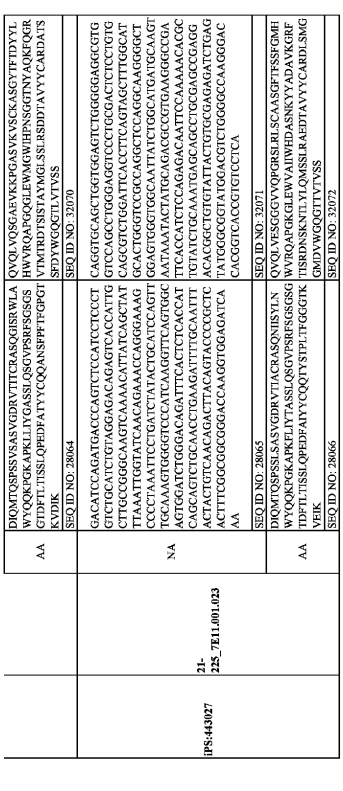
【図５０－１３２３】



【図５０－１３２４】



【図５０－１３２５】



【図５０－１３２６】

FIGURE 50

2201/4125

IPS:446086	21-225_94D8	NA	GACATCGTGTTGACCCAGTCTCCCATCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			GTCTTCTTCTGGGCGAGAGGCCACCATCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTACCAGCTAT	AAGGCTTCCGGATACACCTTCACCAATTATGATA
			TTAAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC
			CCCCTAAGCTCCTGATCTATAGTGCATCCAGTT	GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGTAT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC	TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	TCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACT
			CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			ACTACTGTCAACAGAGTCACGATTTCCCATTC	CACGGCTGTGTATTTCTGTGCGAGAGGGGGTTCG
			ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA	AGGGGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTG
			A	GTCACCGTCTCCTCTCA
			SEQ ID NO: 28073	SEQ ID NO: 32079
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSITSYLN	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
			WYQQKPGKAPKLLIYTASSLQSGVPSRFSGSG	WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVKGRFTIS
			SGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSHSPPTFGPGTK	RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGSRGFD
			VDIK	PWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 28074	SEQ ID NO: 32080
IPS:448098	21-225_50G9	NA	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC	CAGGTGCAGCTGACTCAGTCTCCTGGGGGAGGCGTG
			CGTGTCCCCAGGACAGACCAGCATCACCT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCAGTCCCC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAGCAAGCGGC	GGAGTGGGTGGCCAGTTATATCCAAGATGGAATT
			CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			AACTCTGGGAACAATGCCACTCTGACCATCAG	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGA
			CGGGACCCAGGCTATGGAGCTGAATATT	CACGGCTGTGTATTACTGTGCCGCAGAGGAAGG
			ACTGTCAGGCGCGGAAACAGCCCGAGAGGGT	CAGTGGCTGGTACGGACCTACGGTATGGACGTCT
			ATTCGGCGGAGGGACCAGGCTGACCGTCCTA	GGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 28075
			SEQ ID NO: 28076	SEQ ID NO: 32081

【図５０－１３２７】

FIGURE 50

2202/4125

IPS:446094	21-225_77E1	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTACACAGC	AAGGCTTCTGGATACACCTTCCCCAATTATGATA
			TCCAACAATTATAACTACTTAGCTTGGTACCA	TCCAACTGGGTGCGACAGGCCCACTGGACAAGGGC
			GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTTA	TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
			CTTACTGGGCATCCCGACCGATTCAGTGGCAG	GTAACACAGGTCTATGCCCAGAAGTTCCAGGGCA
			CGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATT	GAGCTCACCAGGCTGACGAGGACACTTCTACTTC
			AGCAGTCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT	CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
			ACTATTGTCAGCAGTATGACAATCTCCCGTT	AGGACACGGCCGTCTATTACTGTGCGAGAGGGA
			CACTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA	TGGCTGGTACGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCT
			ACGAAGGTGGAGATCAAA	GGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 28067	SEQ ID NO: 32073
		AA	DIVLTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
			NYNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDR	WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
			FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSSP	VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAYSSGW
			PTFGQGTKVEIK	YFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 28068	SEQ ID NO: 32074
IPS:446094	21-225_77E1	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC	AAGGCTTCTGGATACACCTTCCCCAATTATGATA
			TCCAACAATTATAACTACTTAGCTTGGTACCA	TCCAACTGGGTGCGACAGGCCCACTGGACAAGGGC
			GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTTA	TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
			CTTACTGGGCATCCCGACCGATTCAGTGGCAG	GTAACACAGGTCTATGCCCAGAAGTTCCAGGGCA
			CGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATT	GAGTCACCAGGCTGACGAGGACACTTCTACTTC
			AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT	CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
			ACTATTGTCAGCAGTATGACAATCTCCCGTT	AGGACACGGCCGTCTATTACTGTGCGAGAGGGA
			CACTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA	TGGCTGGTACGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCT
			ACGAAGGTGGAGATCAAA	GGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 28069	SEQ ID NO: 32075

【図５０－１３２８】

FIGURE 50

2203/4125

IPS:448096	21-225_72G9	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCCATCTCCCT	GAGGTGCAAGTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTACCAGCTAT	CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTTATAGCATT
			TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			CCCCTAAGCTCCTGATCTATAGTGCATCCAGTT	GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGTATT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC	TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	TCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACT
			CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			ACTACTGTCAACAGAGTCACGATTTCCCATTC	CACGGCTGTGTATTTCTGTGCGAGAGGGGGTTCG
			ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA	AGGGGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTG
			A	GTCACCGTCTCCTCTCA
			SEQ ID NO: 28073	SEQ ID NO: 32079
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSITSYLN	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
			WYQQKPGKAPKLLIYTASSLQSGVPSRFSGSG	WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVKGRFTIS
			SGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSHSPPTFGPGTK	RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGSRGFD
			VDIK	PWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 28074	SEQ ID NO: 32080
IPS:448098	21-225_50G9	NA	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC	CAGGTGCAGCTGACTCAGTCTCCTGGGGGAGGCGTG
			CGTGTCCCCAGGACAGACCAGCATCACCT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCAGTCCCC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAGCAAGCGGC	GGAGTGGGTGGCCAGTTATATCCAAGATGGAATT
			CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			AACTCTGGGAACAATGCCACTCTGACCATCAG	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGA
			CGGGACCCAGGCTATGGAGCTGAATATT	CACGGCTGTGTATTACTGTGCCGCAGAGGAAGG
			ACTGTCAGGCGCGGAAACAGCCCGAGAGGGT	CAGTGGCTGGTACGGACCTACGGTATGGACGTCT
			ATTCGGCGGAGGGACCAGGCTGACCGTCCTA	GGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 28075
			SEQ ID NO: 28076	SEQ ID NO: 32081

【図５０－１３２９】

FIGURE 50

2204/4125

IPS:451102	21-225_45F6	NA	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			CGTGTCCCCAGGACAGACCAGCATCACCT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCAGTCCCC	CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTTATAGTATG
			TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAAGAAGCGGC	GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGTAAT
			CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC	TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT
			AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			CGGGACCCAGGCTATGGAGCTGAGTATT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			ACTGTCAGGCGTGGGACAACAGAACTATGGTA	TATTGTAGTGGTACCAGCTGCCCCTACTACTACT
			TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA	ACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCA
				CGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 28077	SEQ ID NO: 32083
		AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYASW	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGLH
			YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN	WVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFT
			TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDNRTMVFGGG	ISRDNSKNTLYLQMNNLRAEDTAVFYCARERDRYCS
			TKLTVL	GTSCPYYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 28078	SEQ ID NO: 32084

【図５０－１３２６】

FIGURE 50

2201/4125

IPS:446086	21-225_94D8	NA	GACATCGTGTTGACCCAGTCTCCCATCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC	AAGGCTTCTGGATACACCTTCCCCAATTATGATA
			TCCAACAATTATAACTACTTAGCTTGGTACCA	TCCAACTGGGTGCGACAGGCCCACTGGACAAGGGC
			GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTTA	TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
			CTTACTGGGCATCCCGACCGATTCAGTGGCAG	GTAACACAGGTCTATGCCCAGAAGTTCCAGGGCA
			CGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATT	GAGCTCACCAGGCTGACGAGGACACTTCTACTTC
			AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT	CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
			ACTATTGTCAGCAGTATGACAATCTCCCGTT	AGGACACGGCCGTCTATTACTGTGCGAGAGGGA
			CACTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA	TGGCTGGTACGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCT
			ACGAAGGTGGAGATCAAA	GGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 28067	SEQ ID NO: 32073
		AA	DIVLTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN
			NYNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDR	WVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGR
			FSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSSP	VTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAYSSGW
			PTFGQGTKVEIK	YFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 28068	SEQ ID NO: 32074
IPS:446094	21-225_77E1	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTACACAGC	AAGGCTTCTGGATACACCTTCCCCAATTATGATA
			TCCAACAATTATAACTACTTAGCTTGGTACCA	TCCAACTGGGTGCGACAGGCCCACTGGACAAGGGC
			GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTTA	TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
			CTTACTGGGCATCCCGACCGATTCAGTGGCAG	GTAACACAGGTCTATGCCCAGAAGTTCCAGGGCA
			CGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATT	GAGTCACCAGGCTGACGAGGACACTTCTACTTC
			AGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT	CAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
			ACTATTGTCAGCAGTATGACAATCTCCCGTT	AGGACACGGCCGTCTATTACTGTGCGAGAGGGA
			CACTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA	TGGCTGGTACGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCT
			ACGAAGGTGGAGATCAAA	GGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 28069	SEQ ID NO: 32075

【図５０－１３２７】

FIGURE 50

2202/4125

IPS:448904	21-225_65C12	NA	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG
			GCCTGTCTGCATAGGAGACAGAGTCACCATCA	AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC
			CTTGCCAGGGATTCAGAGCATTAGCAGCTAT	AAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGACTATTATA
			TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	TGCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC
			CCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGT	TTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTG
			TTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGG	GTCACACAGGCCTATGCCCAGAAGTTTCAGGGCA
			CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA	GAGCTCACCAGGCTGACGAGGACACTTCTACTTC
			TCAACAGCCTGCAGCCTGATGATTTTGCAACT	TGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA
			TACTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGTT	GGACACGGCCGTCTATTACTGTGCGAGAGGGGA
			CACTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAA	TGGCTGGTACGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCT
			ACGAAGGTGGAAATCAAA	GGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 28071	SEQ ID NO: 32077
		AA	DIVMTQSPATLSVPPGERATLSCRASQSVSINLA	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSRSLN
			WYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFNASGS	WVRQAPGKGLEWVSSISSSSSSYIYYADSVKGRFTIS
			GTEFTLSISSLQSENFAVYYCQQYNTWPLTFGGG	RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDAYSHY
			TKVEIK	WGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 28072	SEQ ID NO: 32078

【図５０－１３２８】

FIGURE 50

2203/4125

IPS:448096	21-225_72G9	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCCATCTCCCT	GAGGTGCAAGTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTG
			GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA	GTCCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			CTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTACCAGCTAT	CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTTATAGCATT
			TTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAG	GAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCT
			CCCCTAAGCTCCTGATCTATAGTGCATCCAGTT	GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGTATT
			TGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGC	TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT
			AGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	TCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACT
			CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			ACTACTGTCAACAGAGTCACGATTTCCCATTC	CACGGCTGTGTATTTCTGTGCGAGAGGGGGTTCG
			ACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAA	AGGGGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTG
			A	GTCACCGTCTCCTCTCA
			SEQ ID NO: 28073	SEQ ID NO: 32079
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSITSYLN	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMN
			WYQQKPGKAPKLLIYTASSLQSGVPSRFSGSG	WVRQAPGKGLEWVSSISGSSSYIYYADSVKGRFTIS
			SGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSHSPPTFGPGTK	RDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGSRGFD
			VDIK	PWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 28074	SEQ ID NO: 32080
IPS:448098	21-225_50G9	NA	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC	CAGGTGCAGCTGACTCAGTCTCCTGGGGGAGGCGTG
			CGTGTCCCCAGGACAGACCAGCATCACCT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCAGTCCCC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAGCAAGCGGC	GGAGTGGGTGGCCAGTTATATCCAAGATGGAATT
			CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			AACTCTGGGAACAATGCCACTCTGACCATCAG	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGA
			CGGGACCCAGGCTATGGAGCTGAATATT	CACGGCTGTGTATTACTGTGCCGCAGAGGAAGG
			ACTGTCAGGCGCGGAAACAGCCCGAGAGGGT	CAGTGGCTGGTACGGACCTACGGTATGGACGTCT
			ATTCGGCGGAGGGACCAGGCTGACCGTCCTA	GGGGCCAAGGGACCACCGTCACCGTCTCCTCA
				SEQ ID NO: 28075
			SEQ ID NO: 28076	SEQ ID NO: 32081

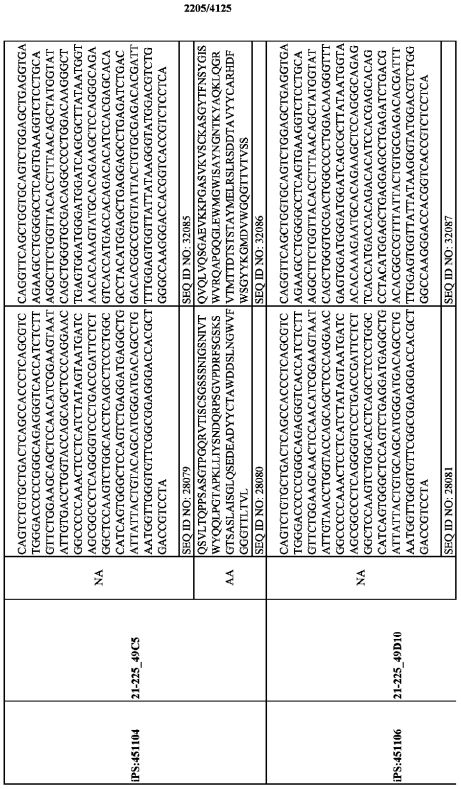
【図５０－１３２９】

FIGURE 50

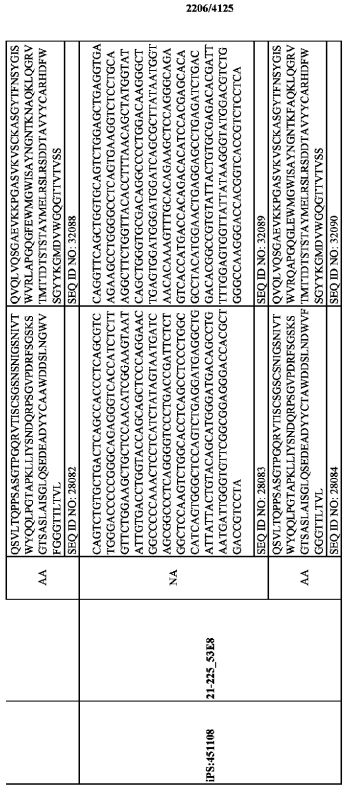
2204/4125

IPS:451102	21-225_45F6	NA	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTC	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG
			CGTGTCCCCAGGACAGACCAGCATCACCT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
			TGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCAGTCCCC	CAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTTATAGTATG
			TGTGCTGGTCATCTATCAAGATAAGAAGCGGC	GGAGTGGGTCTCATCCATTAGTGGTAGTAGTAAT
			CCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCC	TACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGAT
			AACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAG	TCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCT
			CGGGACCCAGGCTATGGAGCTGAGTATT	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
			ACTGTCAGGCGTGGGACAACAGAACTATGGTA	TATTGTAGTGGTACCAGCTGCCCCTACTACTACT
			TTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA	ACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCA
				CGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 28077	SEQ ID NO: 32083
		AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYASW	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGLH
			YQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGN	WVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFT
			TATLTISGTQAMDEADYYCQAWDNRTMVFGGG	ISRDNSKNTLYLQMNNLRAEDTAVFYCARERDRYCS
			TKLTVL	GTSCPYYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 28078	SEQ ID NO: 32084

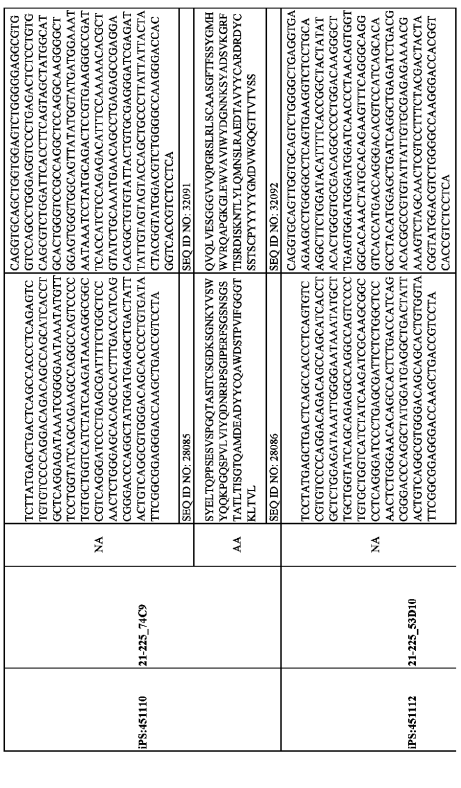
【図５０－１３３０】



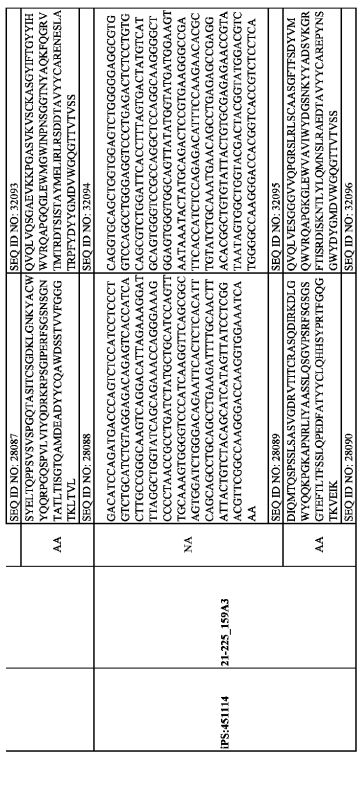
【図５０－１３３１】



【図５０－１３３２】



【図５０－１３３３】



【図５０－１３３４】

FIGURE 50

2209/4125

IPS:451116	21-225_164A4	NA	GACATCGTGATGACCCAGTATCCAGACTATCCAG GCCTTGTTCTTGGCCAAGAGGCCACTCATCA CCTGTACGGCCAGTCAGAGTGTTAACAGCAAC TCAAAGAATAAGAACTCACTTACTTGGTTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGTTCA CCTGAGTCAGATTCAGTGGCAGTGGATCTGGG ACAGATTCATCTTCACCATCAGCAGTCTGCAGC CCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA TATTTAGTATACCTCCGTGGACGTTTCGGCCAA GACCAAGGTGGAAATCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCGATTACACCGTCACTAATTATGATA TTGAGTGGATGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGC TTAGAGTGGATGGGATGGCTAAACACTGGCAA TGAACGGGTGACATTCGCCATGGACACATCT GCAACTACGCCTATGCACAGAAGTTCCAGGG CAGAGTCACCATTACCGCGGACGAATCCACG AGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTG AGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGT GCGAGAGCGCCCGTGATTATCTGTGGGGCC AGGGCACCCTGGTCACCGTCTCCTCA	SEQ ID NO: 32097 SEQ ID NO: 32098 SEQ ID NO: 32099
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN NKNYLTWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDR FSGSGSGTDFTLTISSVQAEDVAVYYCQQYFSTP WTFGQGTKVEIK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGFTFPNYDIN WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQG RVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGW YFFDYWGQGTLVTVSS SEQ ID NO: 32098
IPS:451118	21-225_191C8	NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCT GTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC TTAGCCTGGACCAGTCAGAGTGTTAGCAGC TCCTCAGGCTCCTCATCTATGGTGCCTCCACCA GGGACCTGGCATCCCAGCCAGGTTCAGTGGC GAATTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGT CTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTCAGCA GTATGGTAGCTCACCTTCGGCCAAGGGACA CGACTGGAGATTAAACGT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTCTAGTGGCTCCGTCAGCAGTAACC TACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGGAA GGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGT GGGAACCACCATTTACAACCCCTCCCTCAAGAGTC GAGTCACCATACAGTAGACACGTCCAAGAACC AGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTG GTTTTGCTTTGATGGTTGTGTTATTCTTCTTTGACT GTTTTGCTTTGATGGTTGTGTTATTCTTCTTTGACT ATGGGCCAGACAACCGTGGTCCTCTCCTCA
		AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVRSNLA WYQQPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSG TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQSFTWLRTFGQGT KVEIK	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSSGSVSSGGYY WSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGTTIYNPSLKSRVTIS VDTSKNQFSLKLTSVTVADTAVYYYCARDVFCPDGC GYFPDSWGQGTLVTVSS SEQ ID NO: 32100
IPS:451120	21-225_197D3	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACT GTCTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCA CTTGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGAAATTAT TTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGC CCCTAAGTCCTGATCTATGCTGCAACTCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCA GTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTT ATTACTGTCAACAGGCTAACAGTTTCCCGTTC ACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCCATGCAT GCACTGGGTCCGCCAAGGCTCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTGTCGCCAGTTATATGGTATGATGGA AATGAACACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGGACAGCCTGAGAGCCGAGG TGTGGGGTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAA GGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNYLA WFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTVSTPFTFGGGT KVEIK	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFIFSSHGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNEHYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGV GYYGMDVWGQGTTVTVSS SEQ ID NO: 32102

【図５０－１３３５】

FIGURE 50

2210/4125

【図５０－１３３６】

FIGURE 50

2211/4125

IPS:451122	21-225_200A1	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCATCTCT GTCTTTGTATCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT CCTGTAGGGCCAGTCAGAGTGTTAACAGCAAC TTATTTAGCCTGGTACCAGCAGAGACCTGGCCA GGCTCCCAGATCTCCTCATTTATGGTGCATCCA GCAGGGCCACTTGCATCTGGACAGGTTCAGT GGCAGTGGGTGTGGGACAGACTTCACTCTTC GATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG TGTATTATGCTGTCAGCAGTATGAGATCTCACCG TGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAA GCAAA	CAGGTTGCAGCTAACAGCAGTGGGGCGCAGGACTG TTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA CTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTATTG GAGTGGATTCGGCGAAACCCCCAGGGAAGGGGCTG GAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGC ACCACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCA CCATTTCACTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACG GCTGTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGTCT TTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT CTCCTCA SEQ ID NO: 32103
		AA	EIVLTQSPGILSLYPGERATLSCRASQSVNSNYLA WYQQRPGQAPSLLIYGASRATGIPDRFSGSGSG TDFTLTISRLEPEDFAVYCCQQYGHSPWTFGQGT KVESK SEQ ID NO: 28098 SEQ ID NO: 32104	QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSVYYW SWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSGCG DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGVFDYW GQGTLVTVSS SEQ ID NO: 28099 SEQ ID NO: 32105
IPS:451124	21-225_74F6	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCCAGACTCCCT GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA ATTGCAAGTCCAGTCAGAATATTTTATCCAGC TTTACTGGAACATCTAACTTGGTACCA GCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAAATACTTCA CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAG GCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAA CTGAAGATGTGGCATTTTATACTGTCAGCAA ACCAAGGTGGAAATCAAA	CAGGTTCAGCTAGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG AAGAAACCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAATTATGATA TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCTACCCTAACAGTGG TAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAG AGTCACCATGACCAGGAACACCTCCATAAGCAC AGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGA GGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGT CCCTGGTCACCGTCTCCTCA SEQ ID NO: 32107
		AA	DIVMTQPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSN NNYLAWYQQKPGQPHKLLIYWTSTRESGVPD RFSGSGYGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYST PLTFGQGTKVEIK SEQ ID NO: 28102	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCKASGYTFTNYDIN WVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQG RVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDSAVYYCASSSG WYLFDYWGQGTLVTVSS SEQ ID NO: 32108

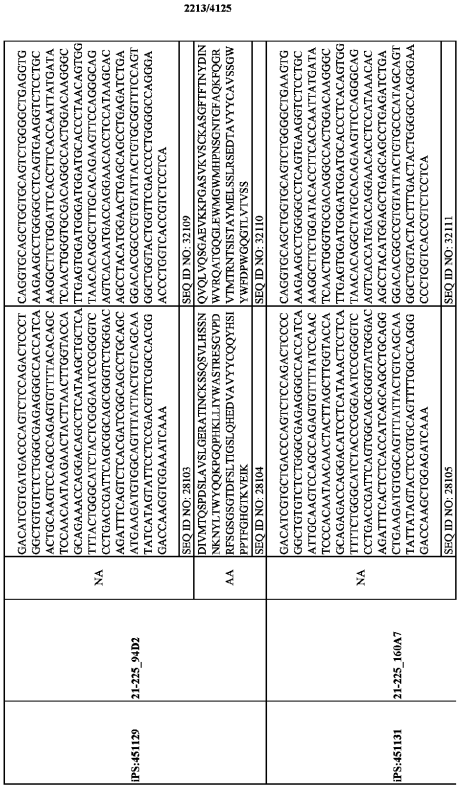
【図５０－１３３７】

FIGURE 50

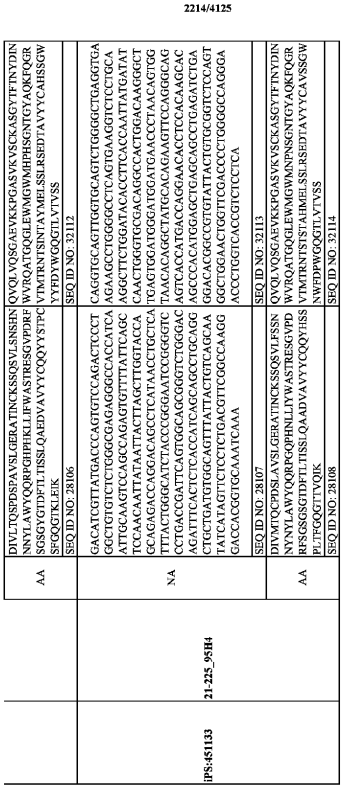
2212/4125

IPS:451127	21-225_164A7	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCACTCTCCCT GCCTGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCT CCTGCAGGTCTAGTCAAAGCCTCGTACACAGT GATGGAAACACCTATTTGAATTGGTTTCAGC AGAGGCCAGGCAATCTCCAAGCGCCTAATTT ATAAGGTTTCCAACCGGGACTCTGGGGTCCC AGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCA CTGATTTCACACTGAAAATCAGCAGGGTGGA GGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATG CAAGGTACACACTTCCCTCCCACTTTCGGC GGAGGGACCAAGGTTGAGATCAAA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTG AAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGC AAGGCTTCGGATACACCTTCACCAATTATGATG TCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGC TTGAGTGGATGGGATGGATCTACCCTAACAATG GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTTCAGGGC AGAGTCACCATGACCAGGAACACCTCCATAAG CACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGA TCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAG AGAGTTCTCTCTCACCATCGCCAGCCTCAGG AGCTTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATC TGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGA GGACTCGGCCGTGTATTACTGTGCGAGTAG GGCTGGTACCTCTTTGACTACTGGGGCCA AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA SEQ ID NO: 32101
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSN NWVRQATGQGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQG RVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDSAVYYCASSSG WYLFDYWGQGTLVTVSS SEQ ID NO: 32108	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYDIN WVRQAPGKGLEWMGWMHPNSGNTGYAQKFQG RVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAHSSG WYFFDYWGQGTLVTVSS SEQ ID NO: 32106

【図５０－１３３８】



【図５０－１３３９】



【図５０－１３４０】

【図５０－１３４１】

10

20

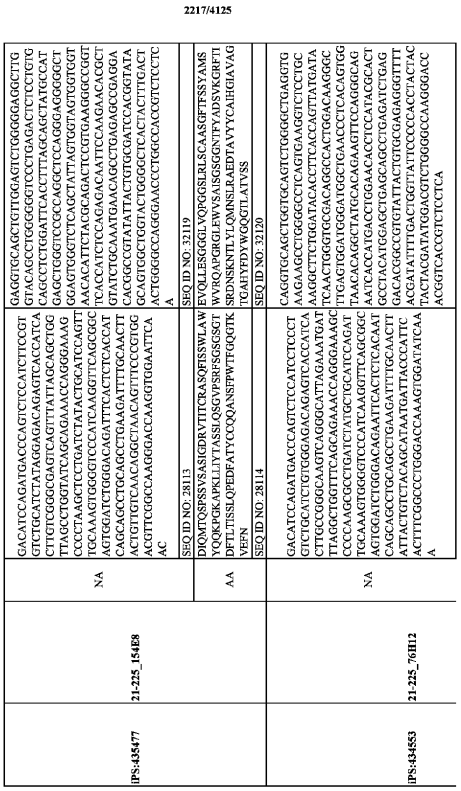
30

40

50

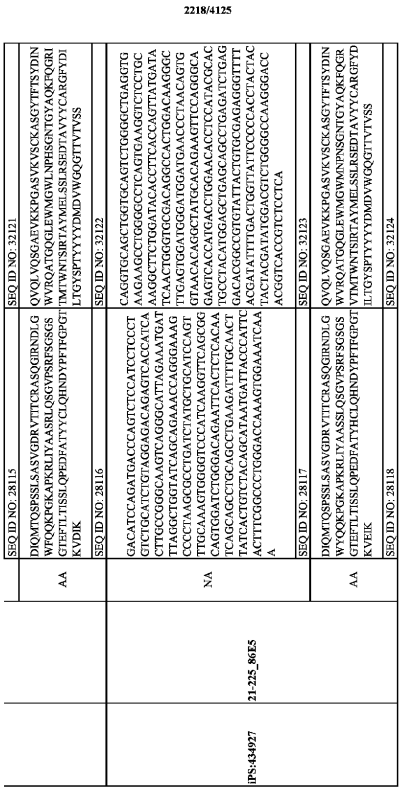
【図５０－１３４２】

FIGURE 50



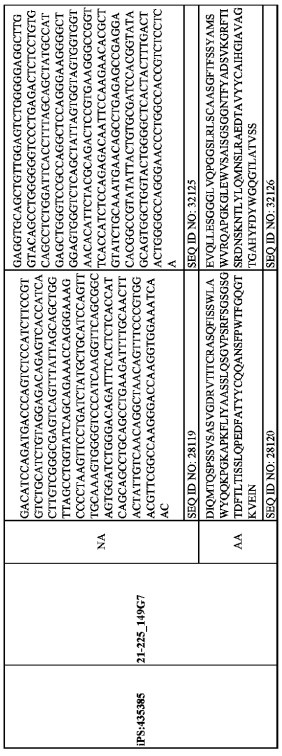
【図５０－１３４３】

FIGURE 50



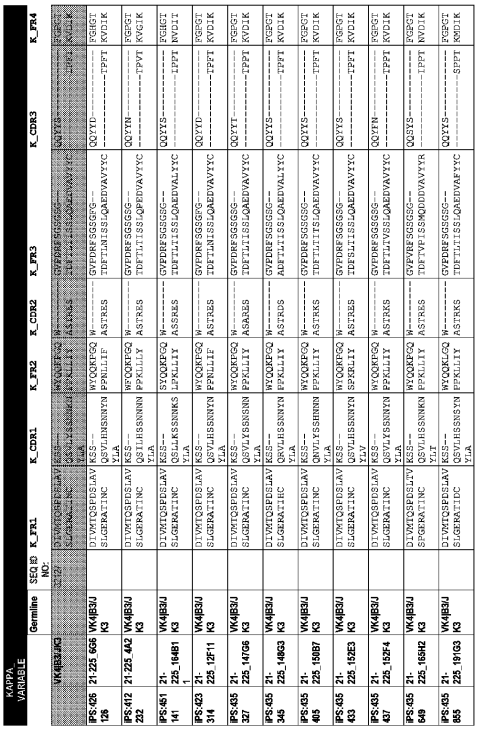
【図５０－１３４４】

FIGURE 50



【図５１－１】

FIGURE 51 (Table 4)
Standard IgG Antibody Variable Region Protein Alignment
CDRs defined by Kabat
Alignment numbering defined by Amgen Reference (AHo)



KAPPA VARIABLE	Germline	SEQ ID NO:	K_FR1	K_CDR1	K_FR2	K_CDR2	K_FR3	K_CDR3	K_FR4
	VK4B3/A3		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC	RASQ---SISSWLA	WYQQKPGKAPKLLIY	AASSLQS	GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC	QQYYS----------PWT	FGQGTKVEIK
iPS:426 126	21-225_6G6	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QSVLHSSNNKNYLA	WYQQKPGQPPKLLIF	WASTRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYC	QQYYD----------TPFT	FGHGTKVDIK
iPS:412 232	21-225_4A2	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QSLLHSSNNNNYLA	WFQQKPGQPPKLLIY	WASTRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAVYYC	QQYFN----------TPYT	FGQGTKVEIK
iPS:461 141	21-225_16A81	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QSLLKSSNNKSYLA	LPKLLIY	ASSRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVALYYC	QQYYS----------IPFT	FGPGTKVDIT
iPS:423 314	21-225_12F11	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QSVLHSSNNKNYLA	WYQQKPGQPPKLLIF	WASTRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYC	QQYYD----------IPFT	FGQGTKVDIK
iPS:435 327	21-225_14T06	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QSVLYSSNSNNKNYLA	WYQQKPGQPPKLLIY	WASARES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYC	QQYYT----------IPPT	FGQGTKVEIK
iPS:435 340	21-225_14M63	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QSVLHSSNNKNYLA	WYQQKPGQPPKLLIY	WASTRDS	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVALYYC	QQYYS----------IPFT	FGQGTKVEIK
iPS:435 405	21-225_15G87	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QNVLYSSHNNNNYLA	WYQQKPGQPPKLLIY	WASTRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYC	QQYYS----------TPFT	FGQGTKVEIK
iPS:435 433	21-225_15Z63	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QSVLHSSNNKNYLA	WYQQKPGQPPKLLIY	WASTRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYC	QQYYS----------TPFT	FGQGTKVEIK
iPS:435 437	21-225_15Z F4	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	KSS--QSVLYSSNSNNKNYLA	WYQQKPGQPPKLLIY	WASTRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYC	QQYFN----------TPPT	FGQGTKVEIK
iPS:435 649	21-225_16MH2	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSPGERATINC	KSS--QSVLHSSNNKNYLA	WYQQKPGQPPKLLIY	WASTRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYR	QQSYS----------IPFT	FGQGTKVEIK
iPS:435 865	21-225_19G03	VK4B3/J K3	DIVMTQSPDSLAVSLGERATIDC	KSS--QSVLHSSNSYNKNYLA	WYQQKLGQPPKLLIY	WASTRES	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAFYYC	QQYYS----------SPPT	FGQGTKVDIK

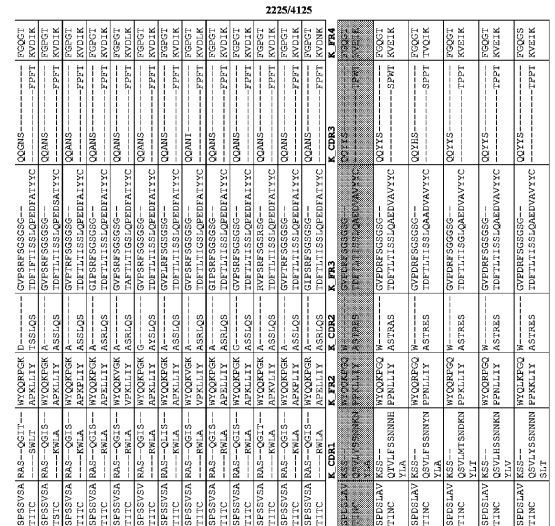
【図５１－２】

【図５１－３】

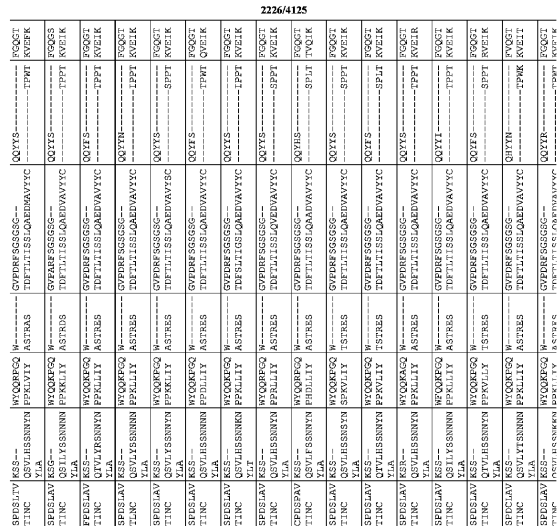
【図５１－４】

【図５１－５】

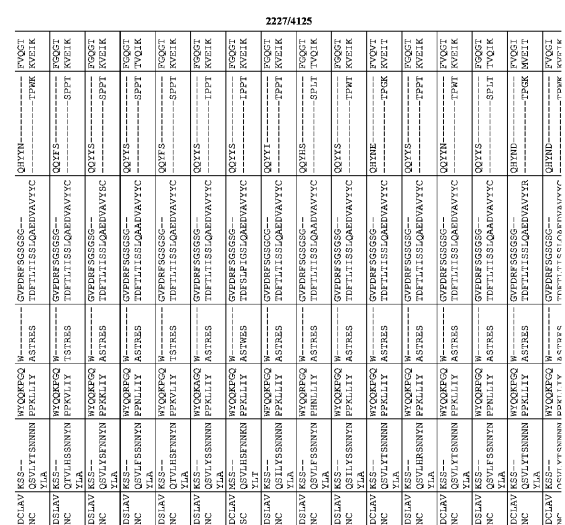
【図５１－６】



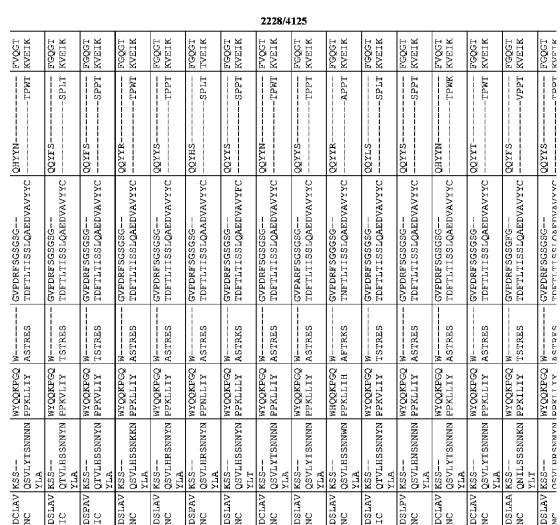
【図５１－７】



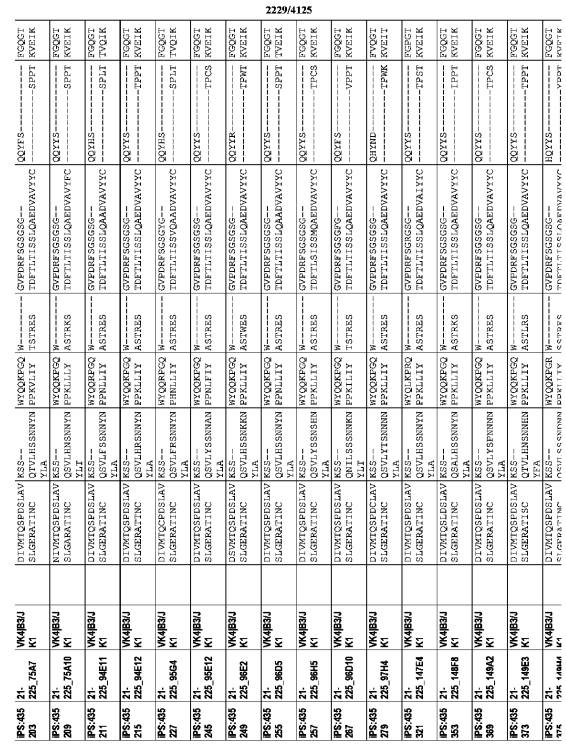
【図５１－８】



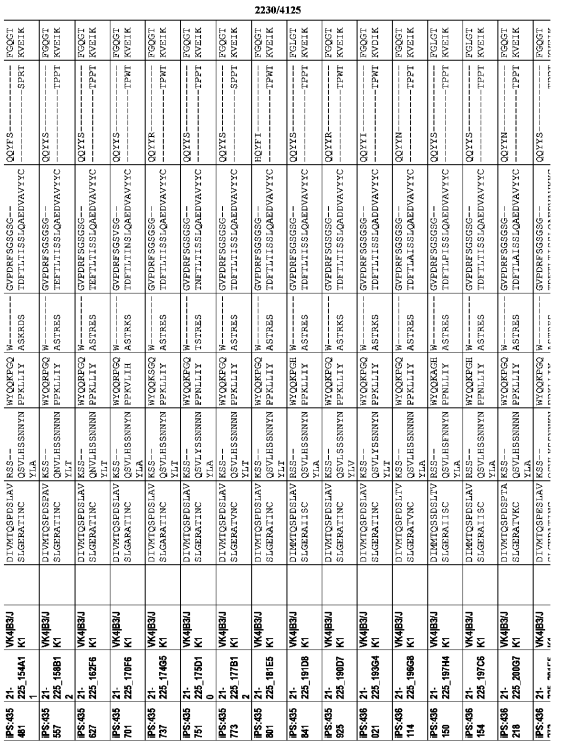
【図５１－９】



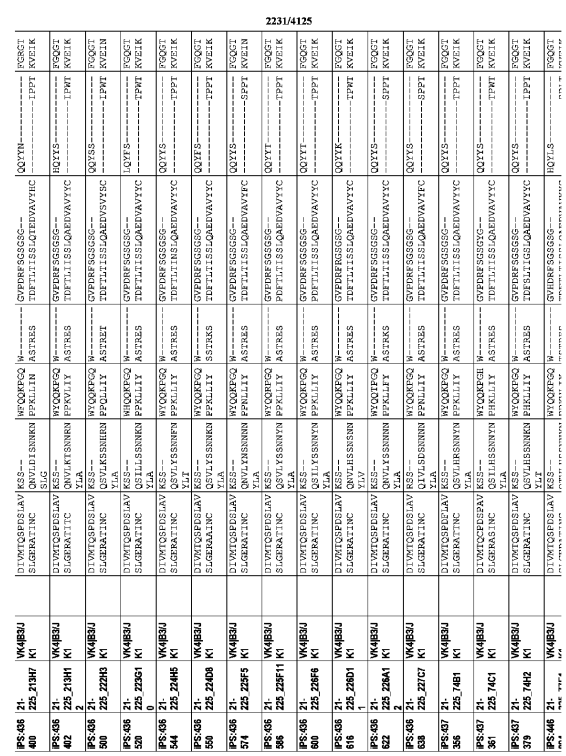
【図５１－１０】



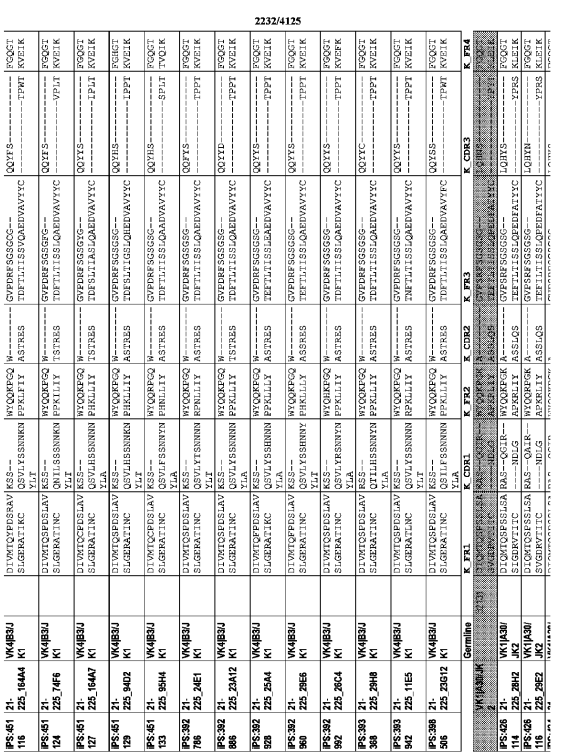
【図５１－１１】



【図５１－１２】



【図５１－１３】



【図５１－１４】

【図５１－１５】

【図５１－１６】

【図５１－１７】

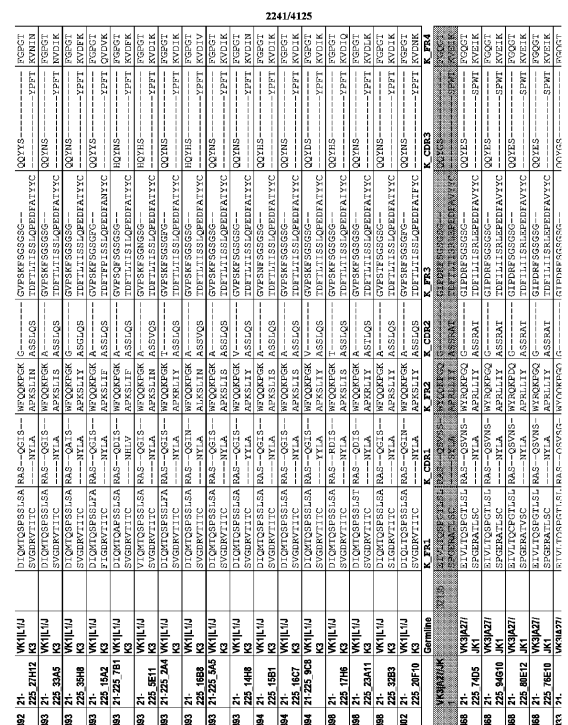
【図５１－１８】

【図５１－１９】

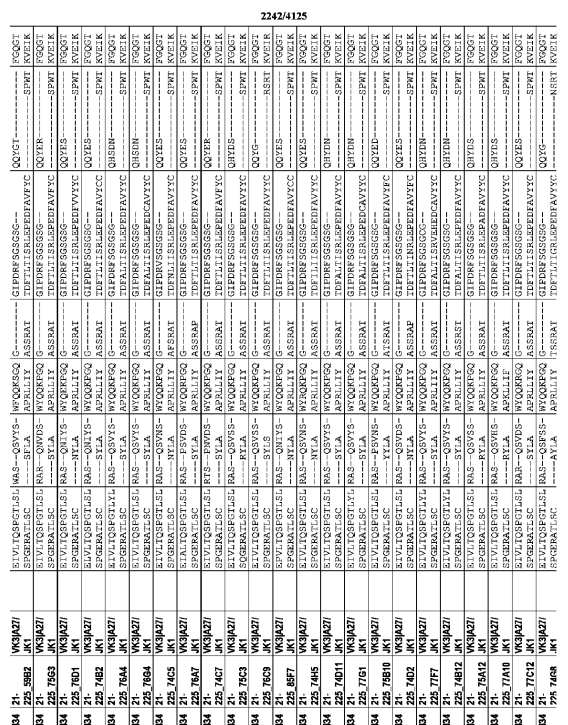
【図５１－２０】

【図５１－２１】

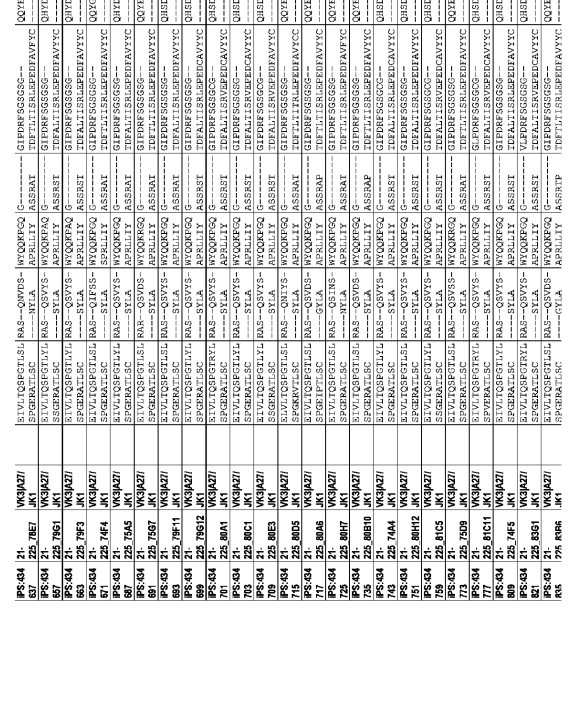
【図５１－２２】



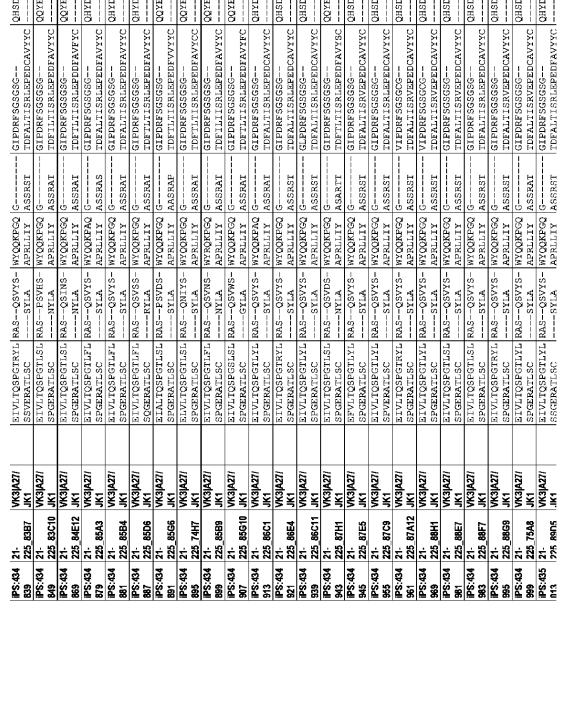
【図５１－２３】



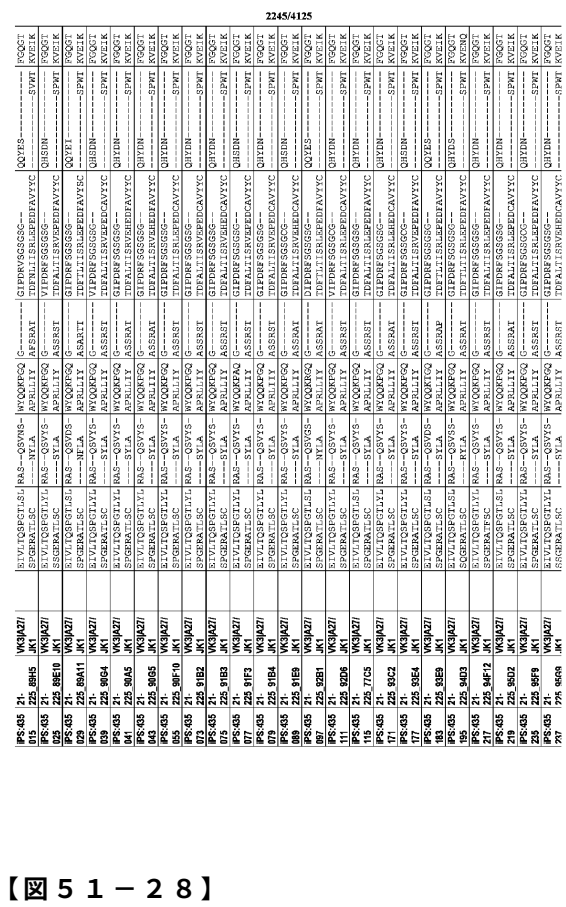
【図５１－２４】



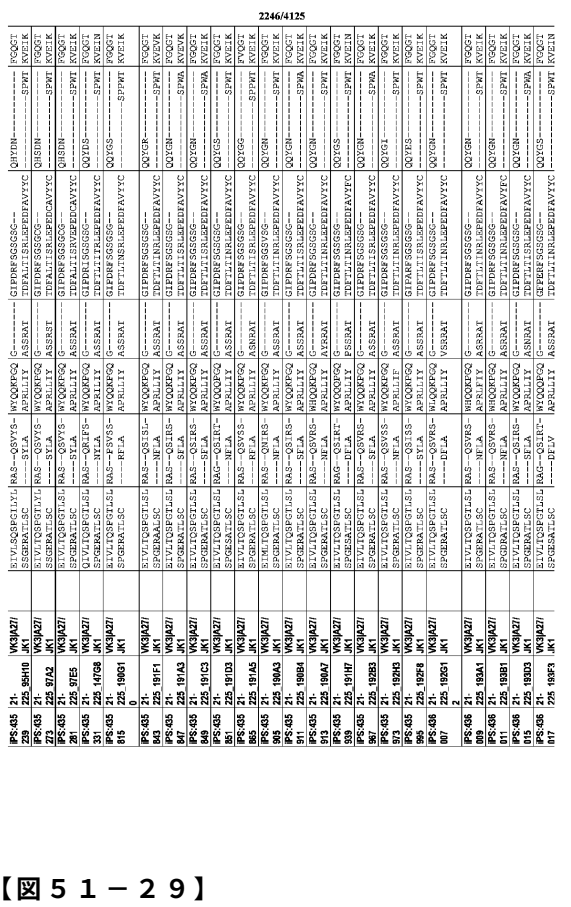
【図５１－２５】



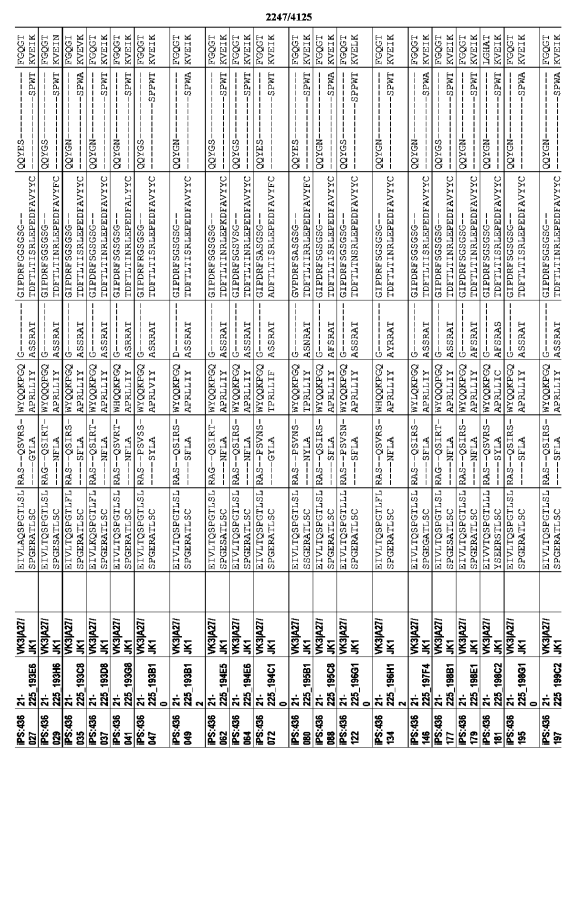
【図５１－２６】



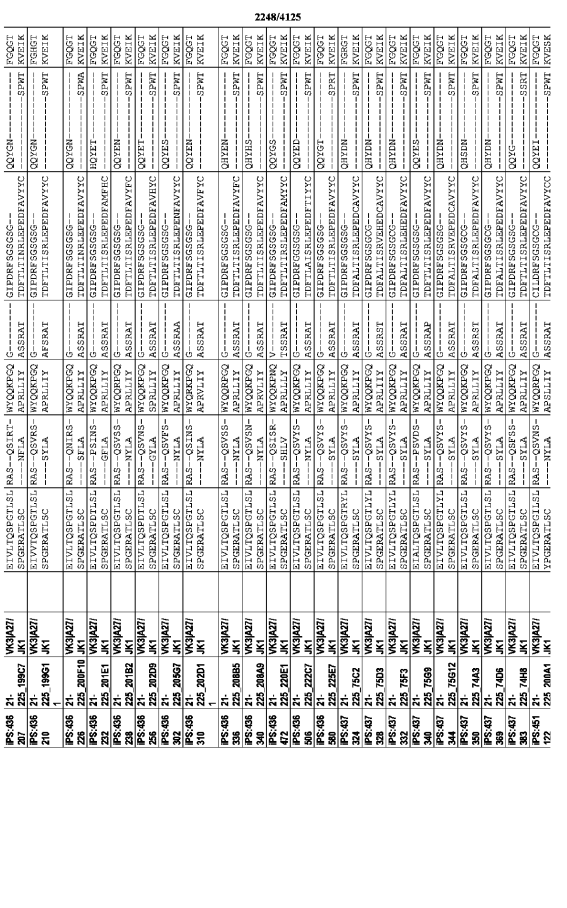
【図５１－２７】



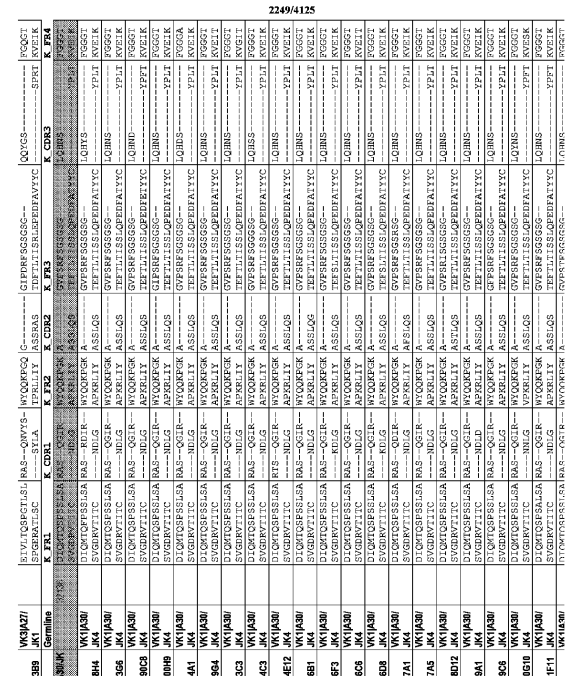
【図５１－２８】



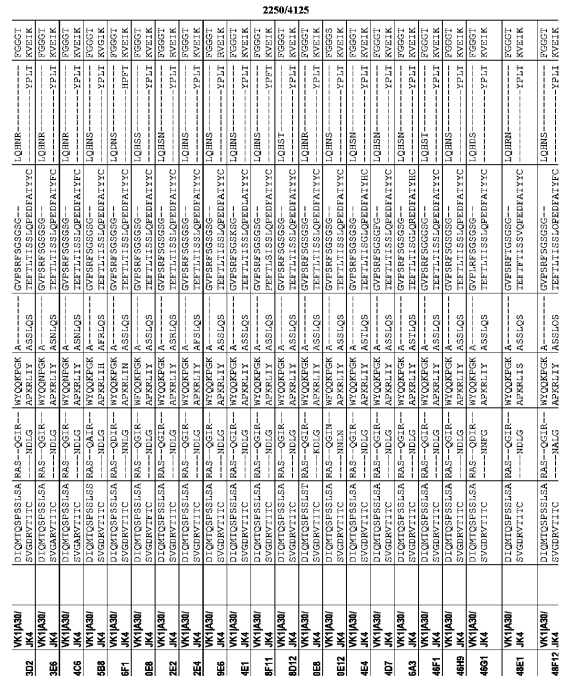
【図５１－２９】



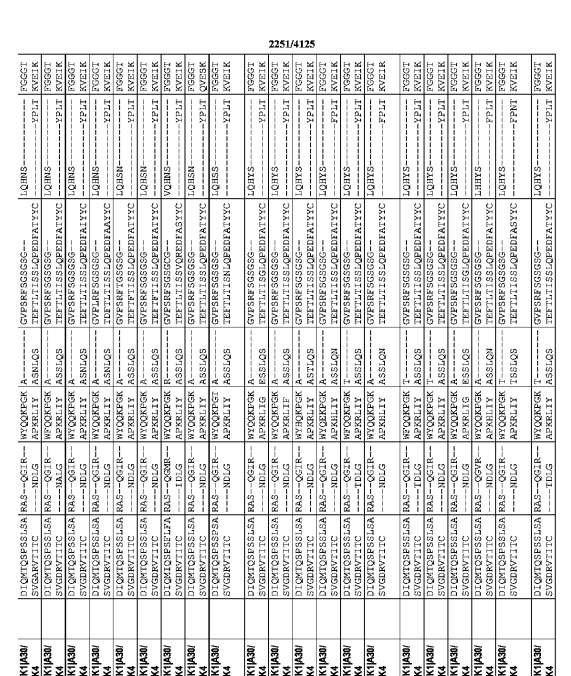
【図５１－３０】



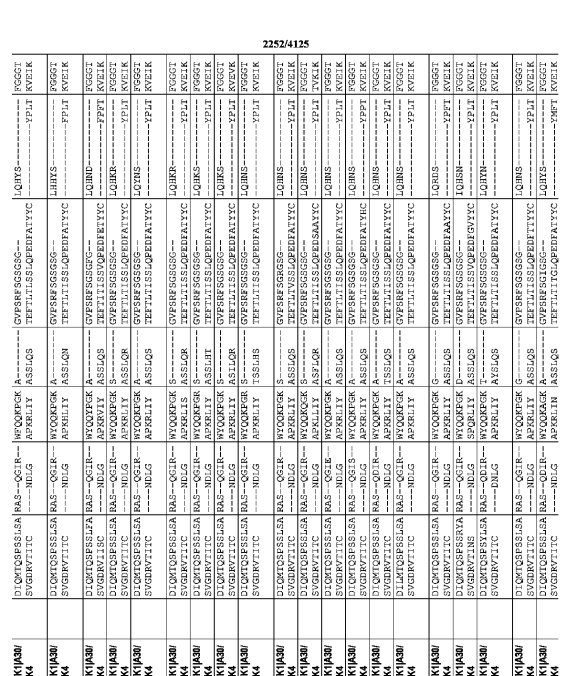
【図５１－３１】



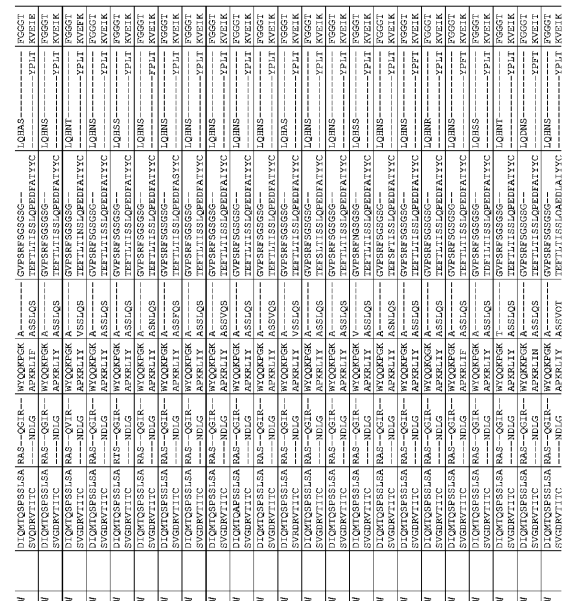
【図５１－３２】



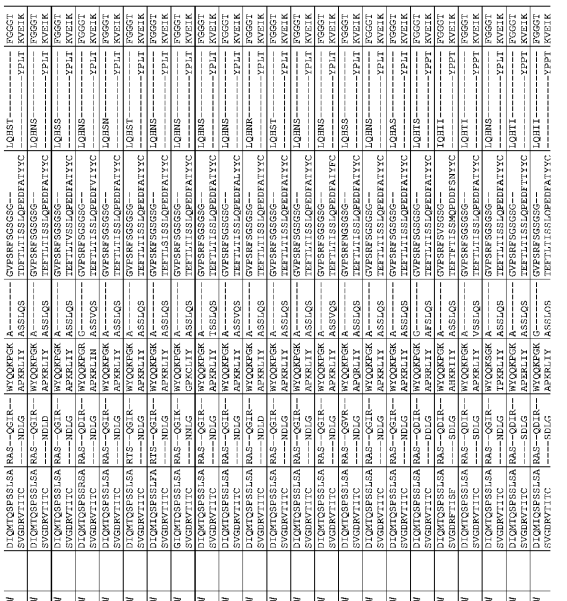
【図５１－３３】



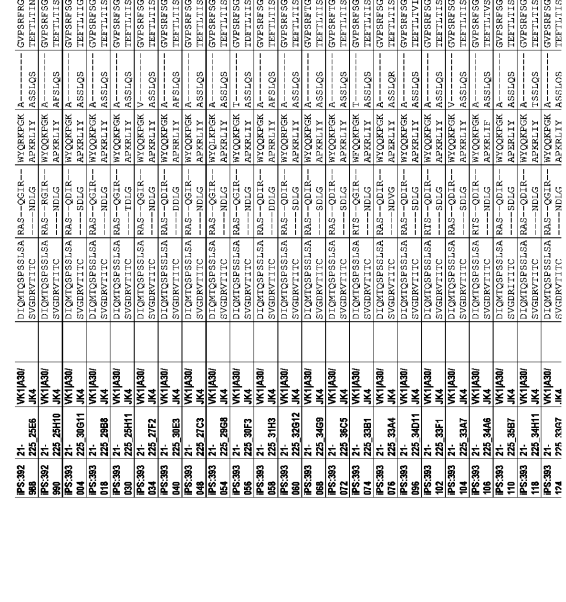
【図５１－３４】



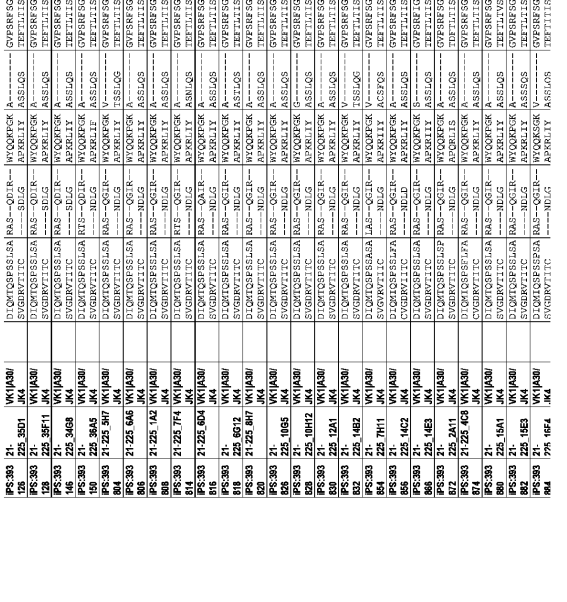
【図５１－３５】



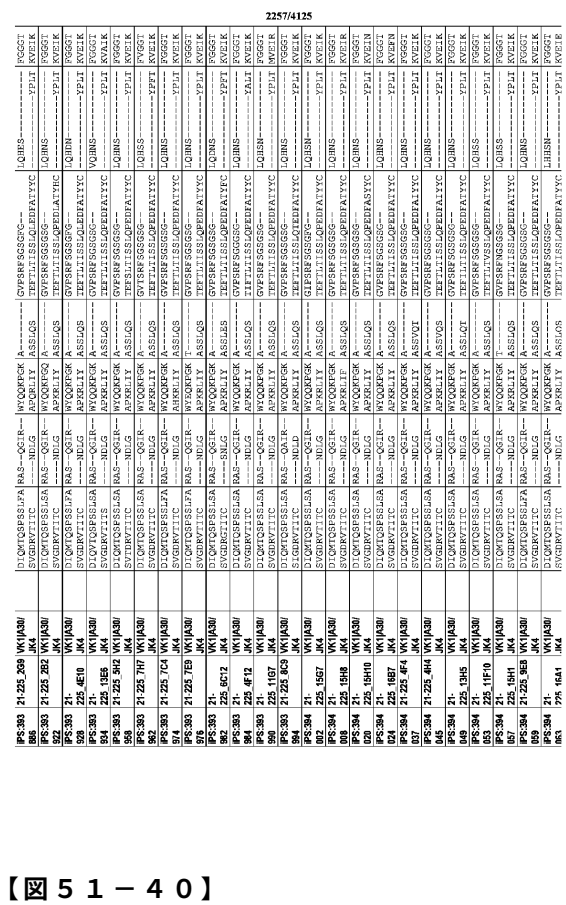
【図５１－３６】



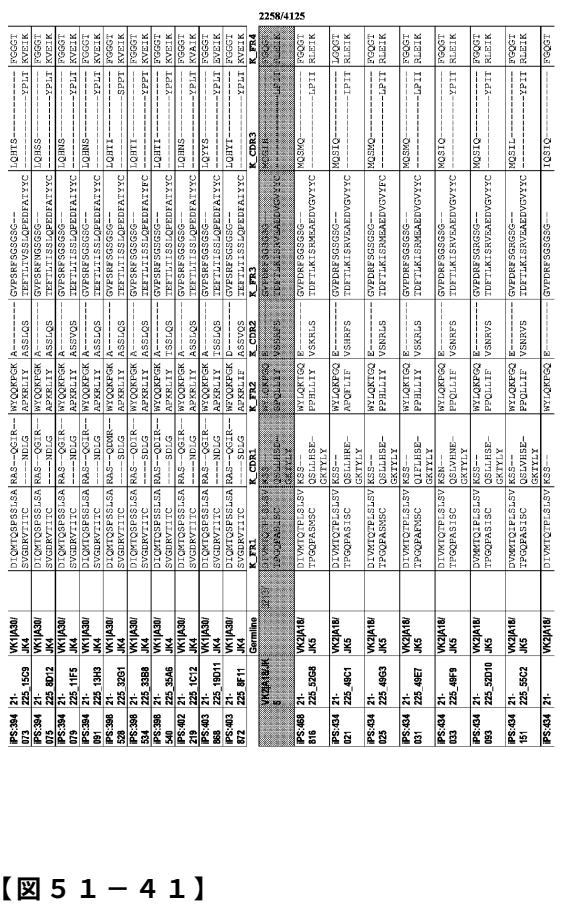
【図５１－３７】



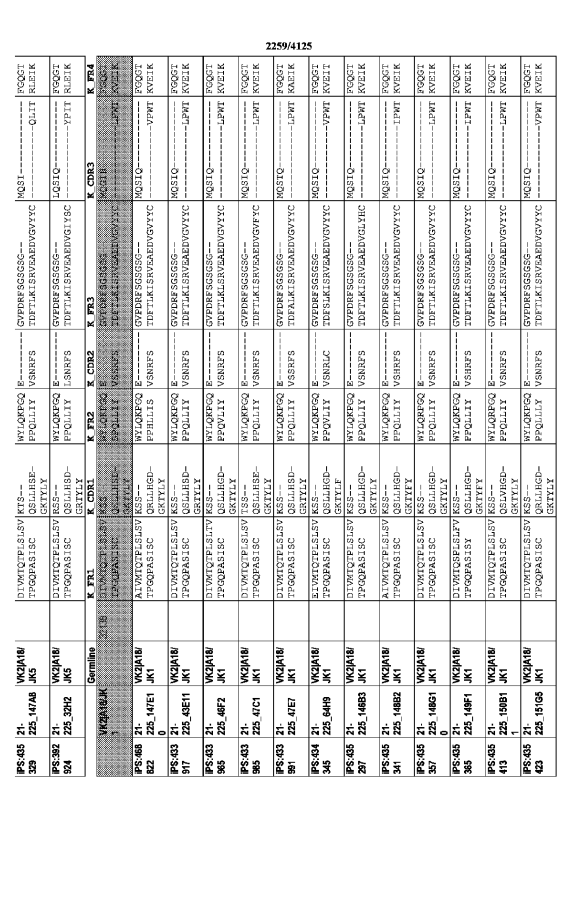
【図５１－３８】



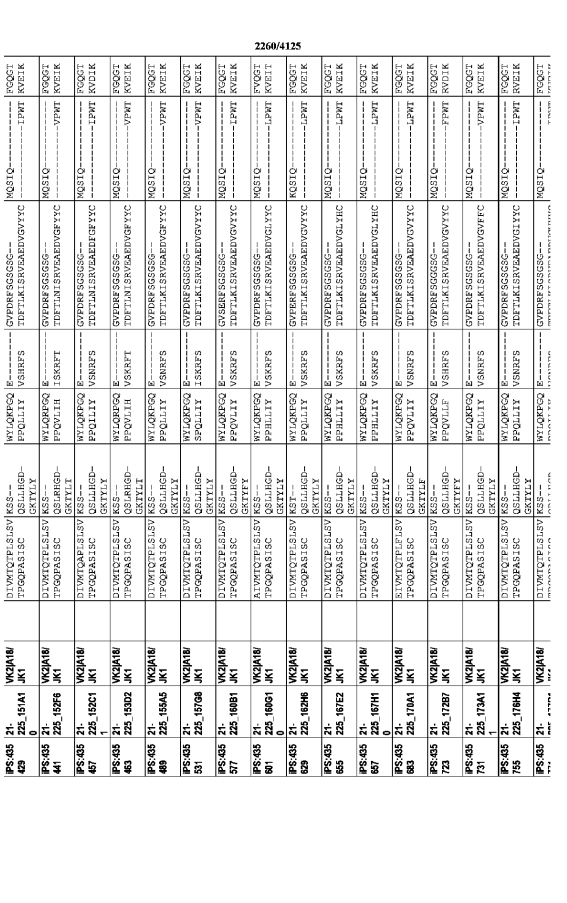
【図５１－３９】



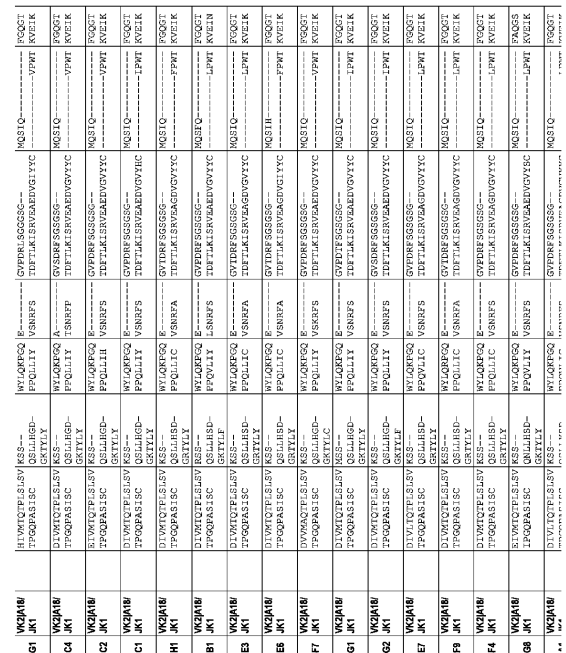
【図５１－４０】



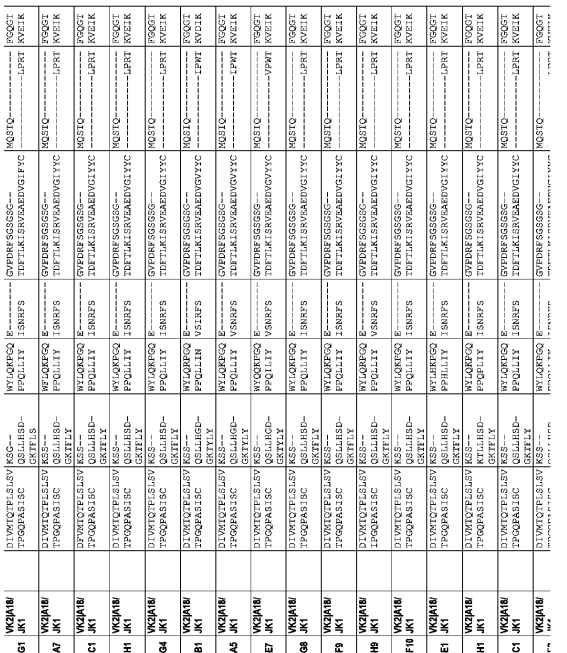
【図５１－４１】



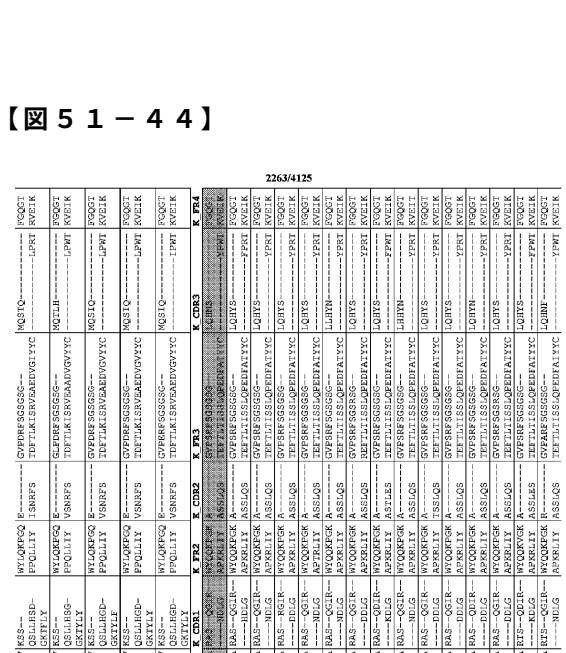
【図５１－４２】



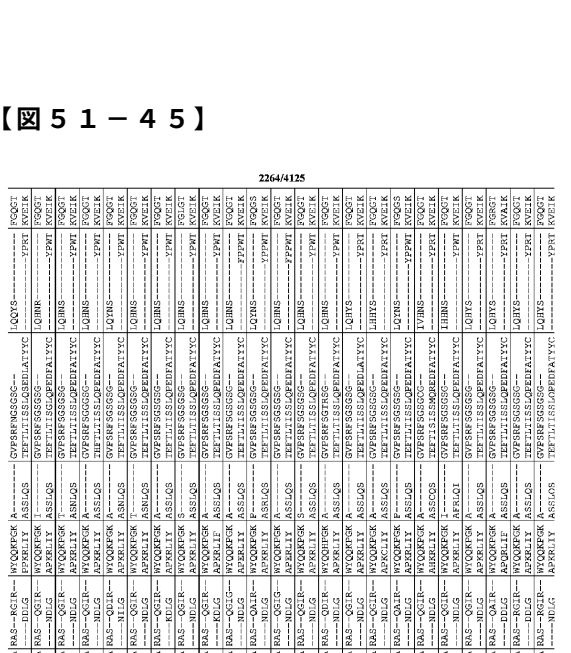
【図５１－４３】



【図５１－４４】



【図５１－４５】



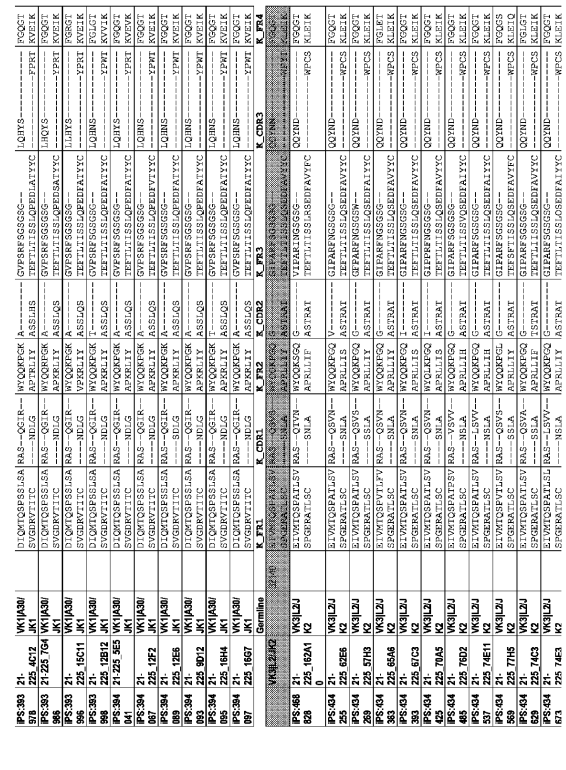
【図５１－４６】

【図５１－４７】

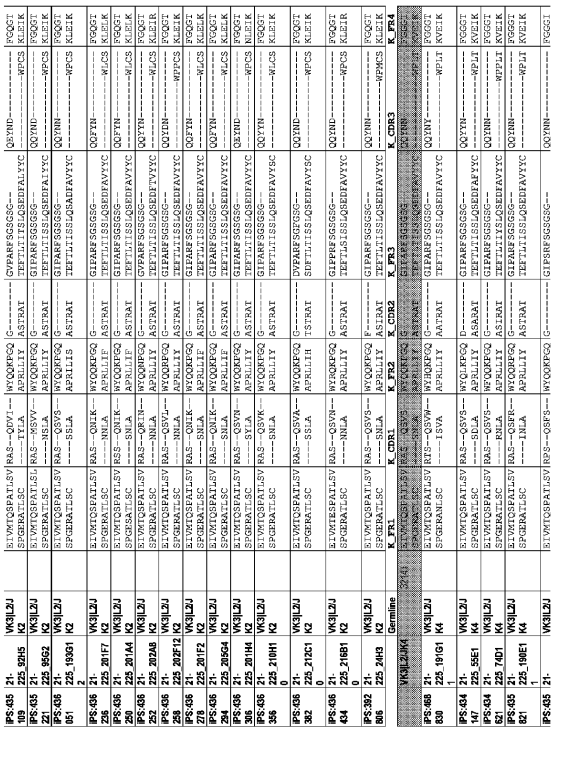
【図５１－４８】

【図５１－４９】

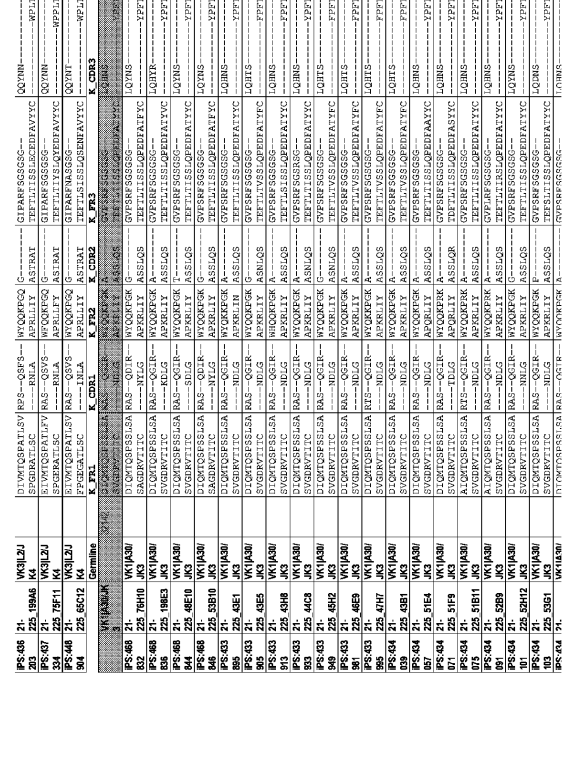
【図５１－５０】



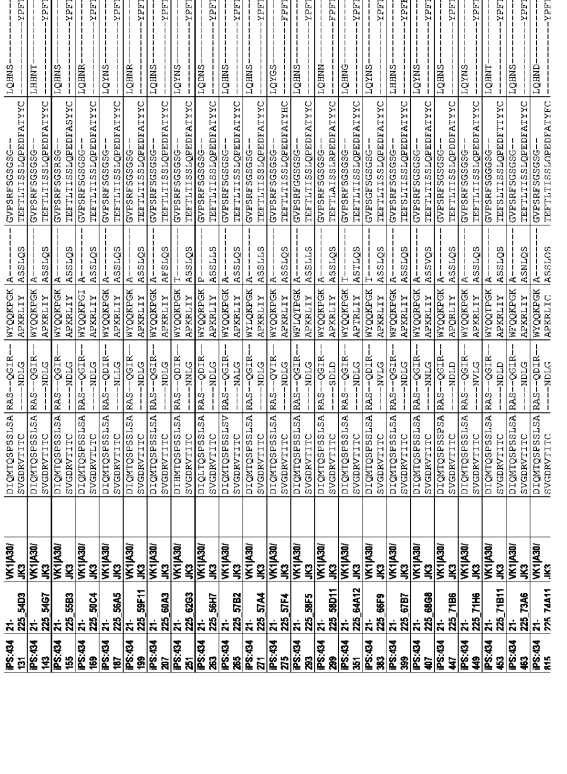
【図５１－５１】



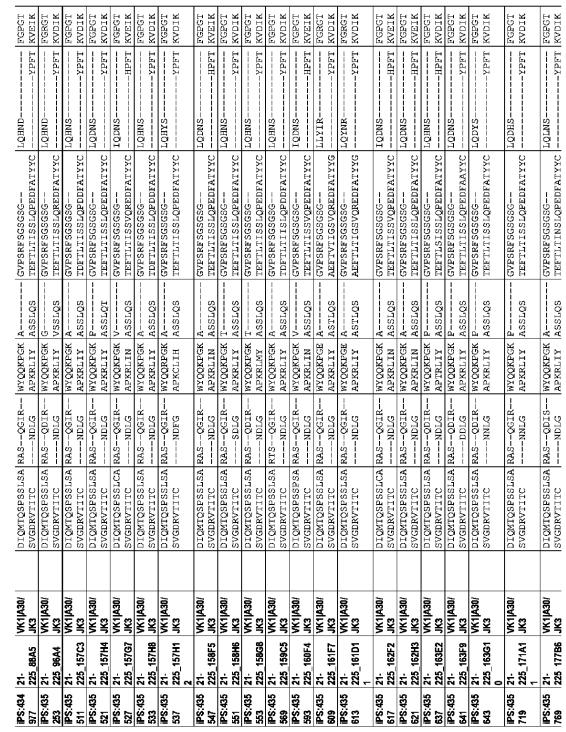
【図５１－５２】



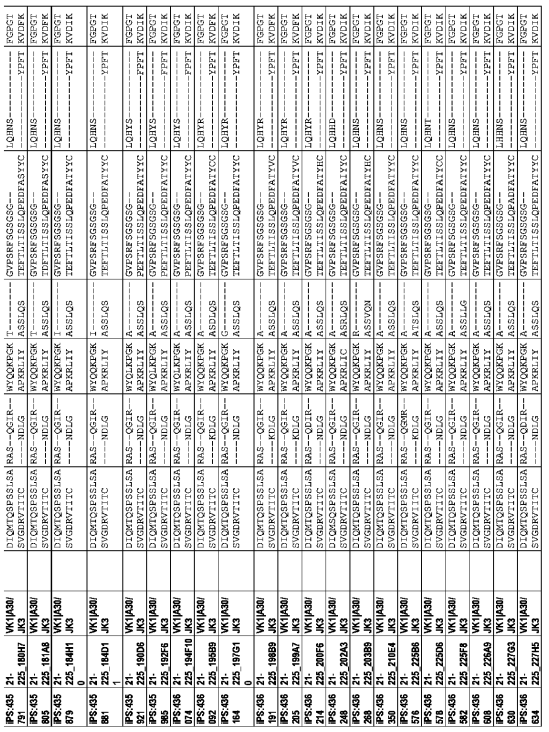
【図５１－５３】



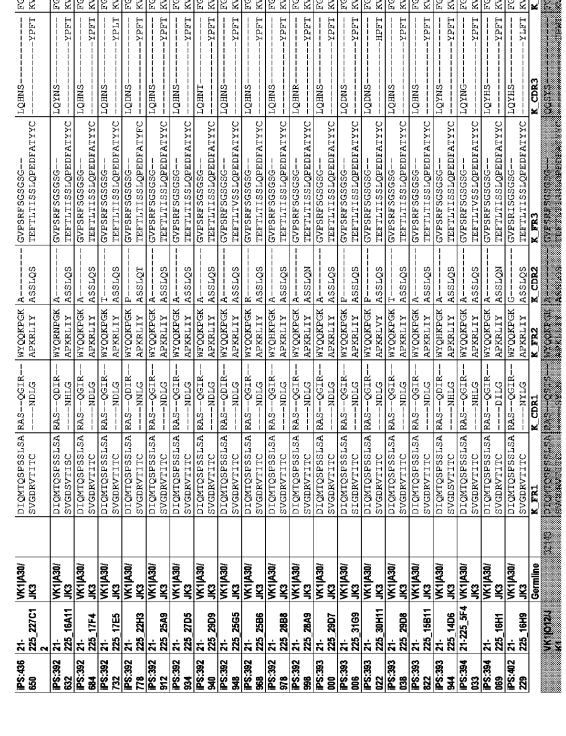
【図５１－５４】



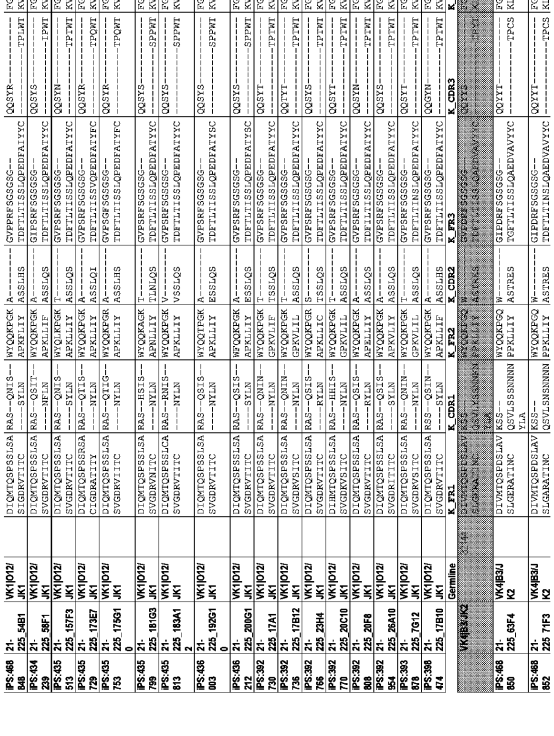
【図５１－５５】



【図５１－５６】



【図５１－５７】



10

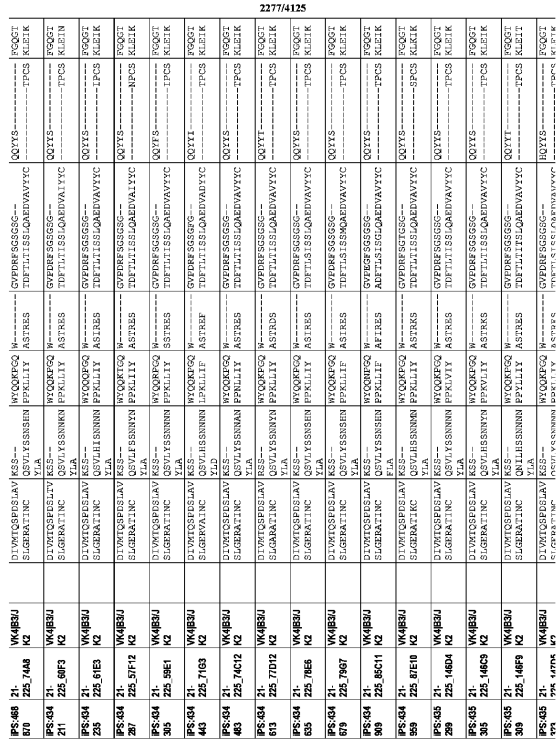
20

30

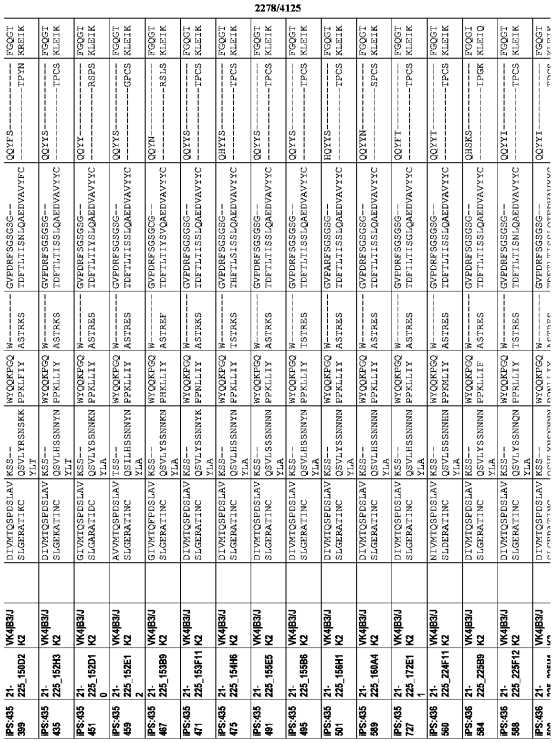
40

50

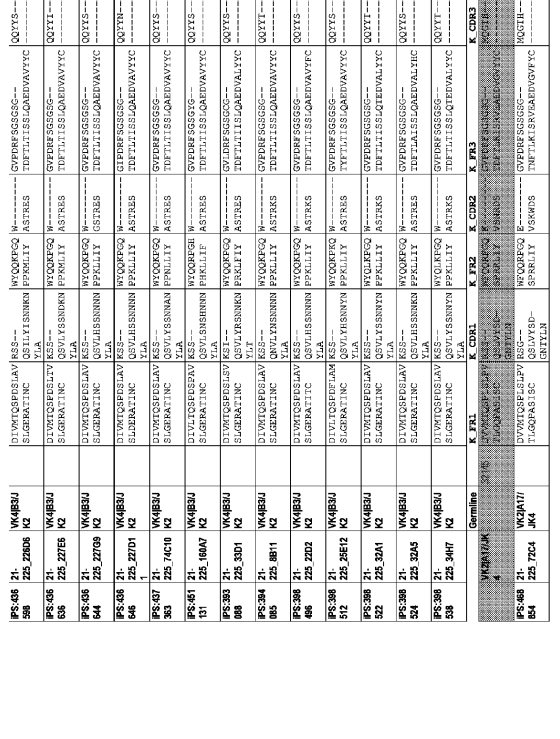
【図５１－５８】



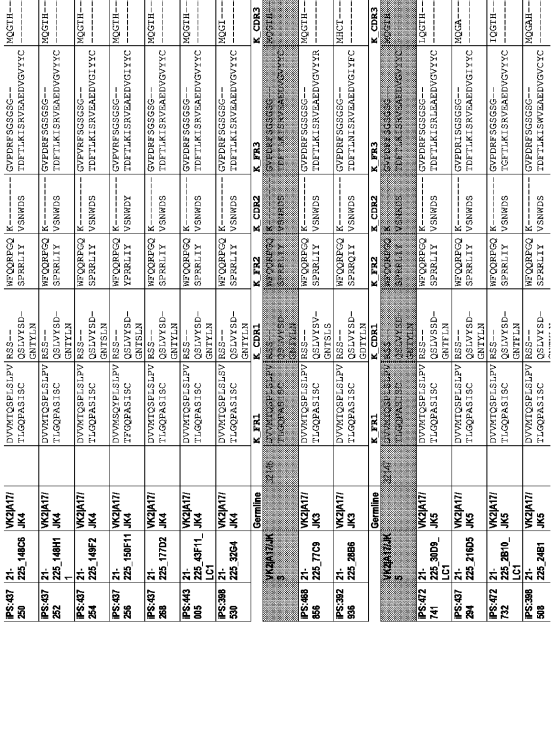
【図５１－５９】



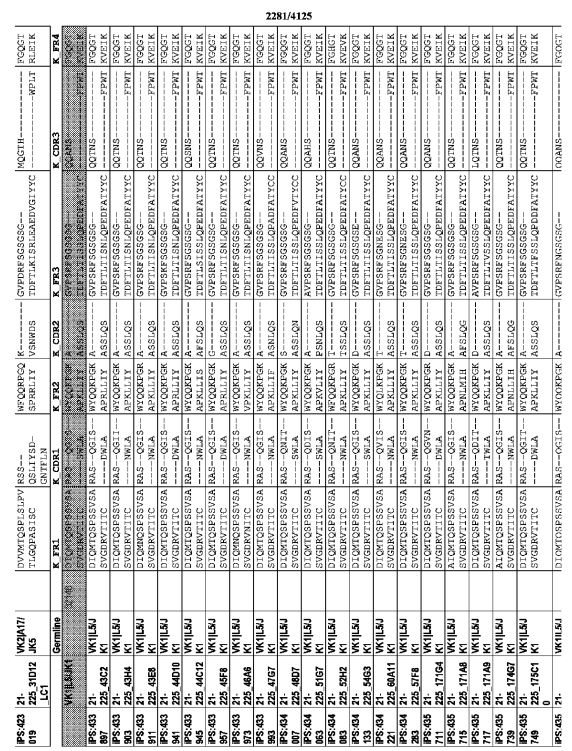
【図５１－６０】



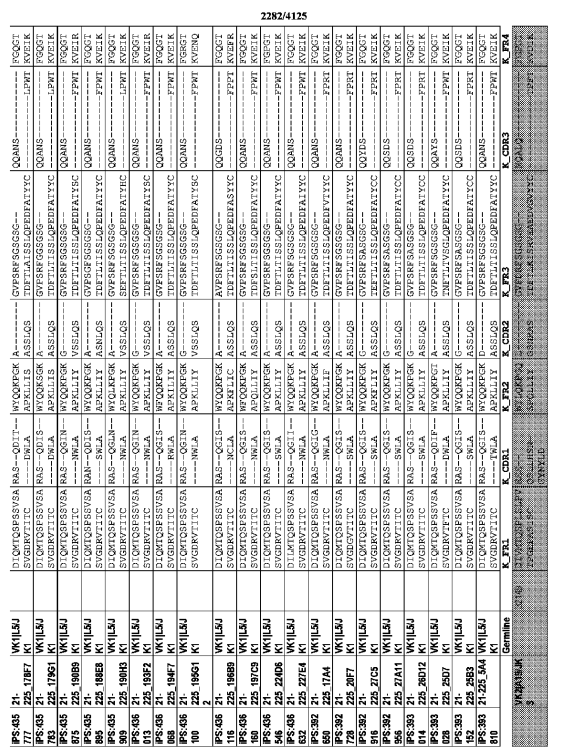
【図５１－６１】



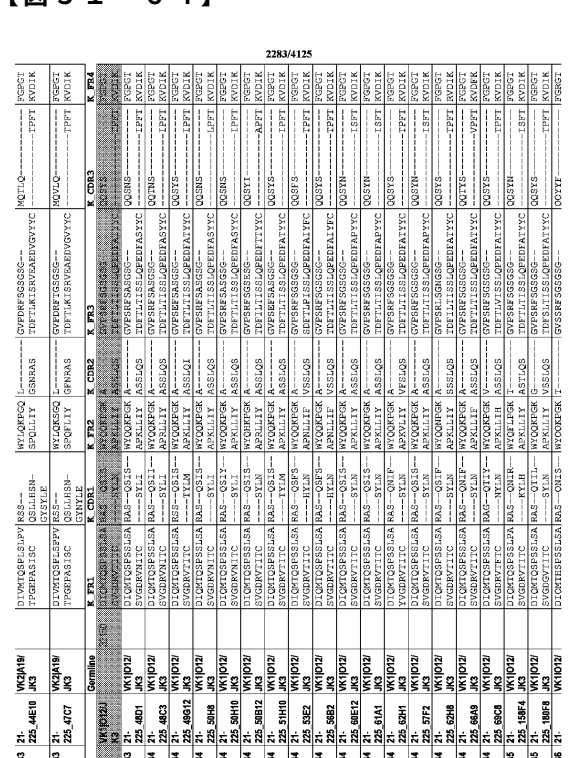
【図５１－６２】



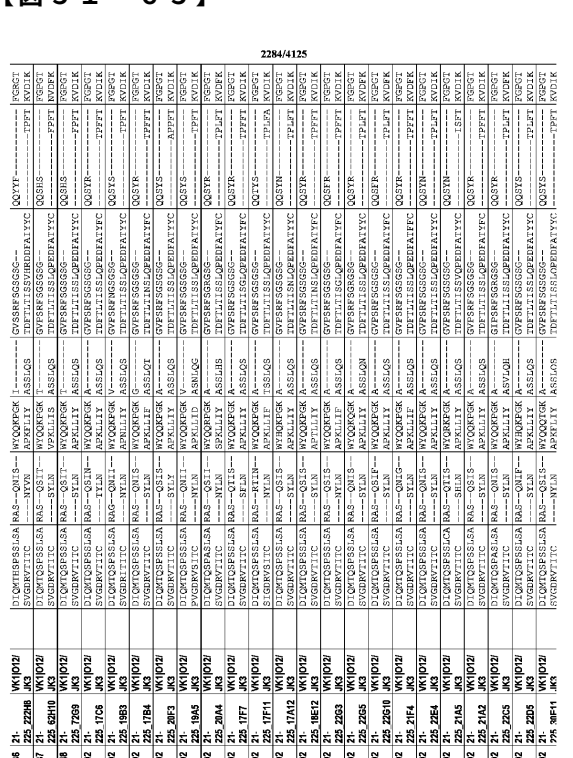
【図５１－６３】



【図５１－６４】



【図５１－６５】



【図５１－６６】

【図５１－６７】

【図５１－６８】

【図５１－６９】

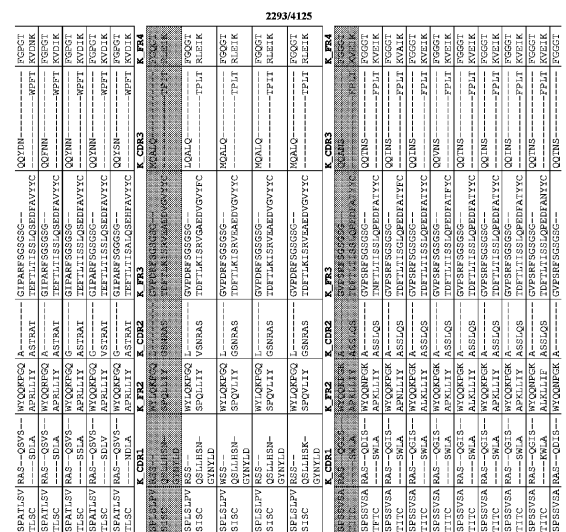
【図５１－７０】

【図５１－７１】

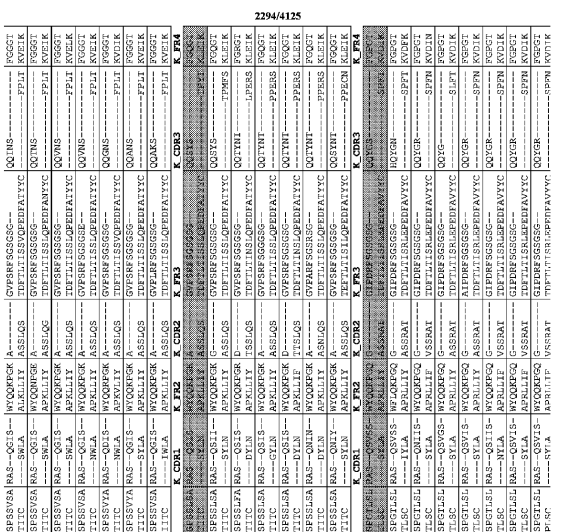
【図５１－７２】

【図５１－７３】

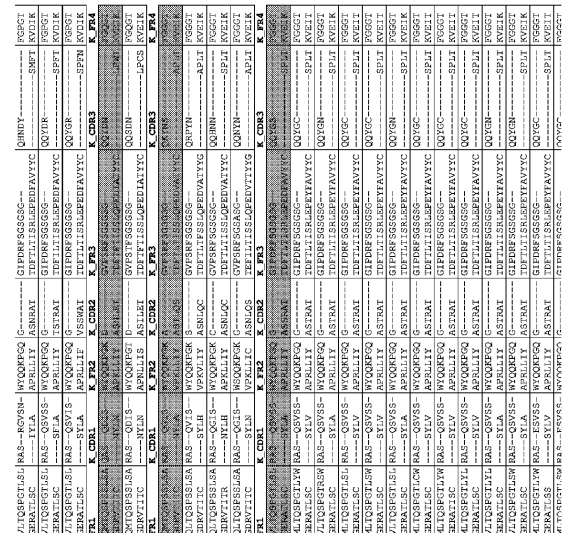
【図５１－７４】



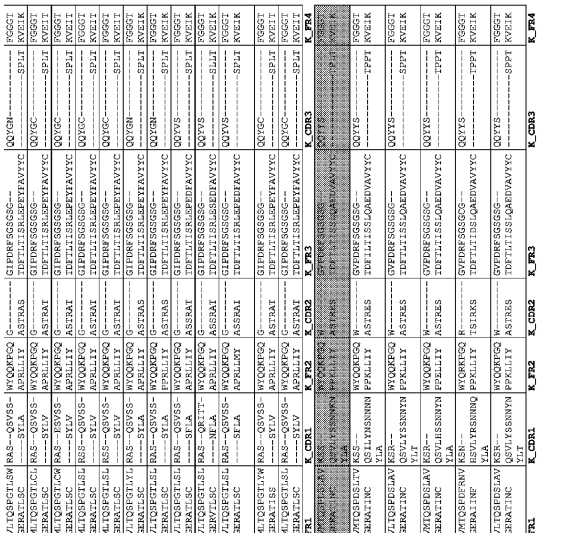
【図５１－７５】



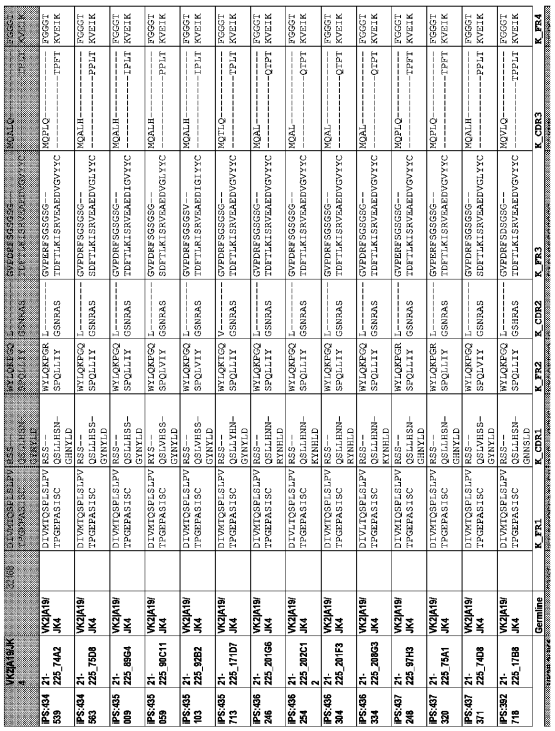
【図５１－７６】



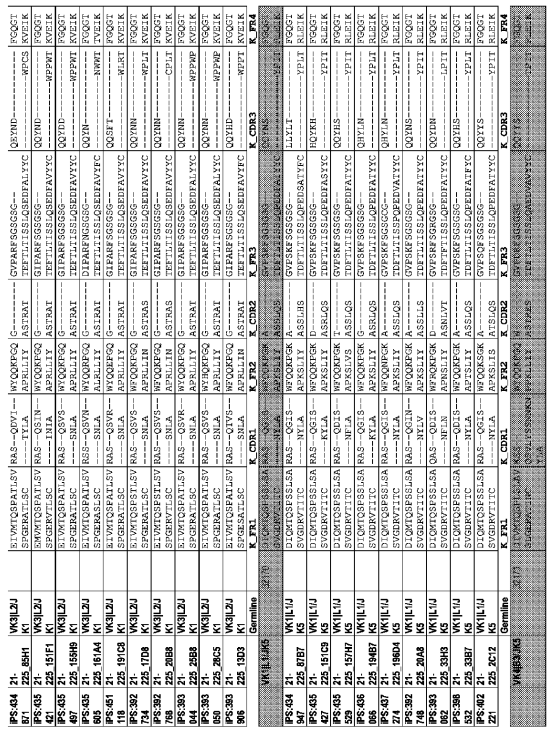
【図５１－７７】



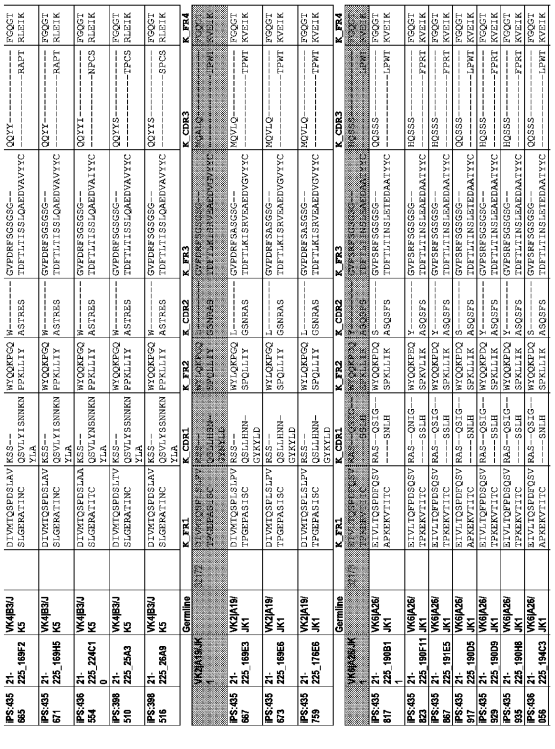
【図５１－７８】



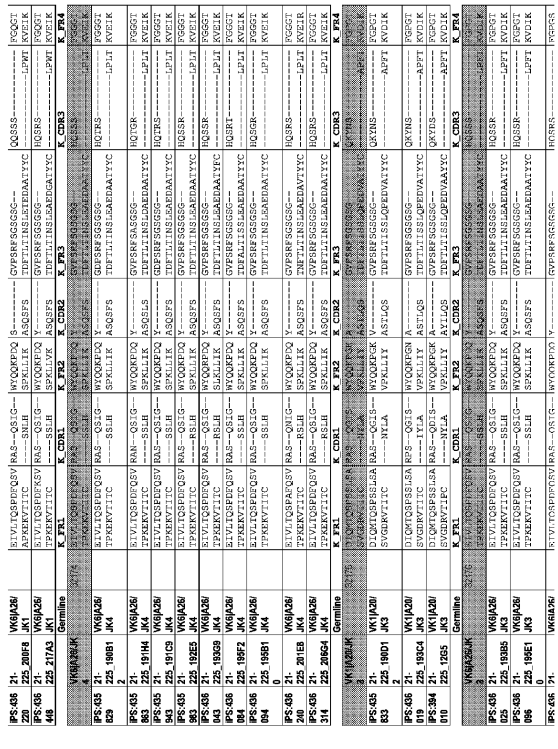
【図５１－７９】



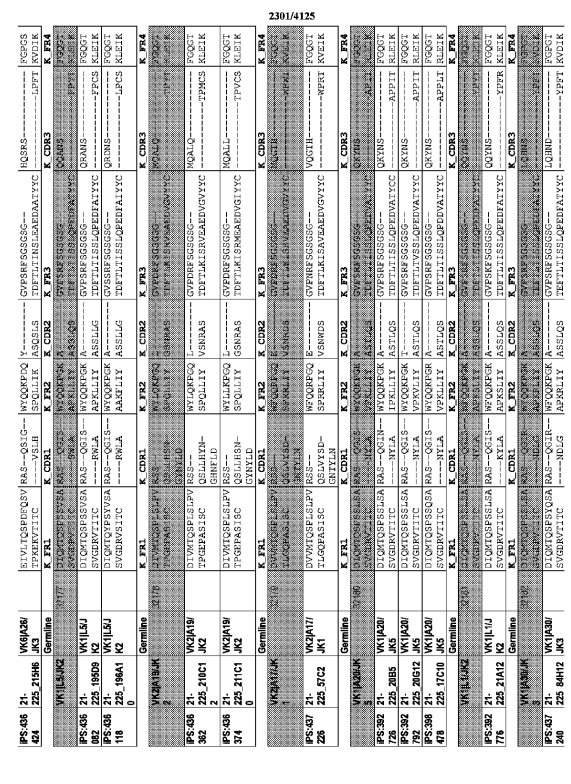
【図５１－８０】



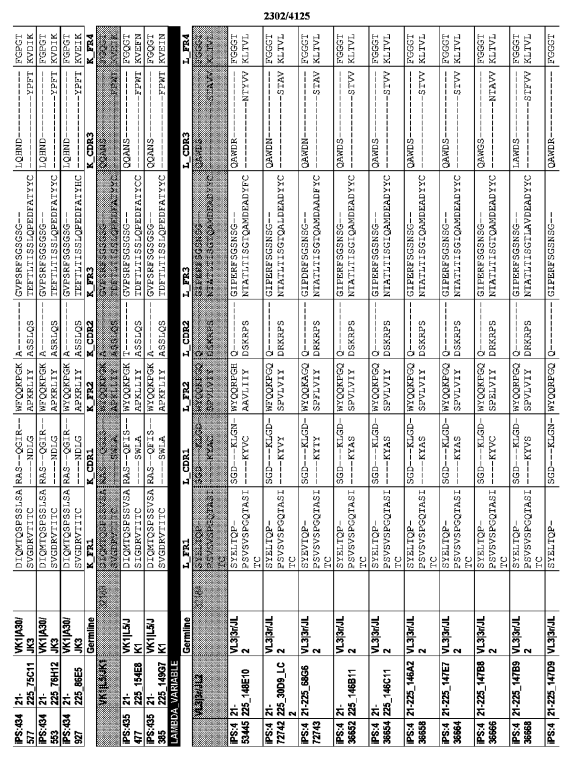
【図５１－８１】



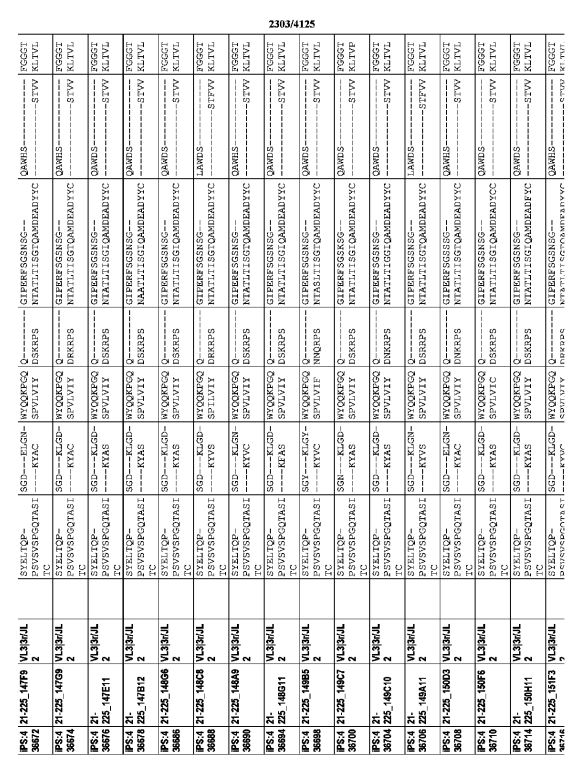
【図５１－８２】



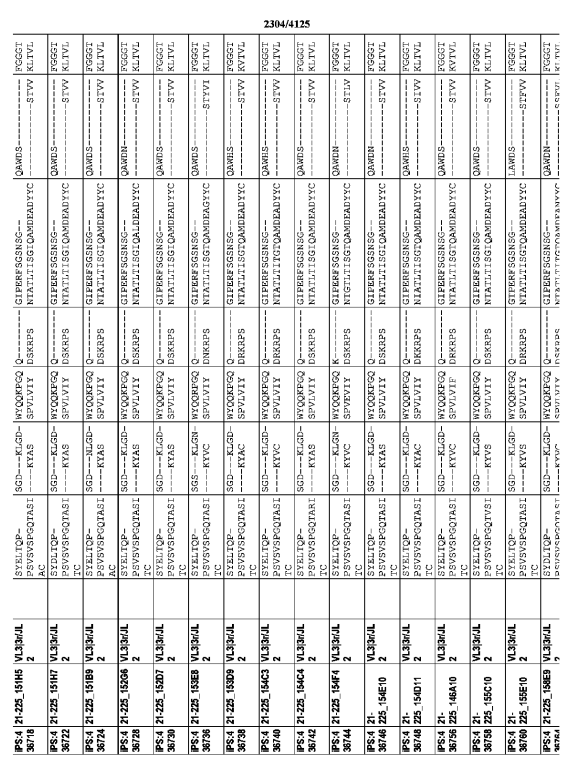
【図５１－８３】



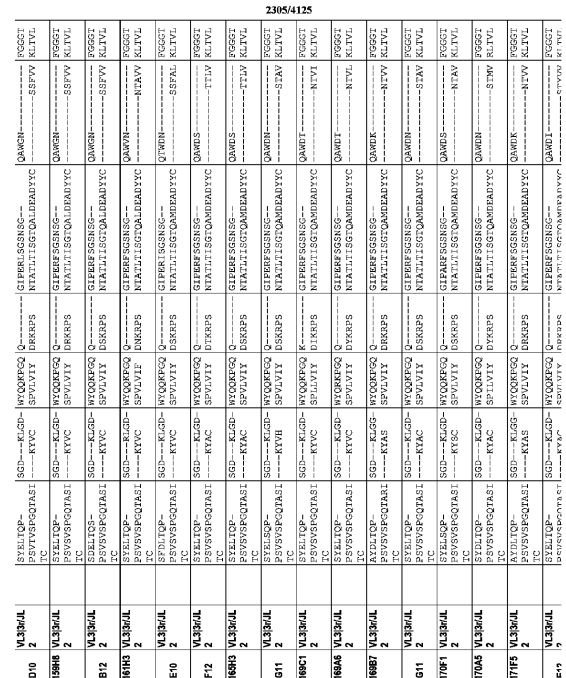
【図５１－８４】



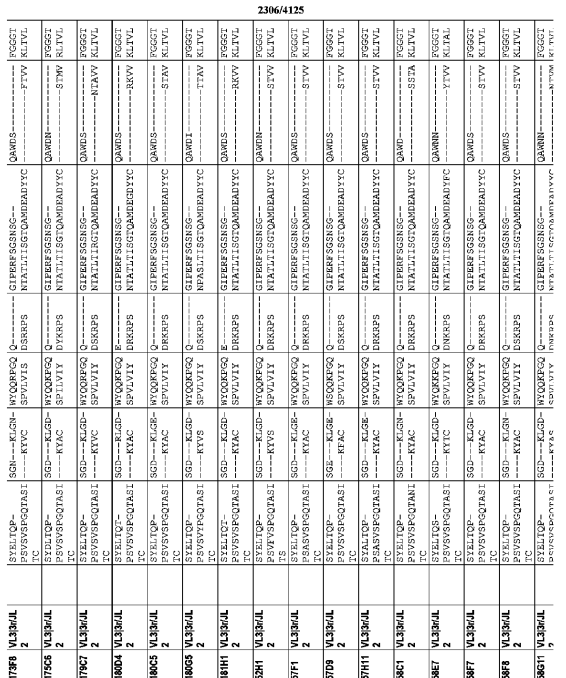
【図５１－８５】



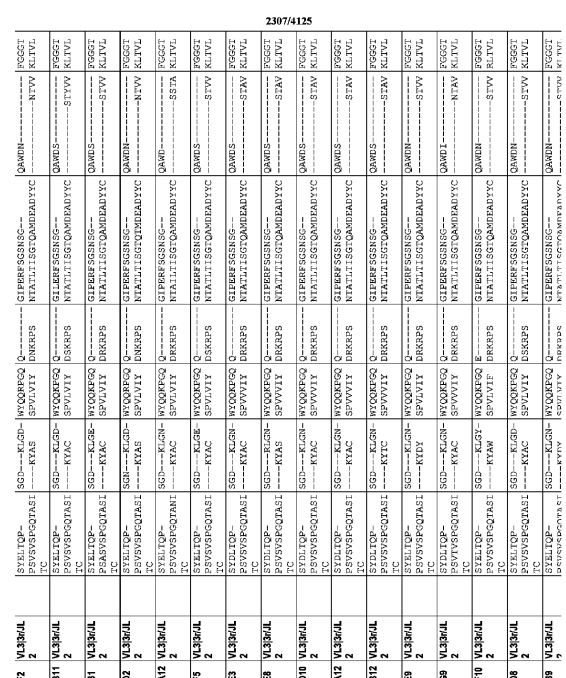
【図５１－８６】



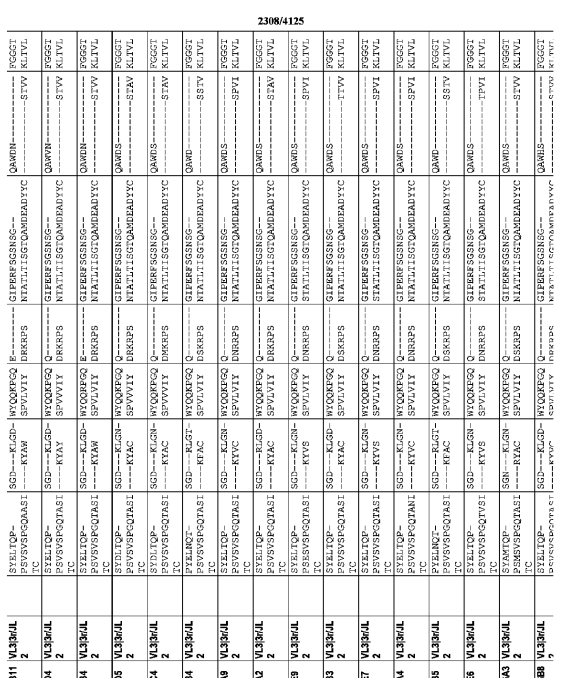
【図５１－８７】



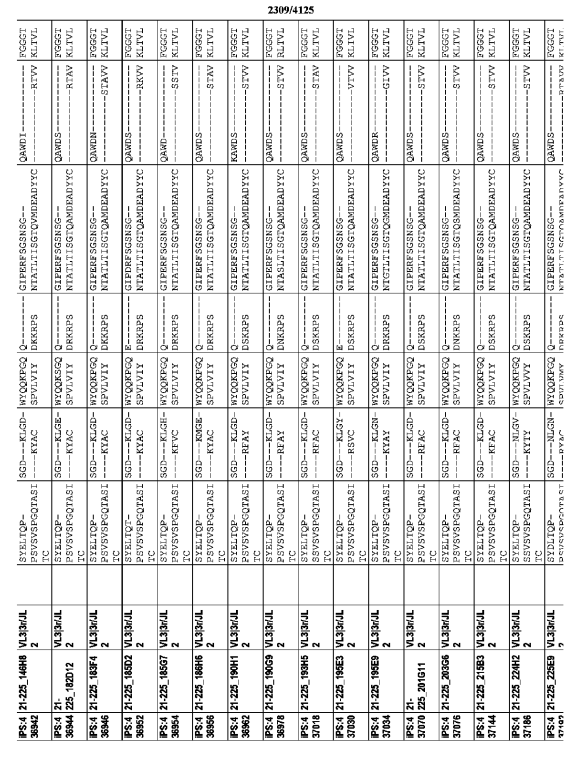
【図５１－８８】



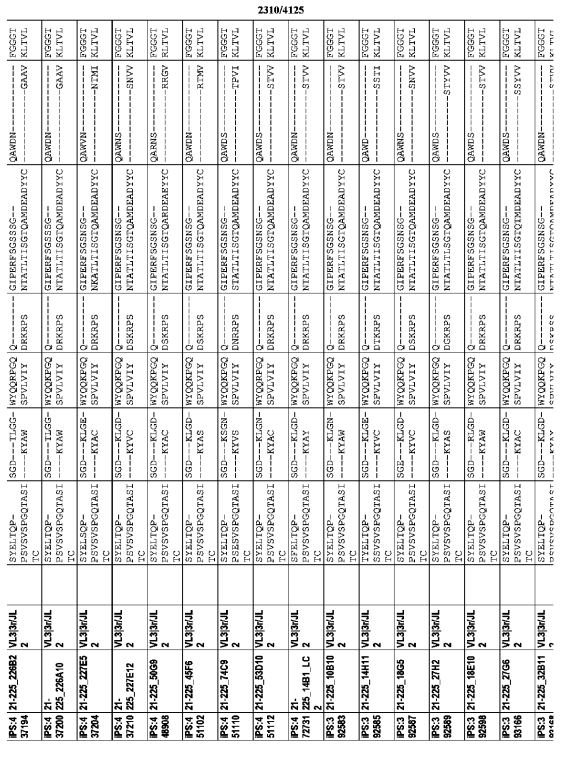
【図５１－８９】



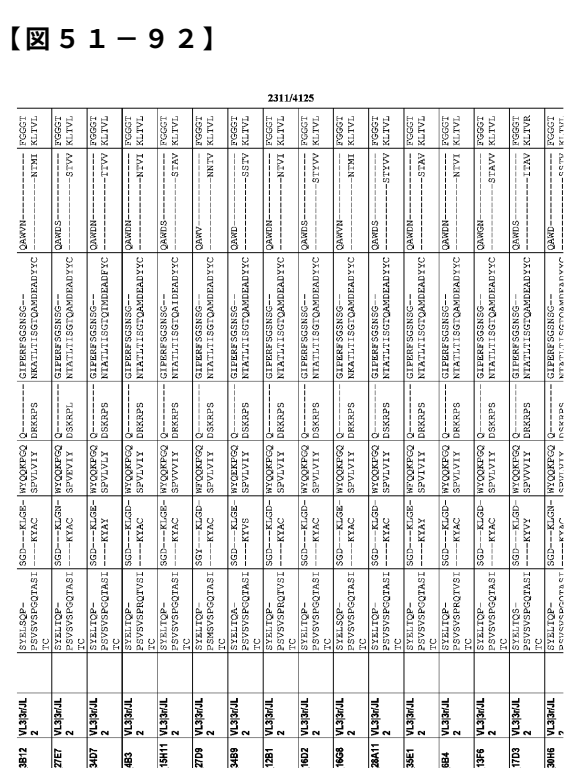
【図５１－９０】



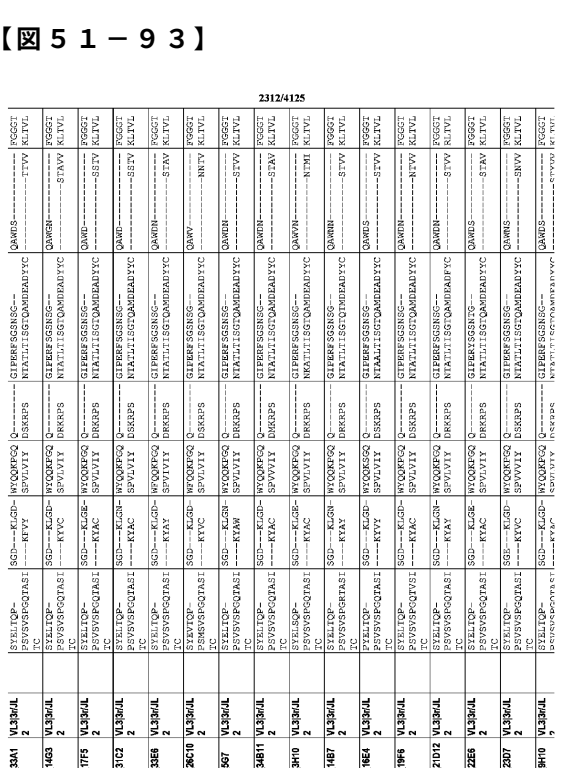
【図５１－９１】



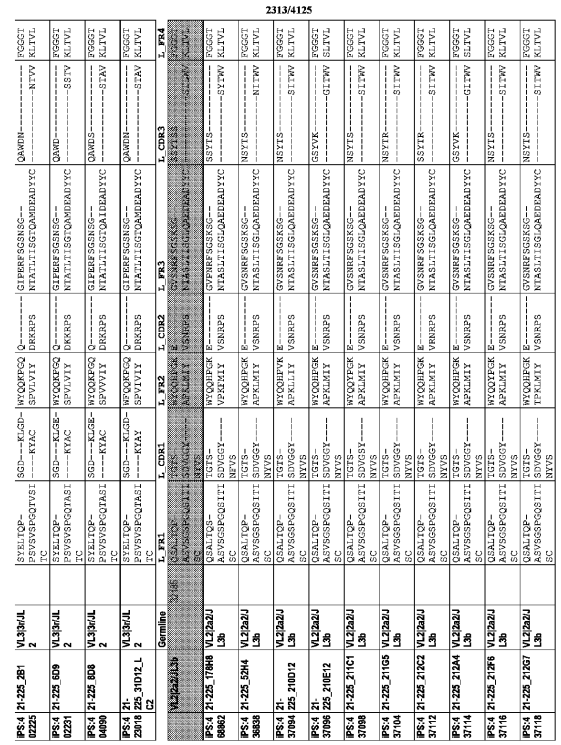
【図５１－９２】



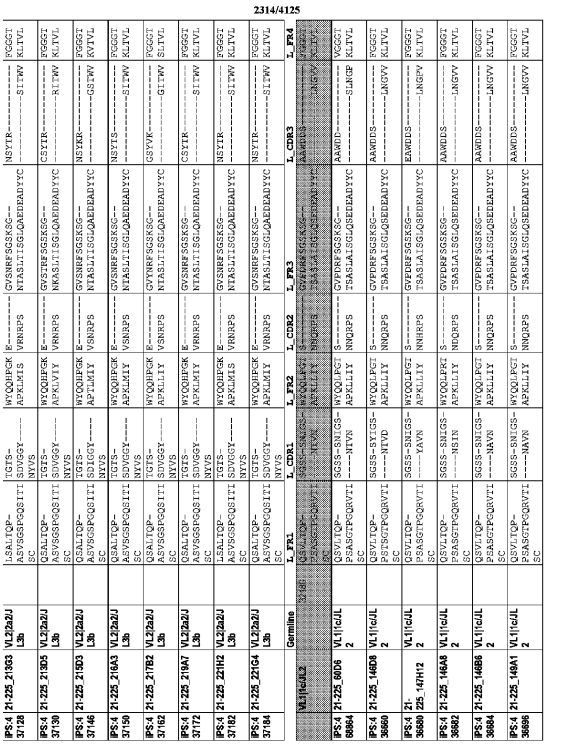
【図５１－９３】



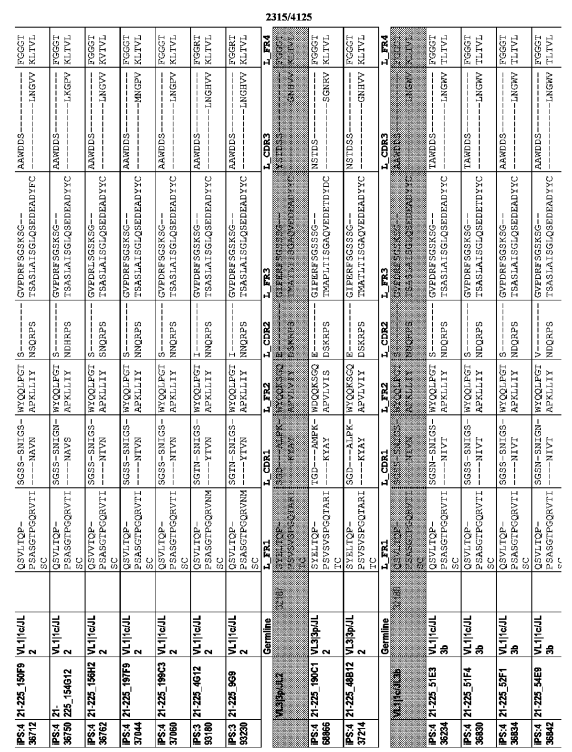
【図５１－９４】



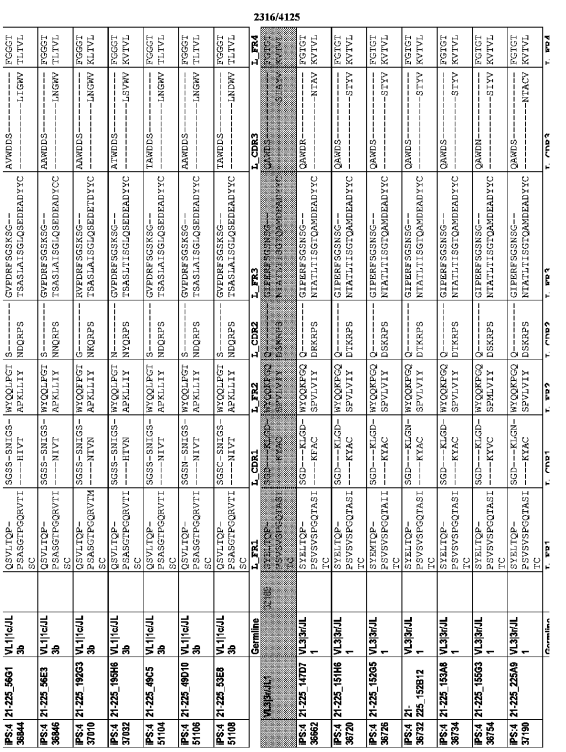
【図５１－９５】



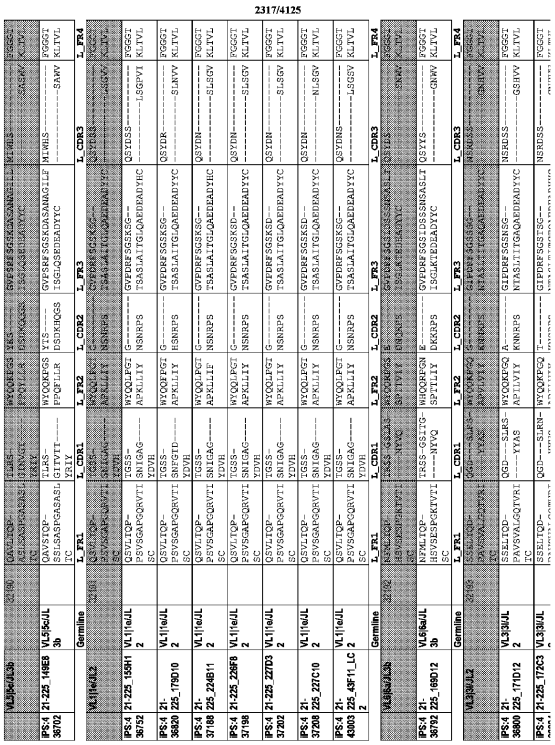
【図５１－９６】



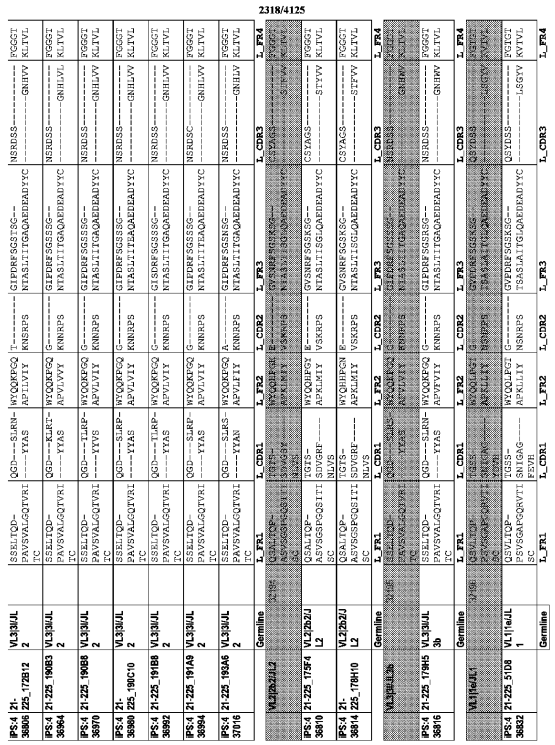
【図５１－９７】



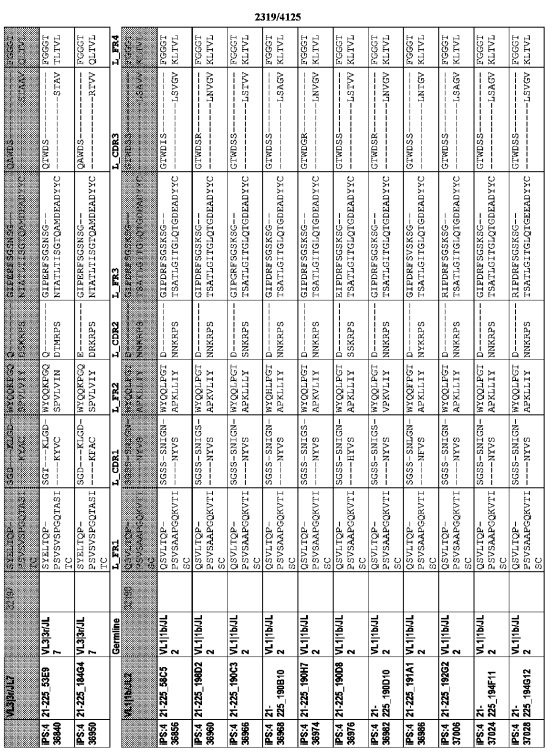
【図５１－９８】



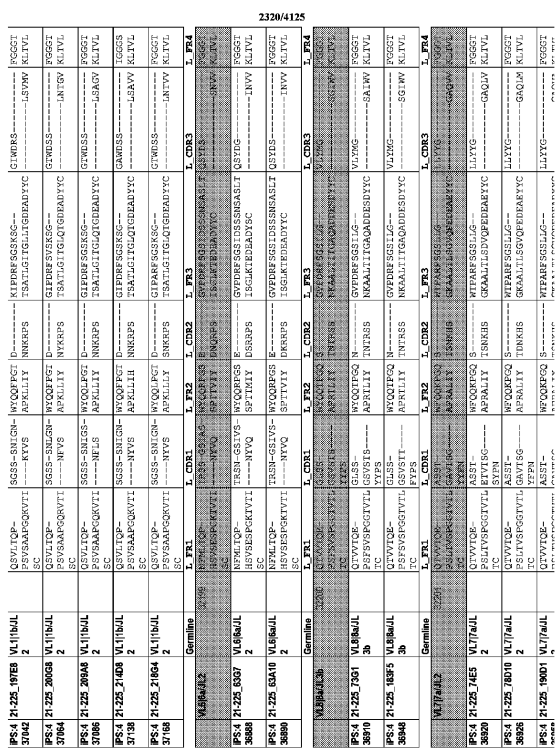
【図５１－９９】



【図５１－１００】



【図５１－１０１】



10

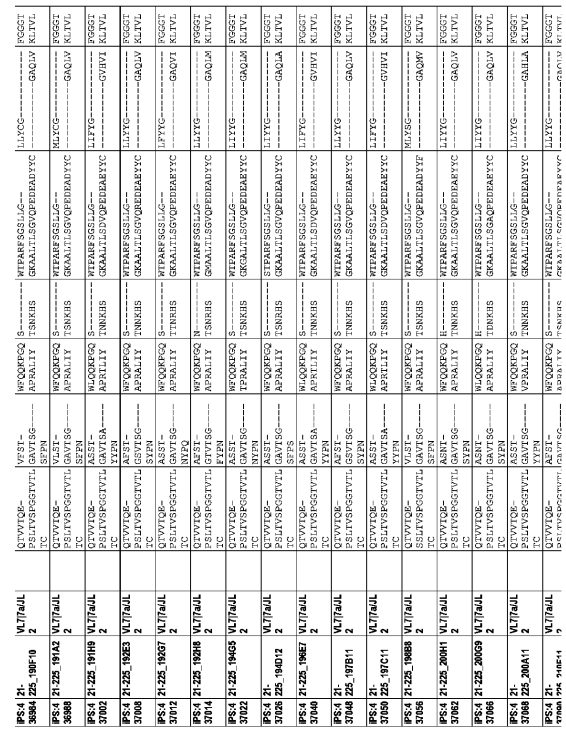
20

30

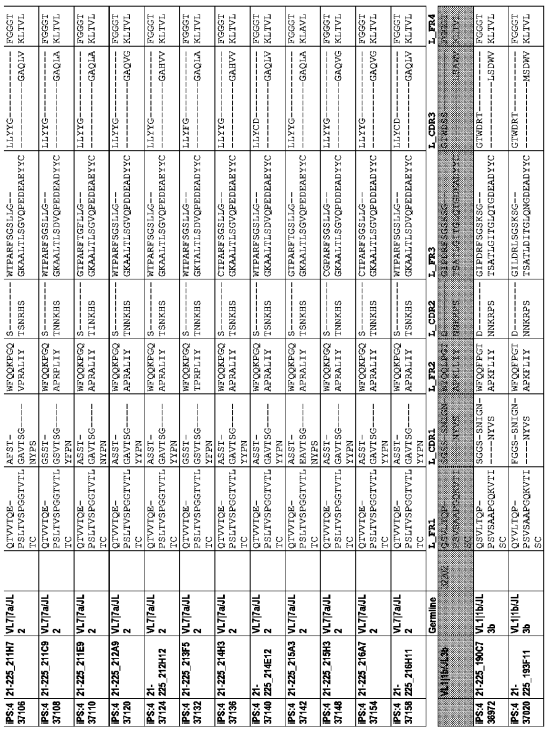
40

50

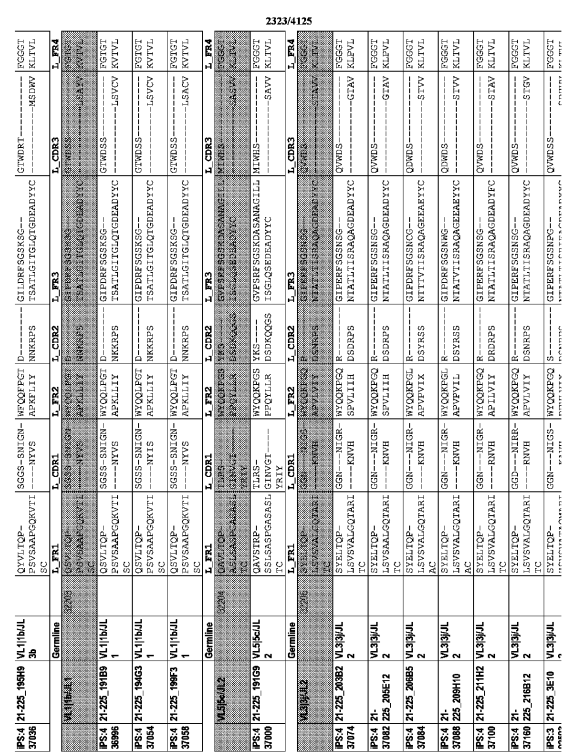
【図５１－１０２】



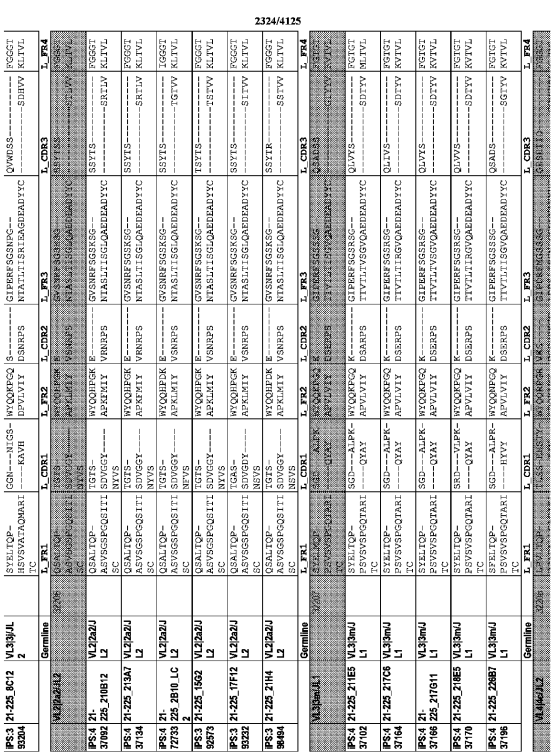
【図５１－１０３】



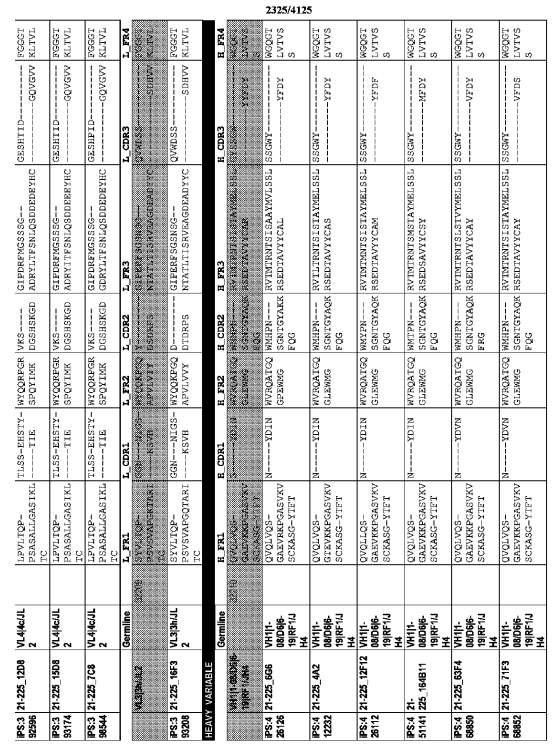
【図５１－１０４】



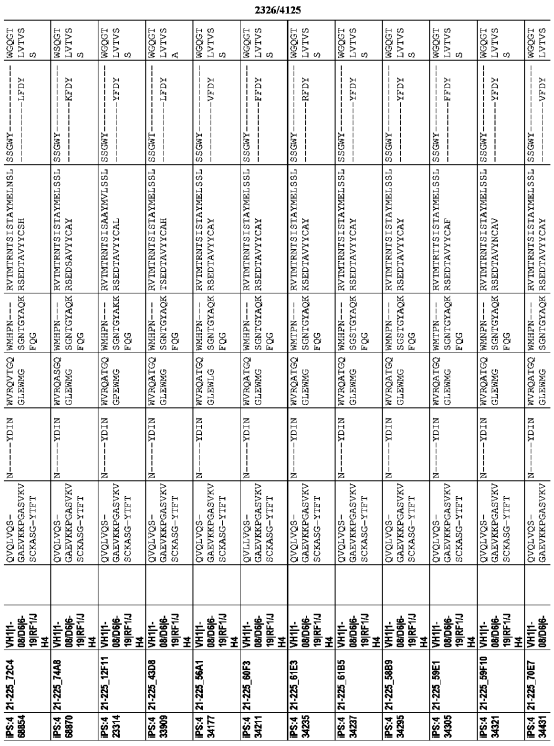
【図５１－１０５】



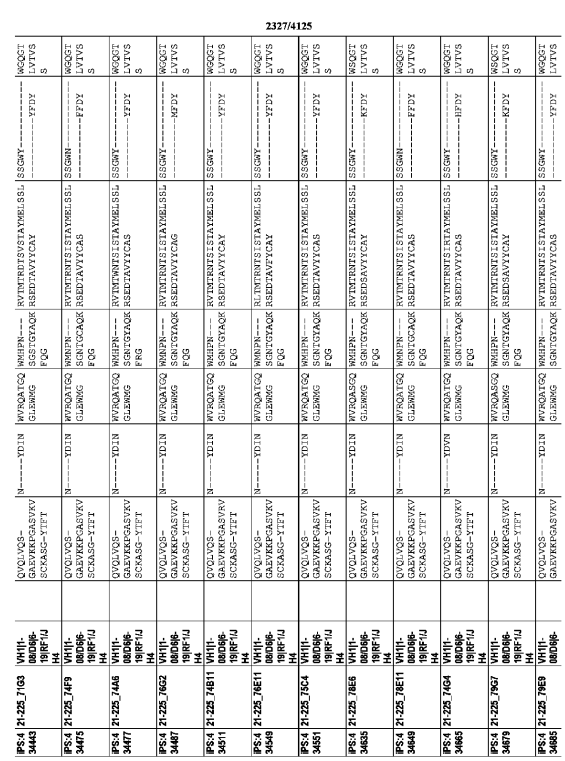
【図５１－１０６】



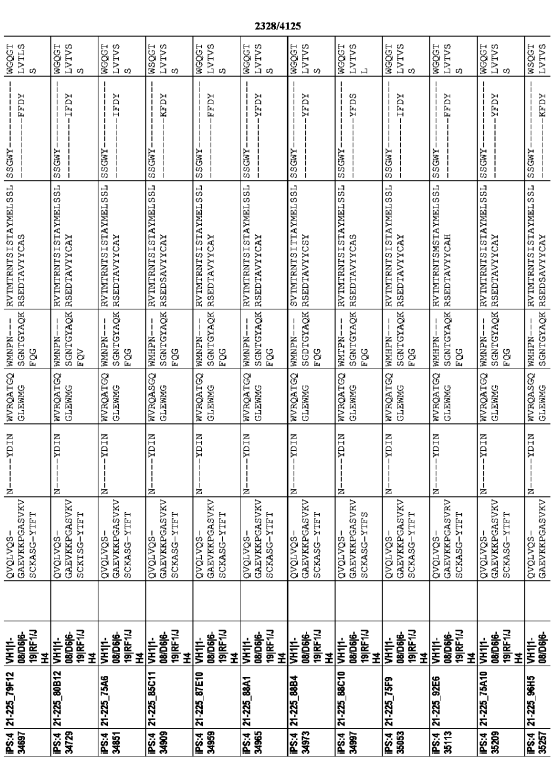
【図５１－１０７】



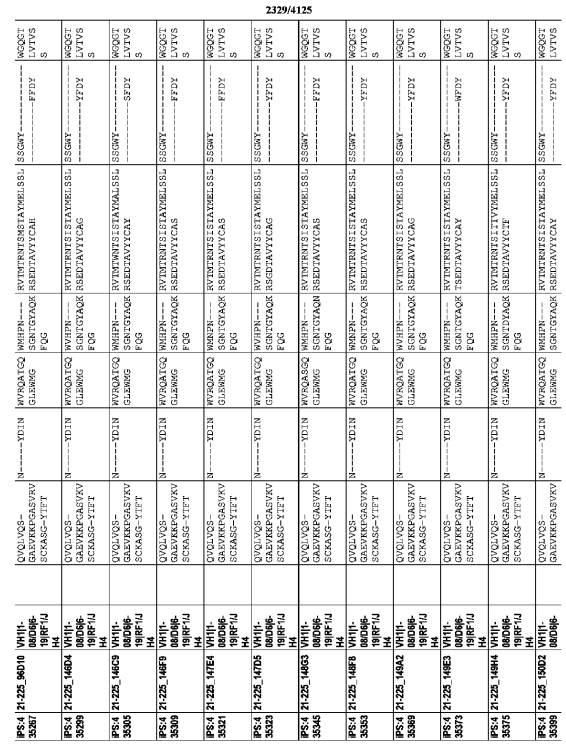
【図５１－１０８】



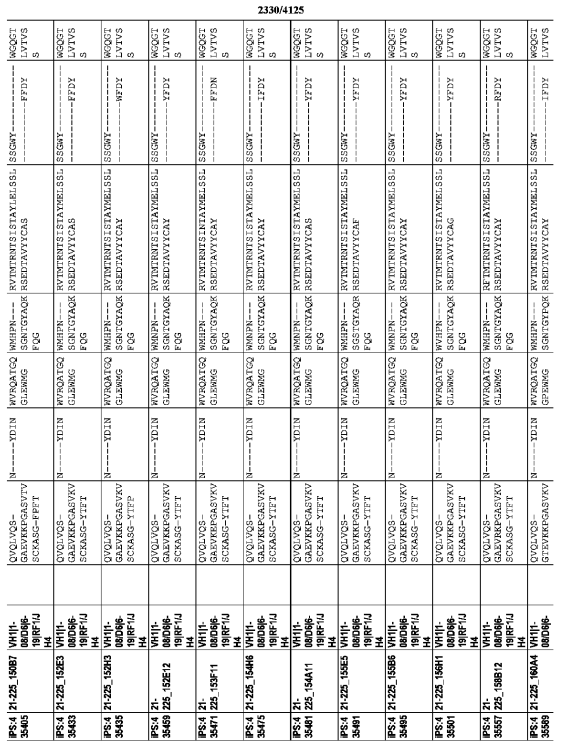
【図５１－１０９】



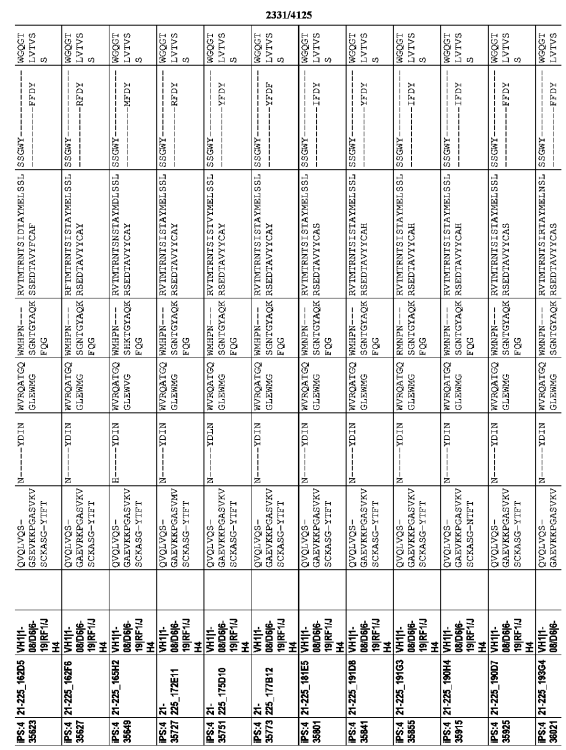
【図５１－１１０】



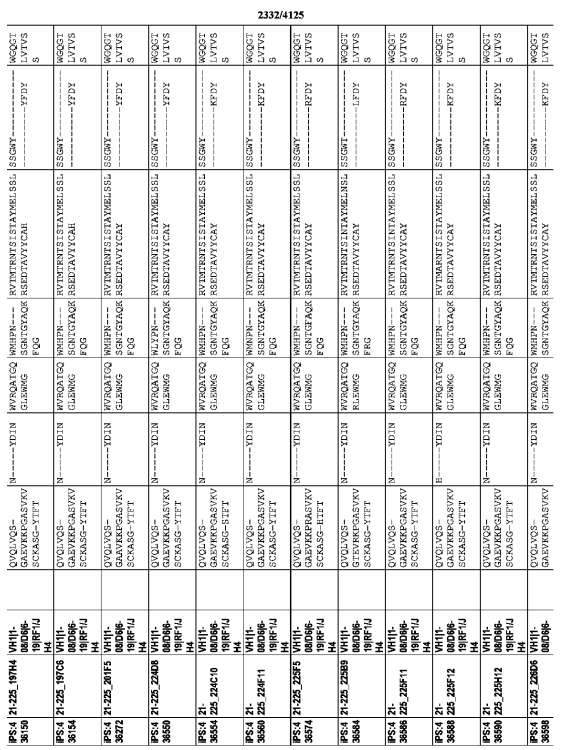
【図５１－１１１】



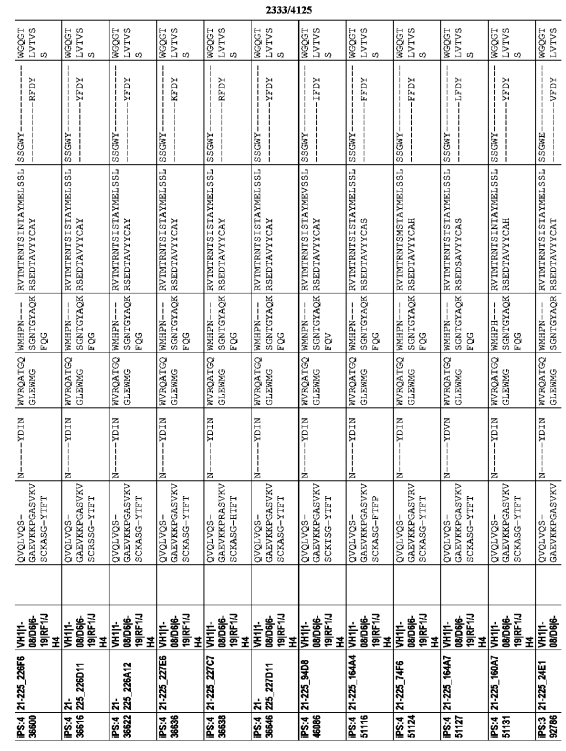
【図５１－１１２】



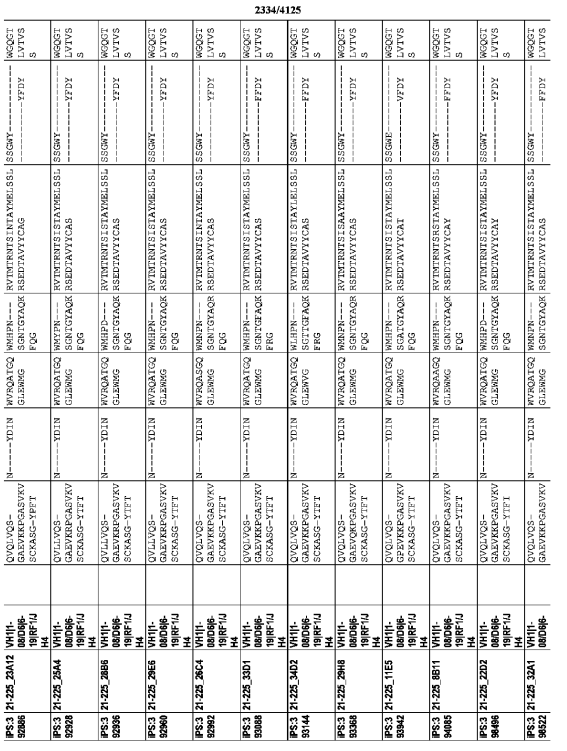
【図５１－１１３】



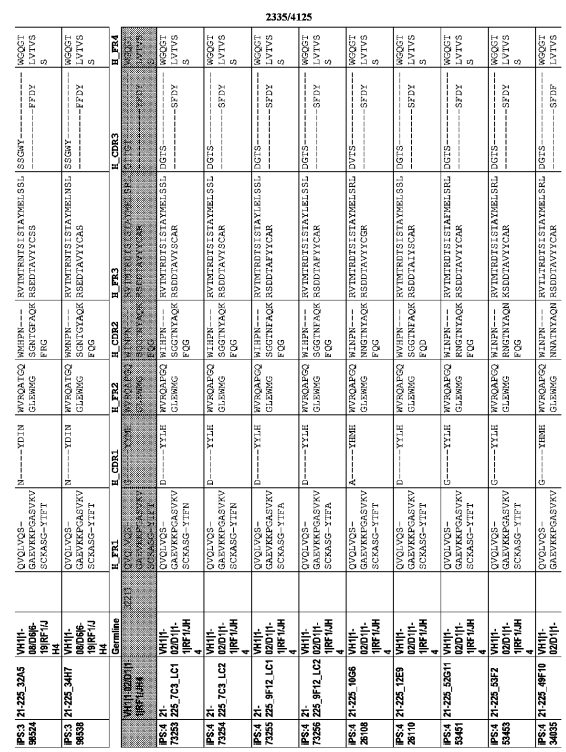
【図５１－１１４】



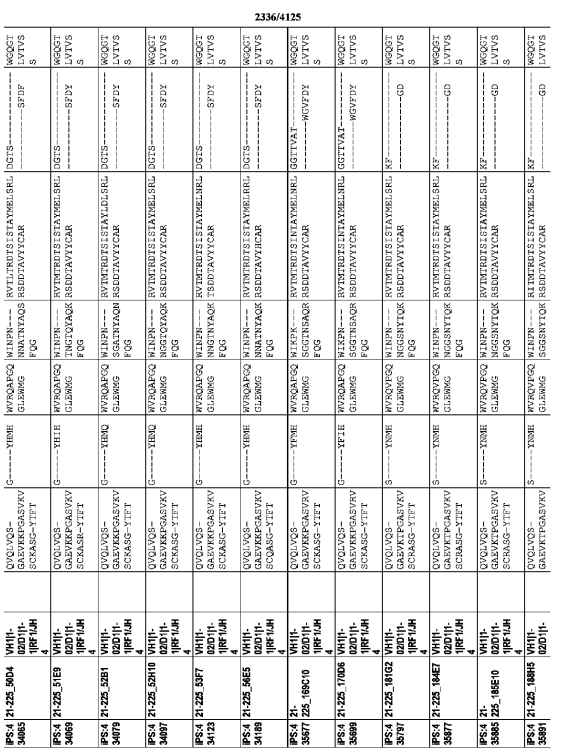
【図５１－１１５】



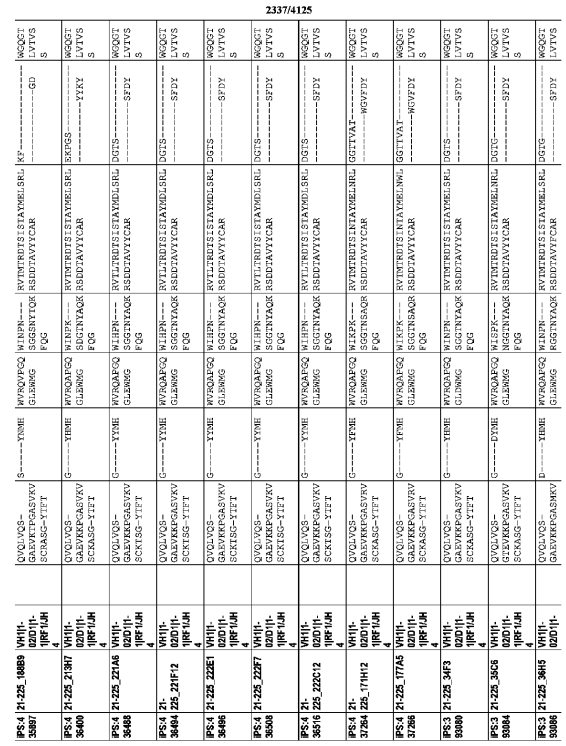
【図５１－１１６】



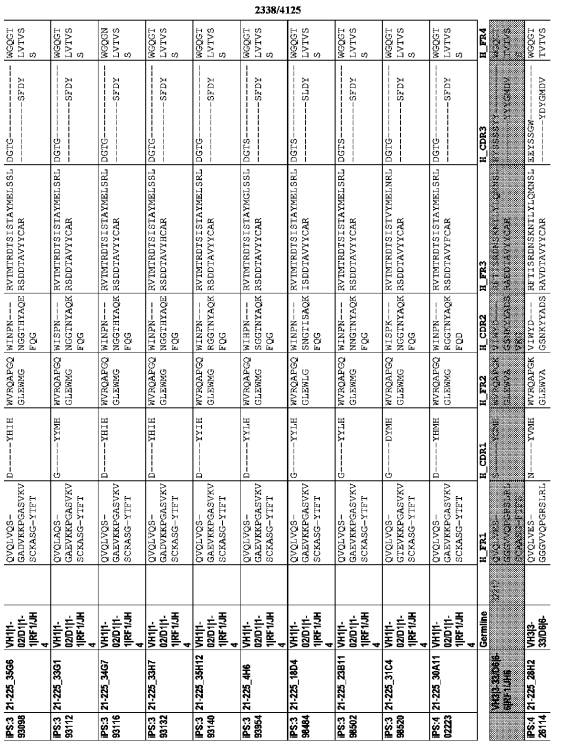
【図５１－１１７】



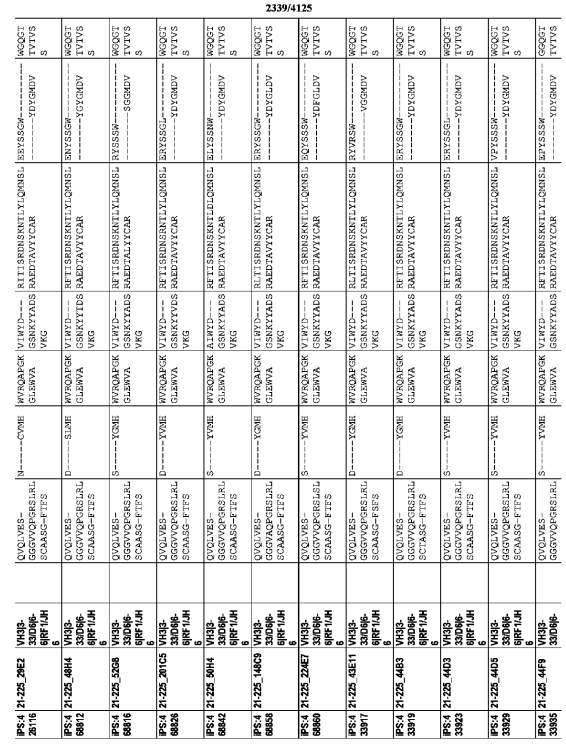
【図５１－１１８】



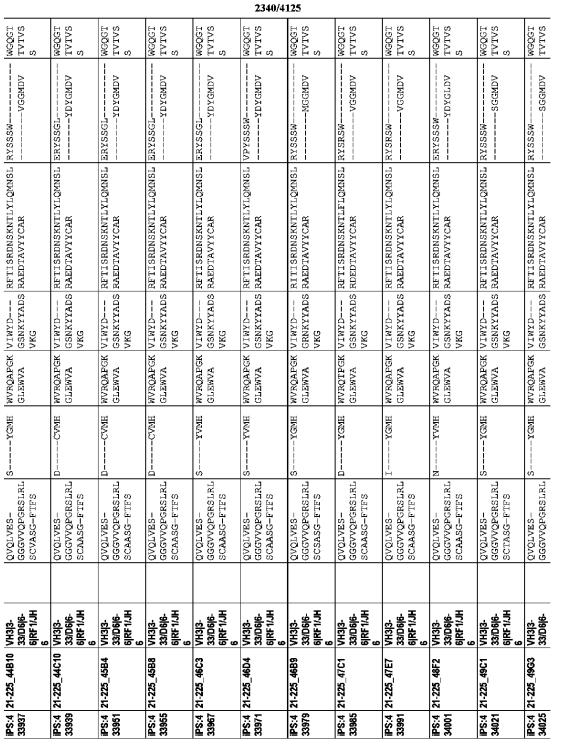
【図５１－１１９】



【図５１－１２０】



【図５１－１２１】



10

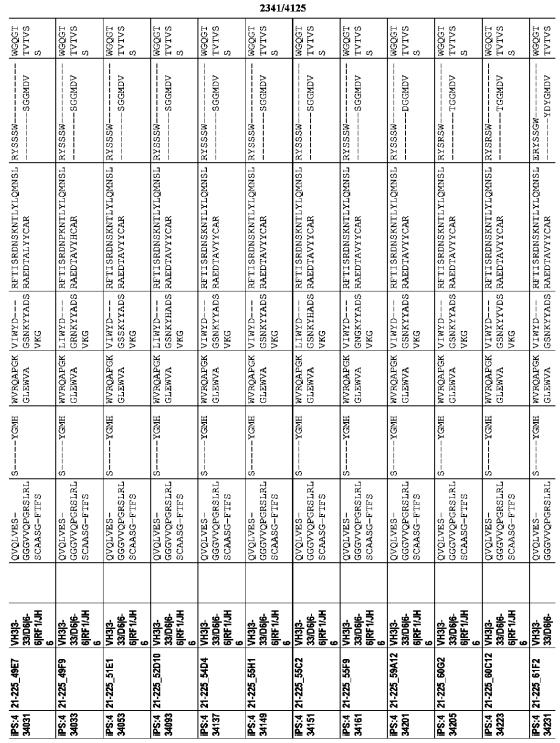
20

30

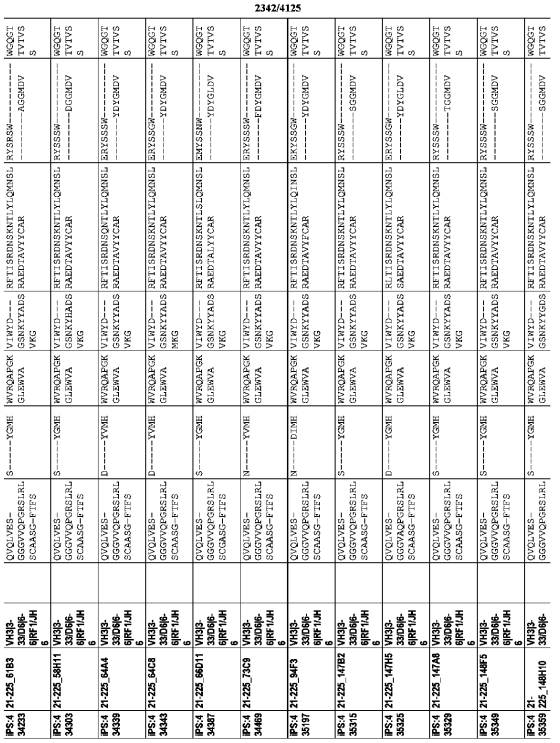
40

50

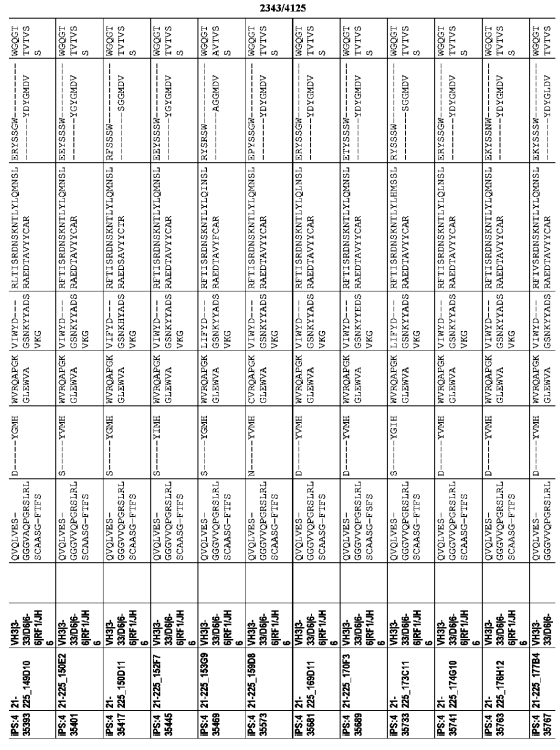
【図５１－１２２】



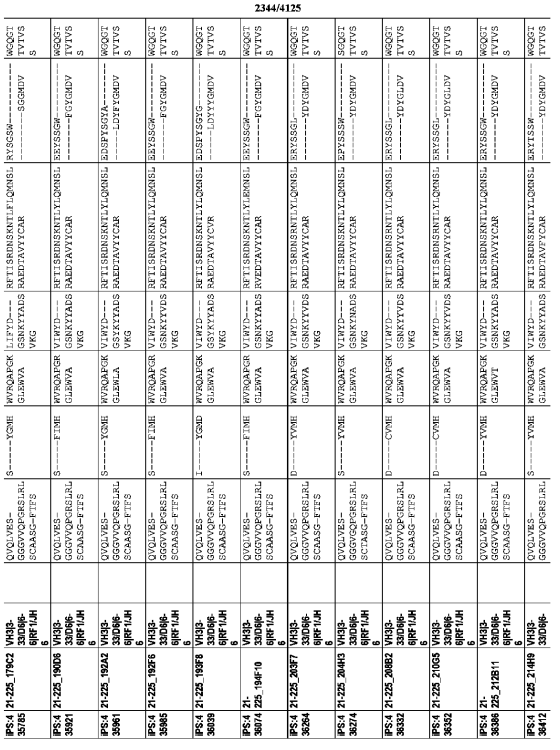
【図５１－１２３】



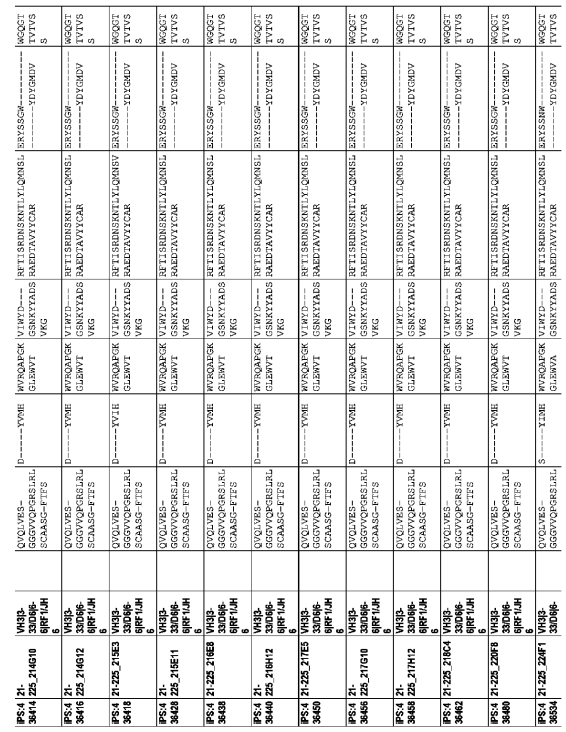
【図５１－１２４】



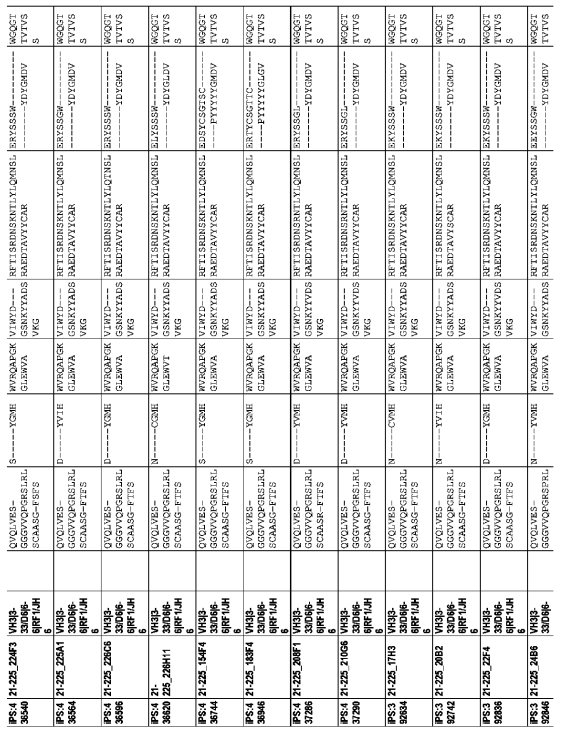
【図５１－１２５】



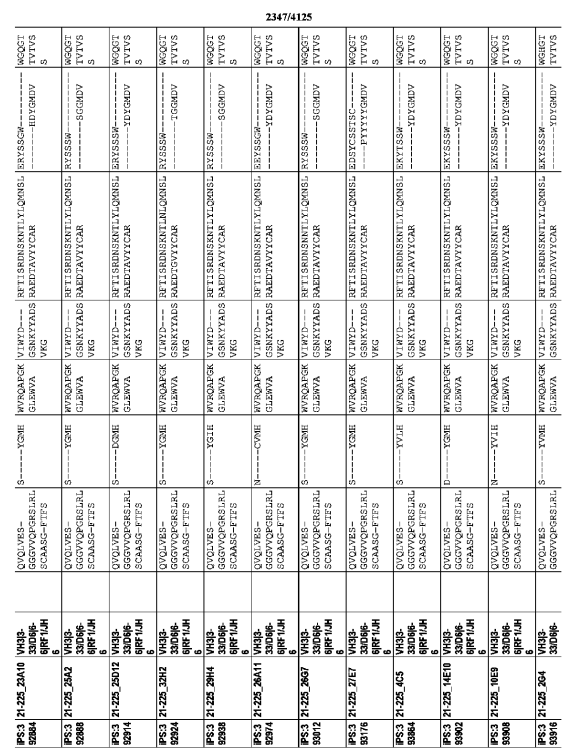
【図５１－１２６】



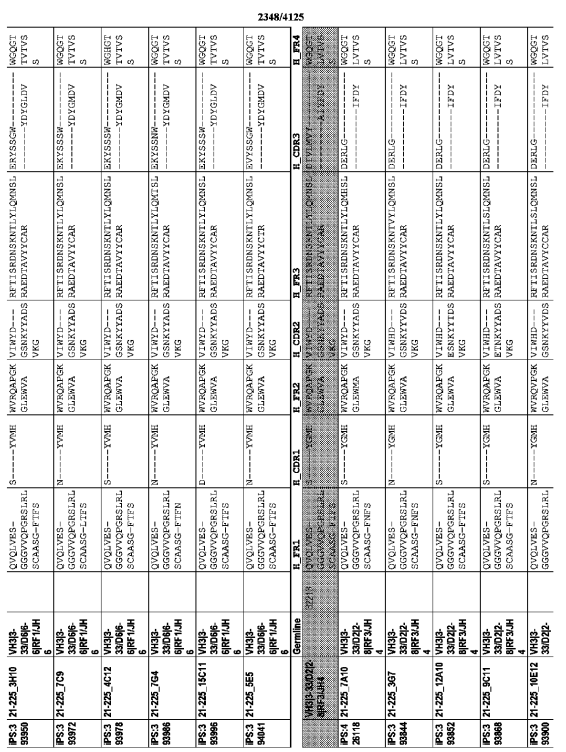
【図５１－１２７】



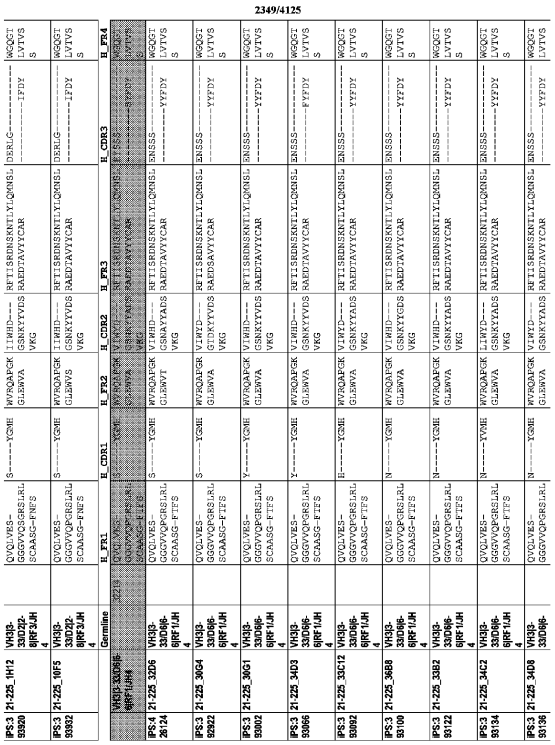
【図５１－１２８】



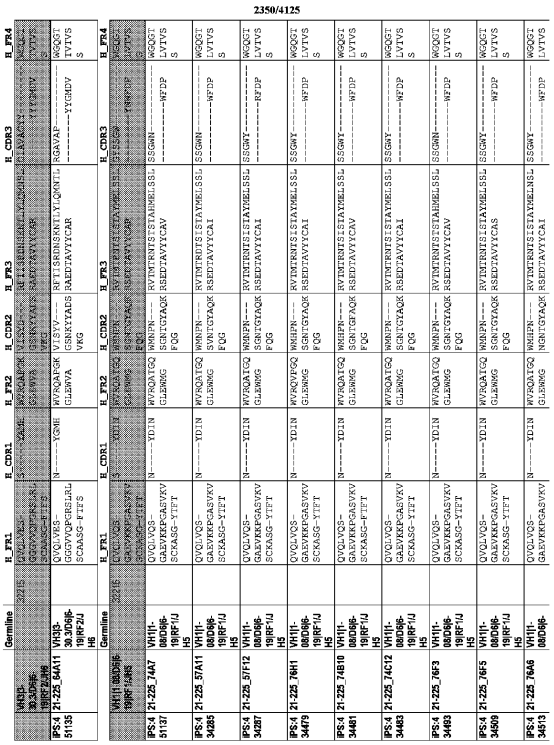
【図５１－１２９】



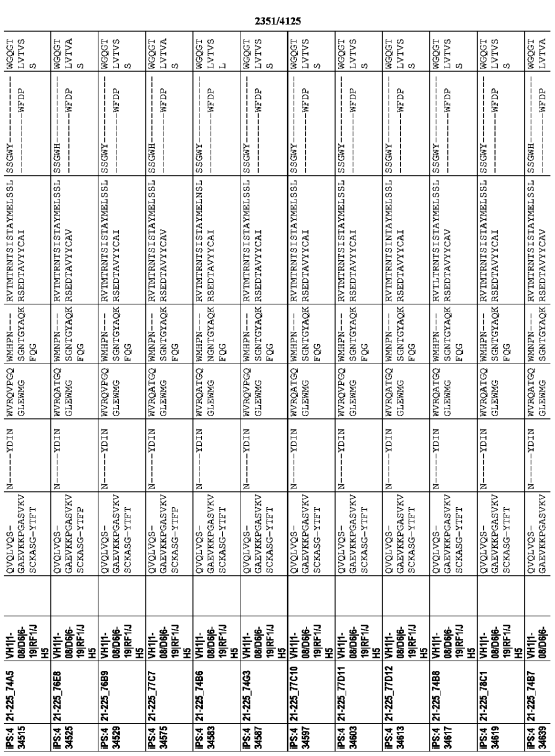
【図５１－１３０】



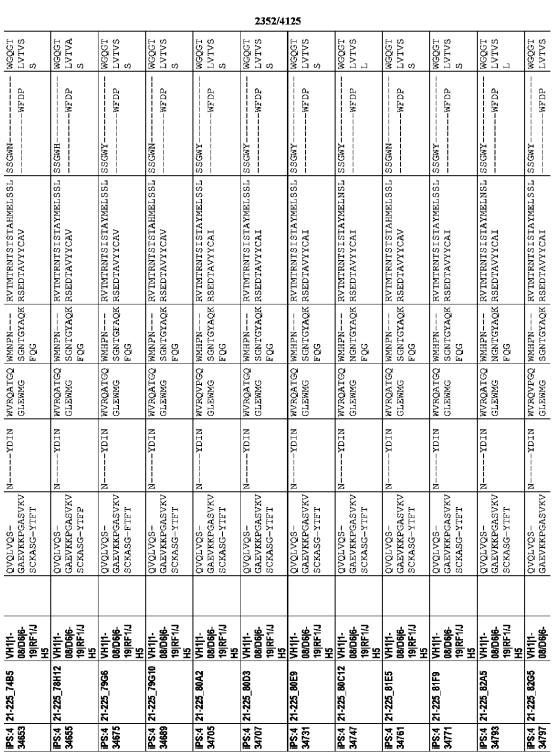
【図５１－１３１】



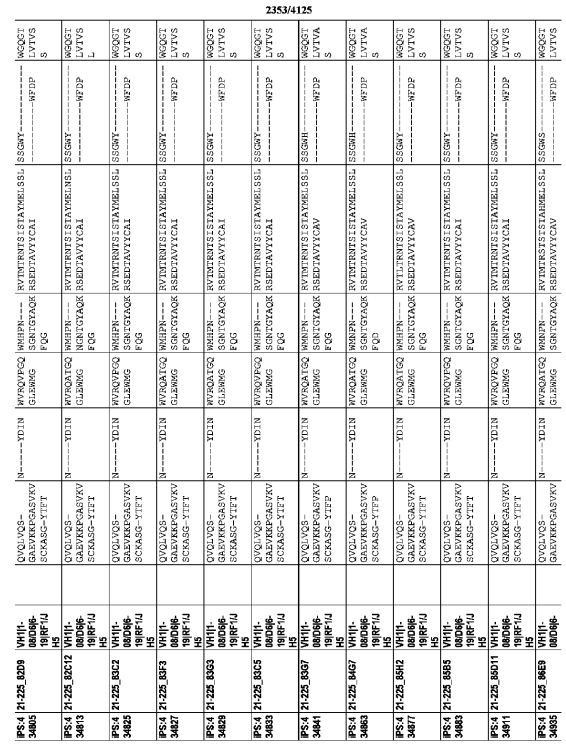
【図５１－１３２】



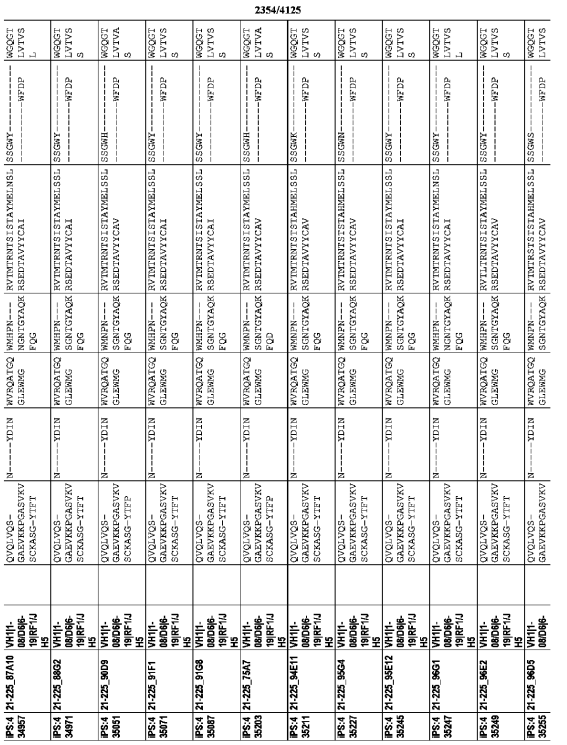
【図５１－１３３】



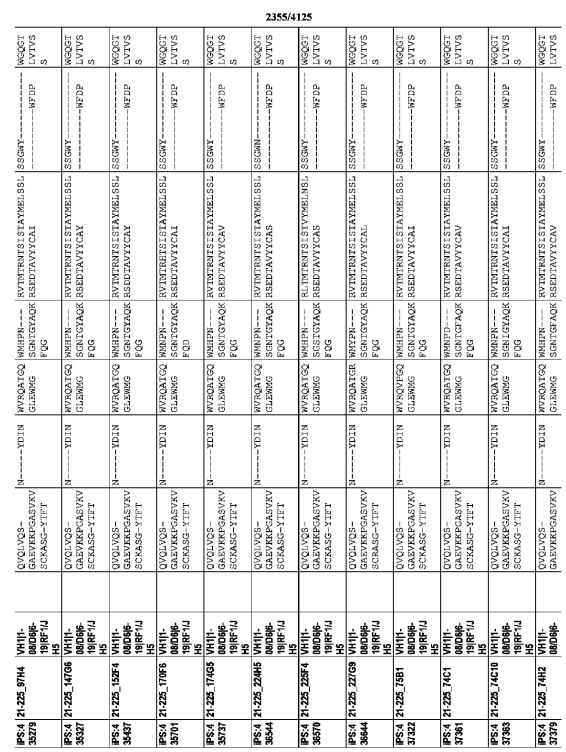
【図５１－１３４】



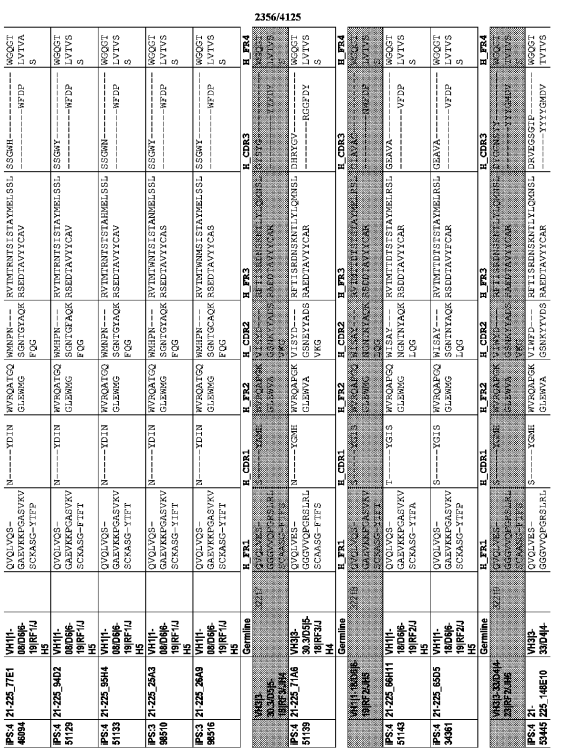
【図５１－１３５】



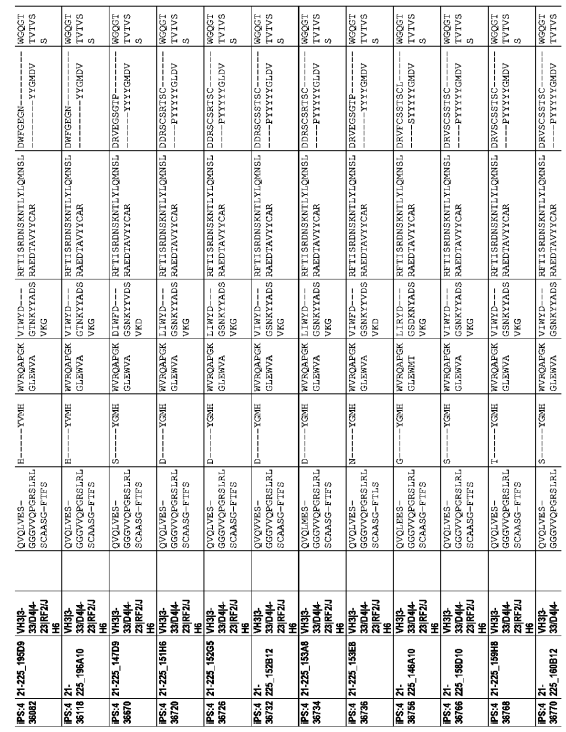
【図５１－１３６】



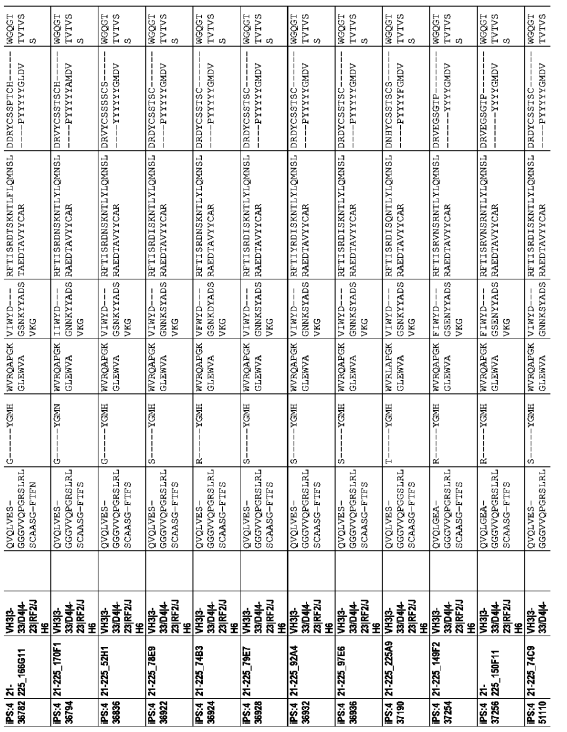
【図５１－１３７】



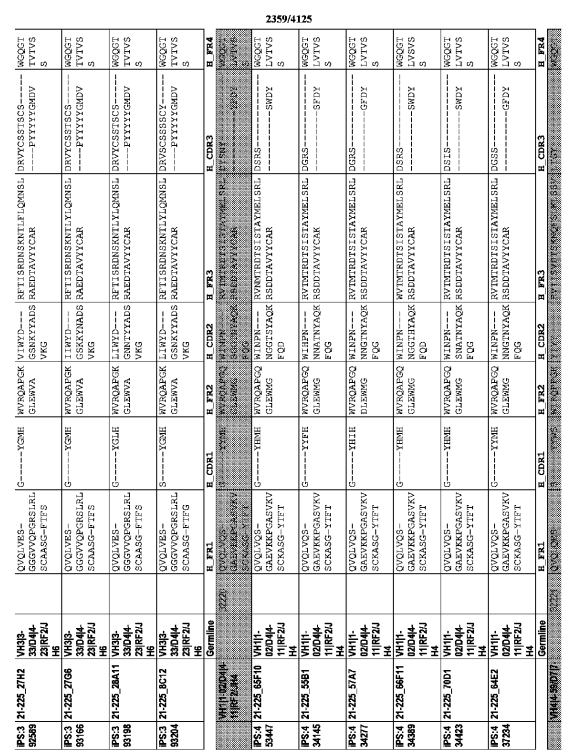
【図５１－１３８】



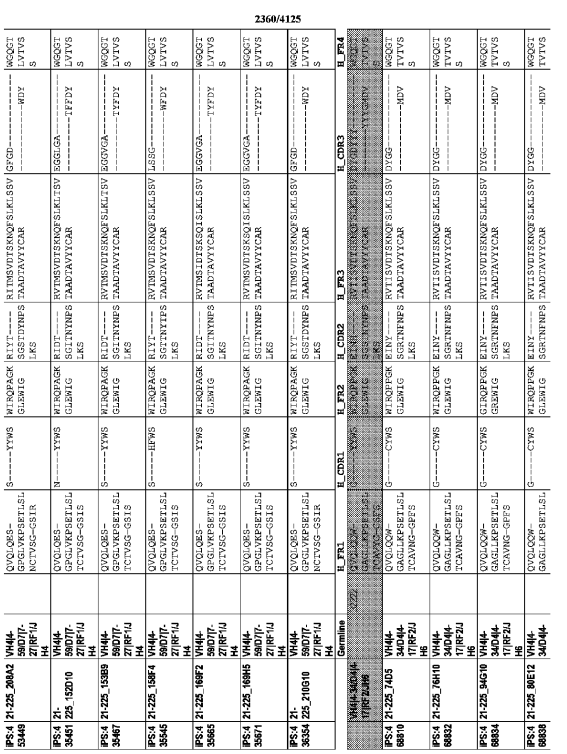
【図５１－１３９】



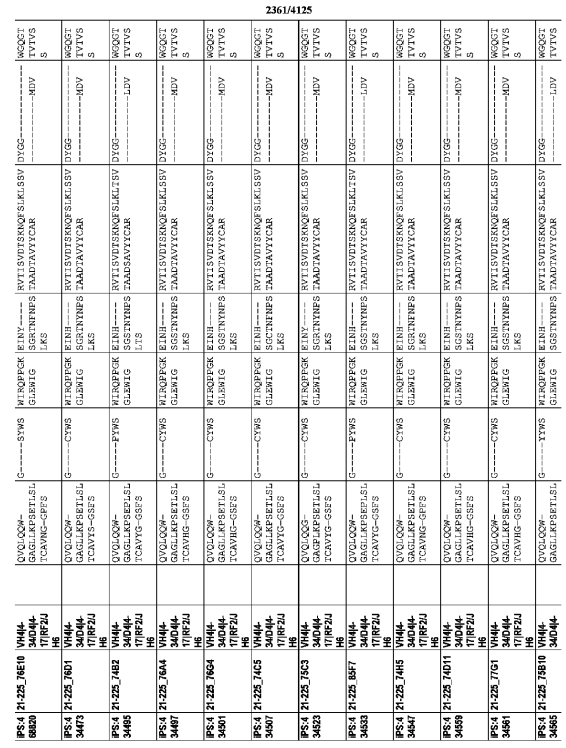
【図５１－１４０】



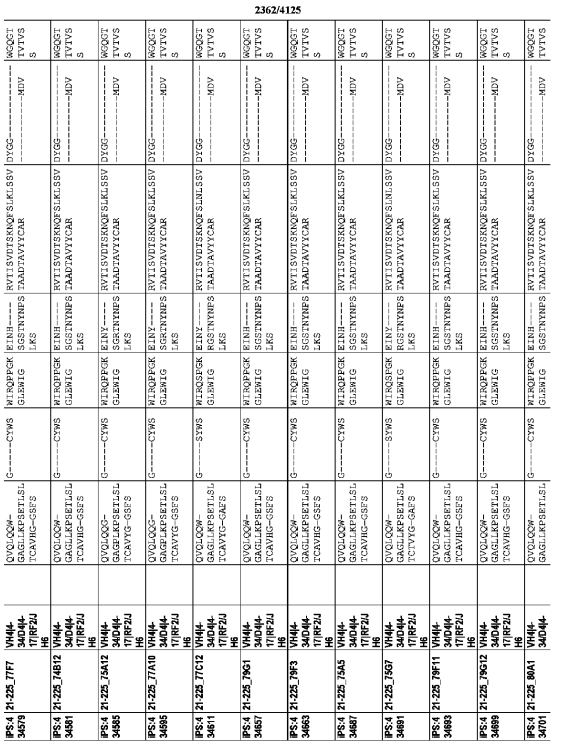
【図５１－１４１】



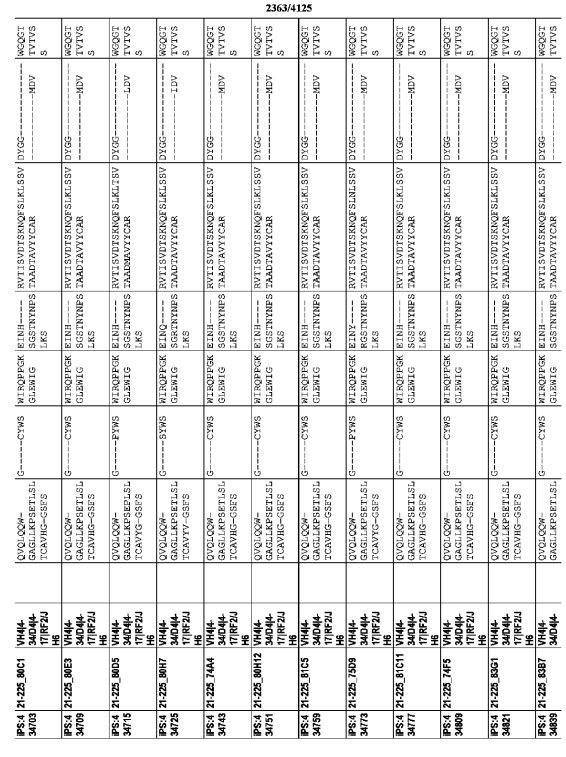
【図５１－１４２】



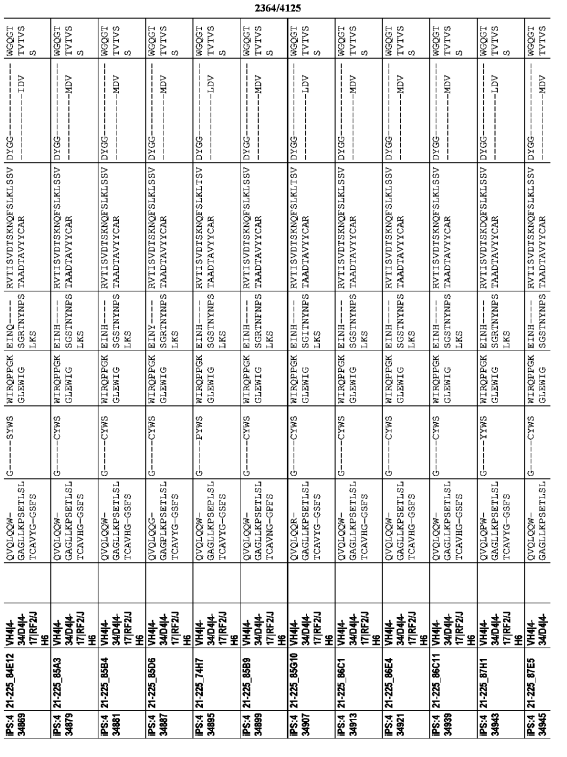
【図５１－１４３】



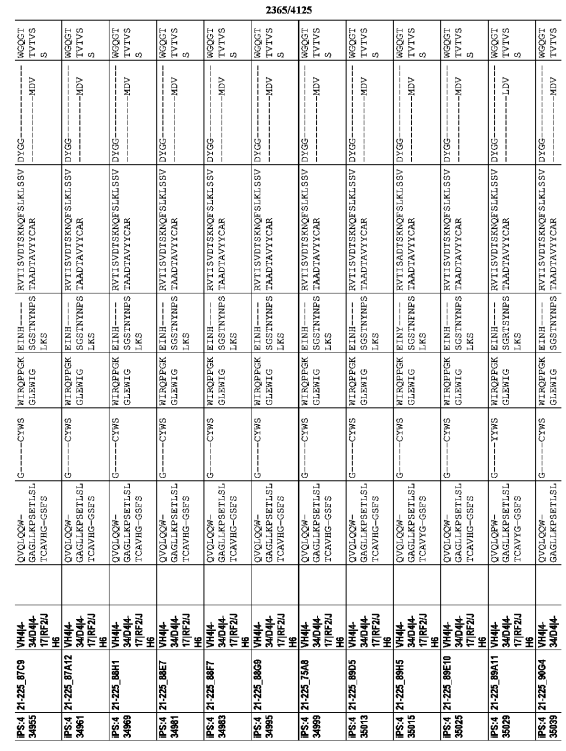
【図５１－１４４】



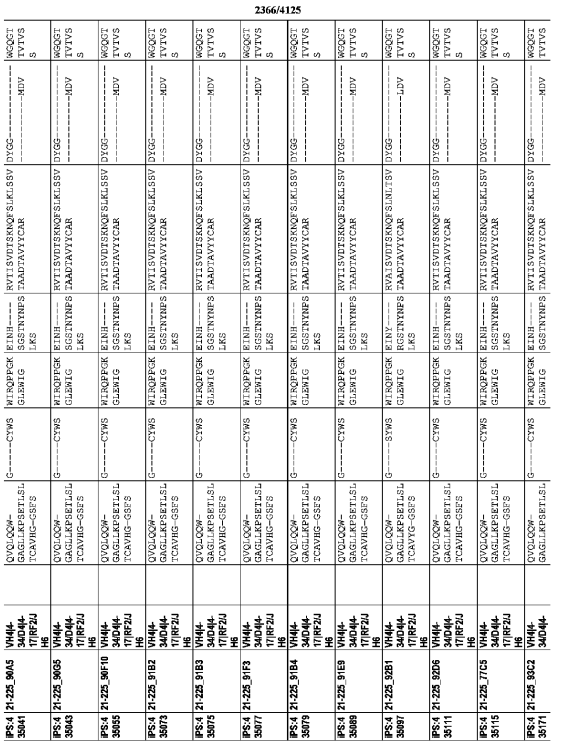
【図５１－１４５】



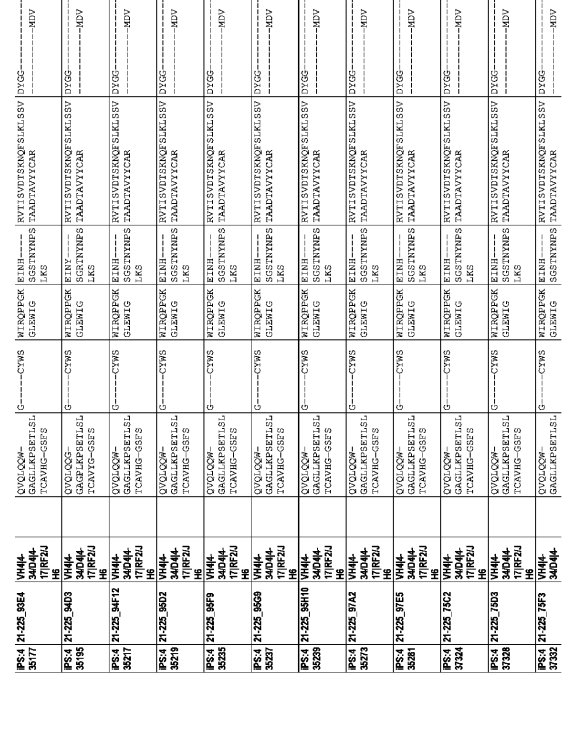
【図５１－１４６】



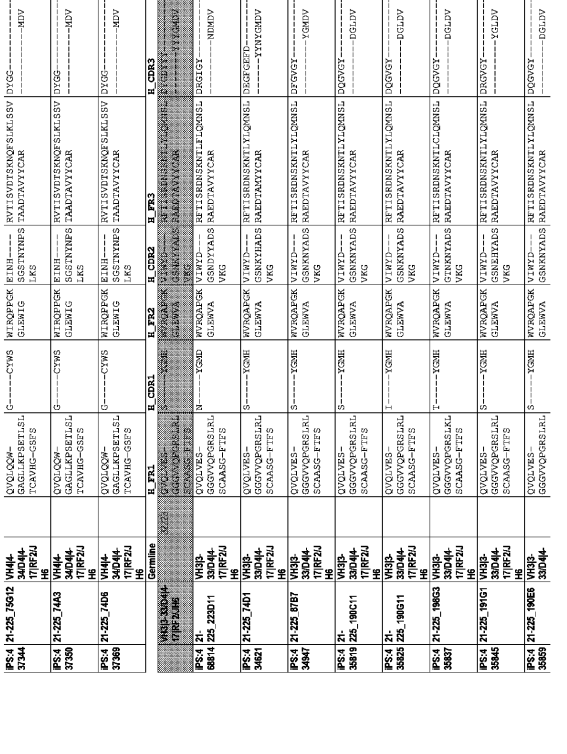
【図５１－１４７】



【図５１－１４８】



【図５１－１４９】



10

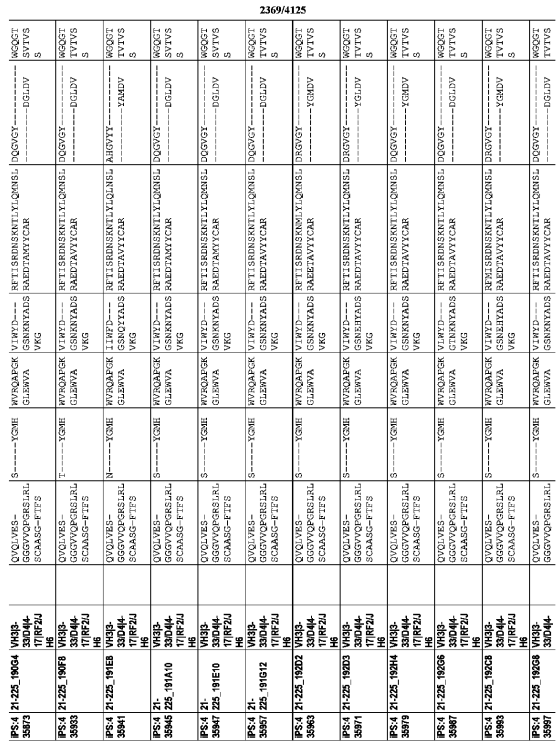
20

30

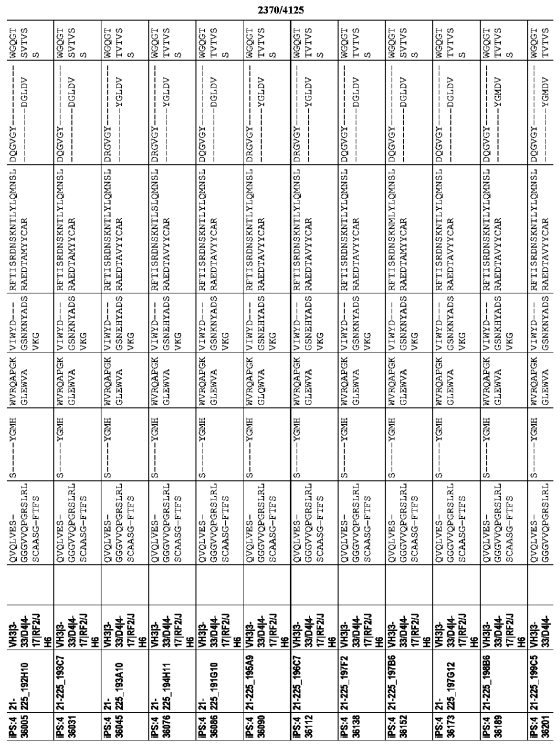
40

50

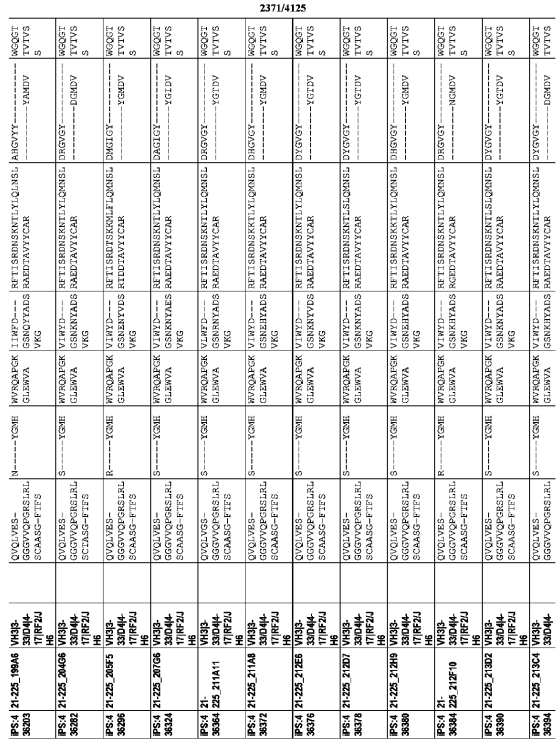
【図５１－１５０】



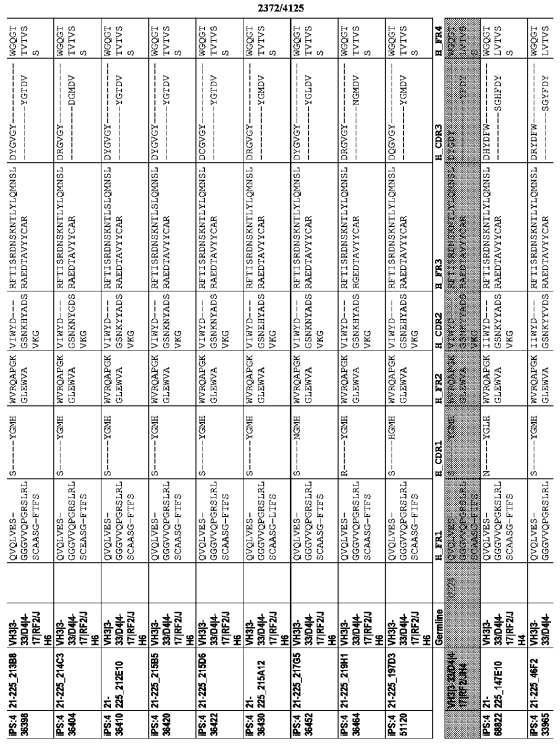
【図５１－１５１】



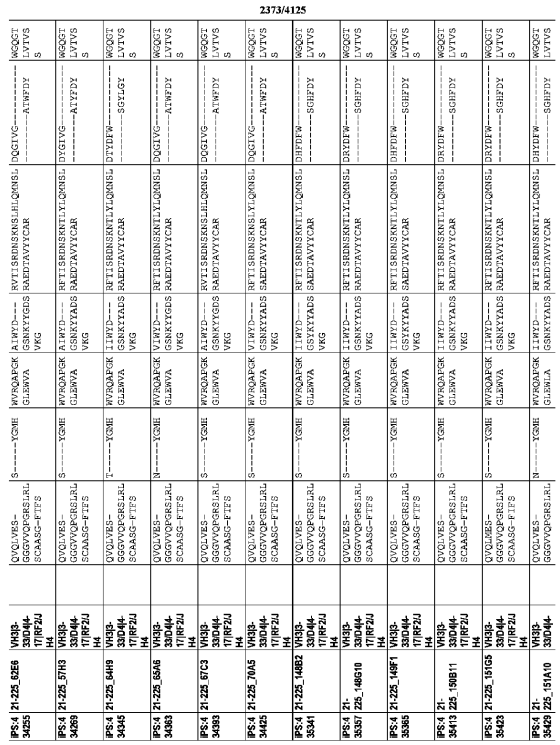
【図５１－１５２】



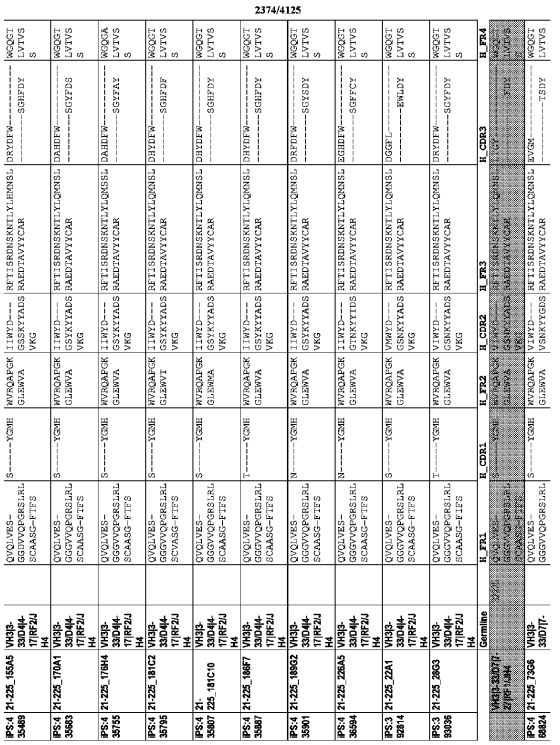
【図５１－１５３】



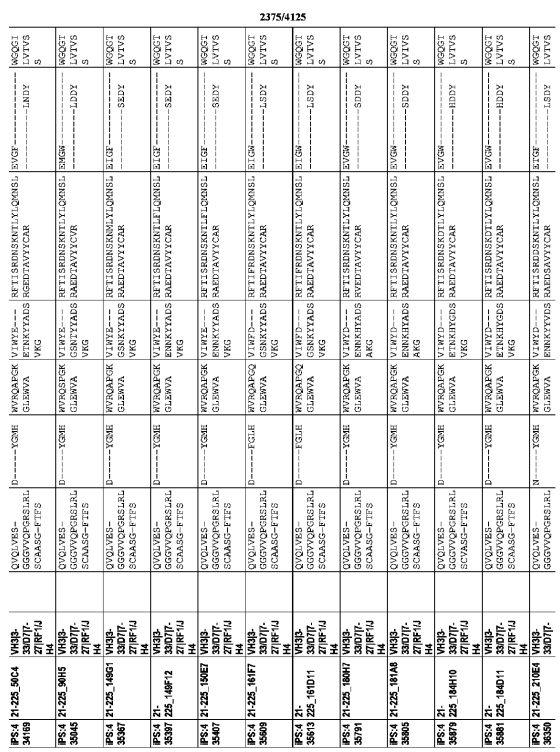
【図５１－１５４】



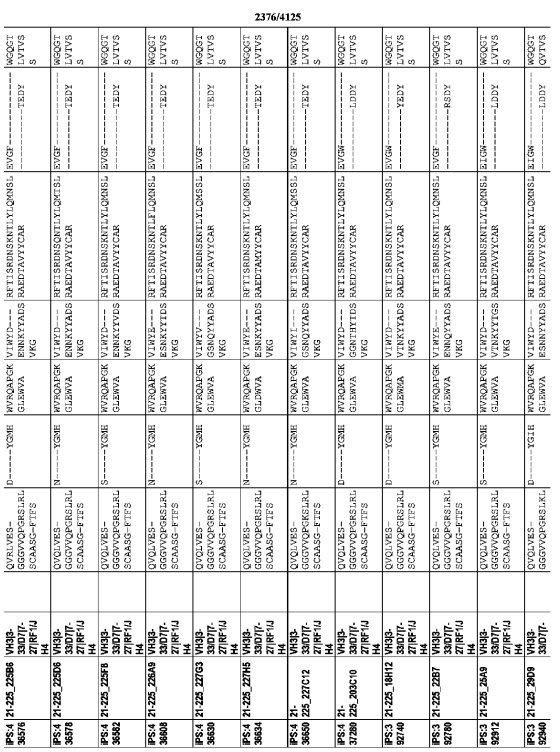
【図５１－１５５】



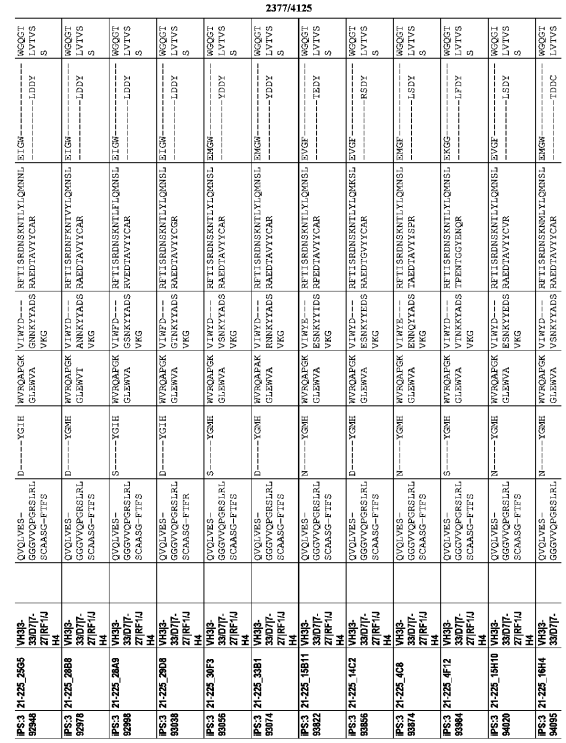
【図５１－１５６】



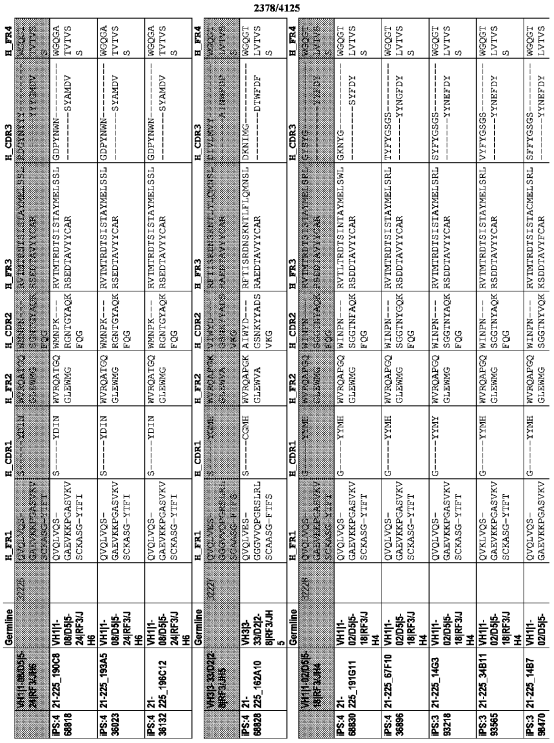
【図５１－１５７】



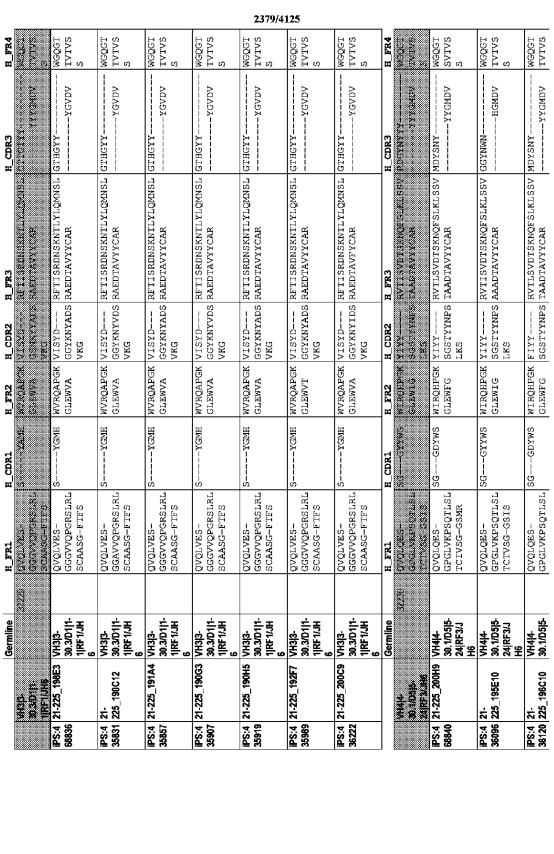
【図５１－１５８】



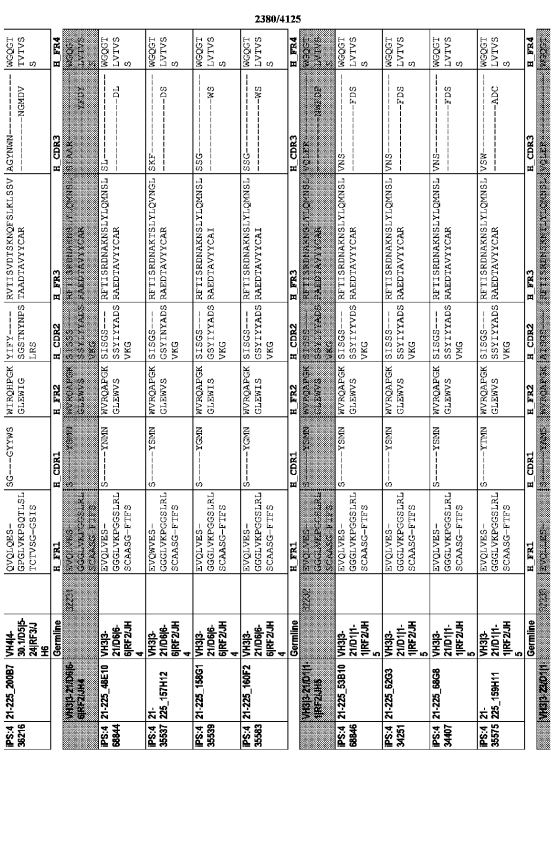
【図５１－１５９】



【図５１－１６０】



【図５１－１６１】



10

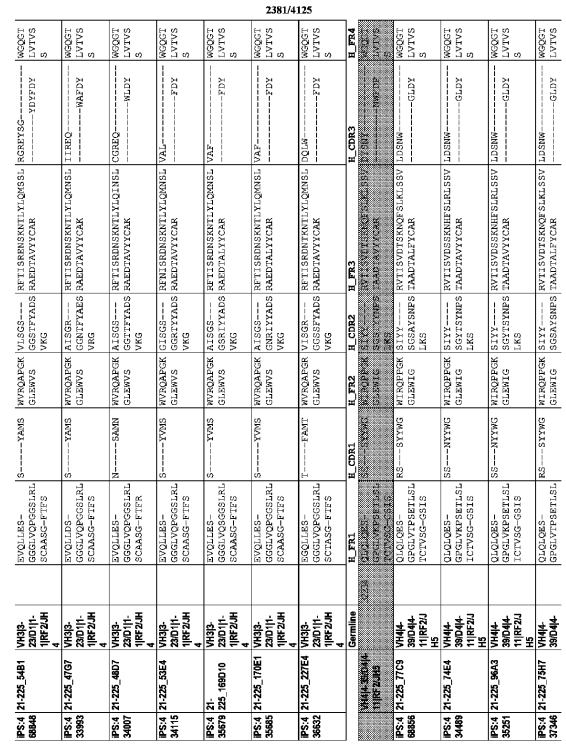
20

30

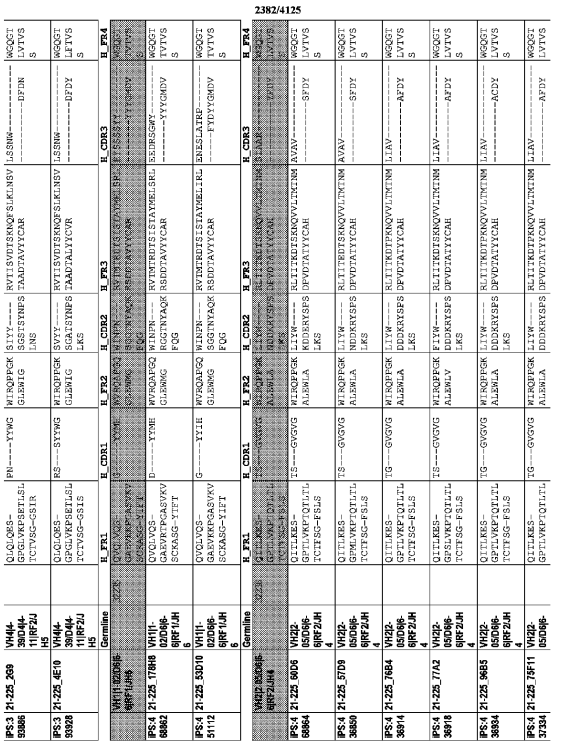
40

50

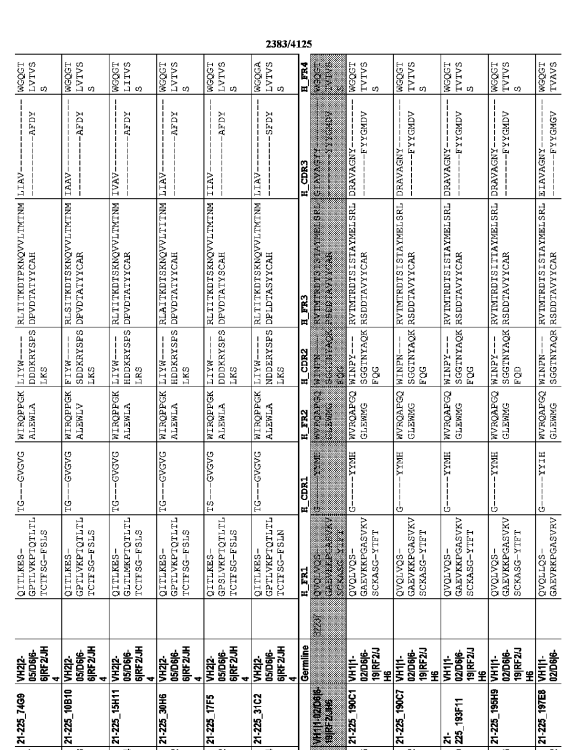
【図５１－１６２】



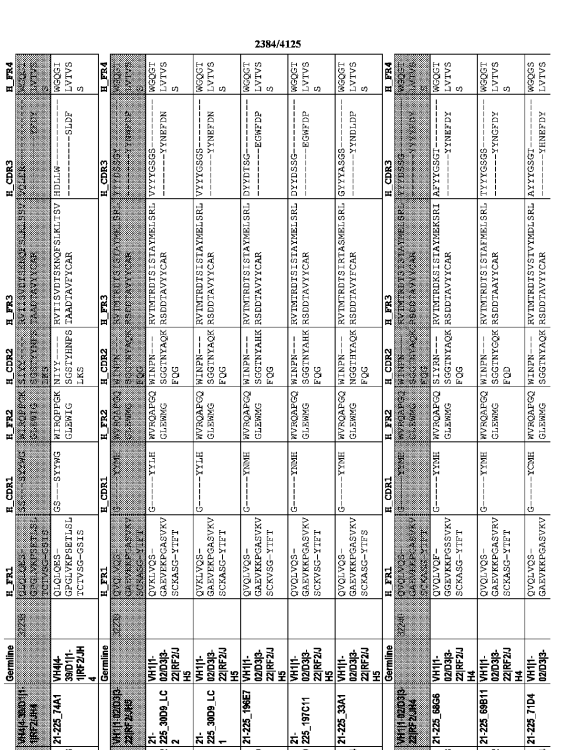
【図５１－１６３】



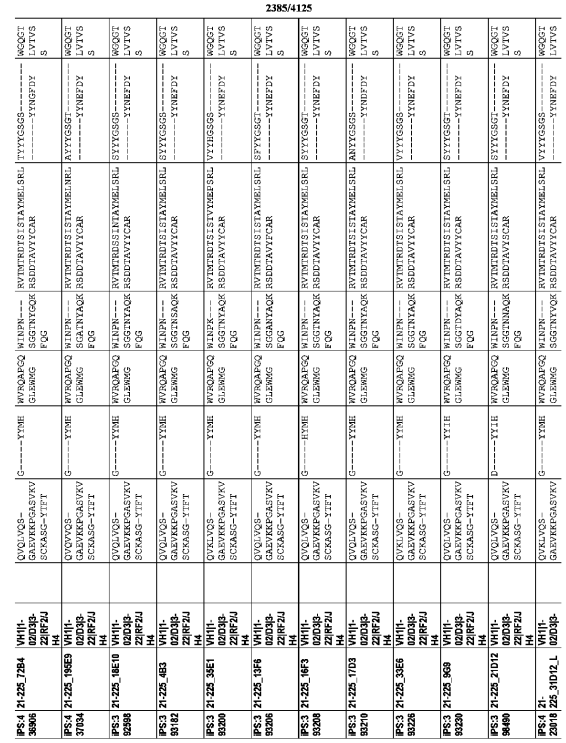
【図５１－１６４】



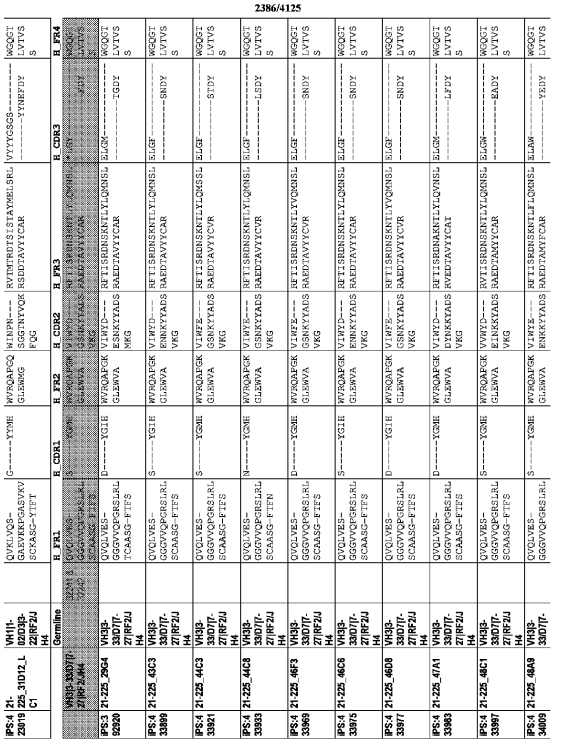
【図５１－１６５】



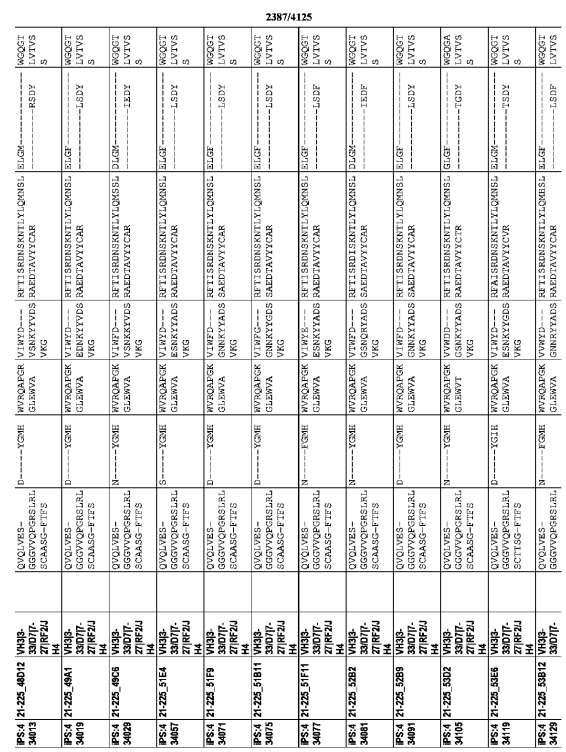
【図５１－１６６】



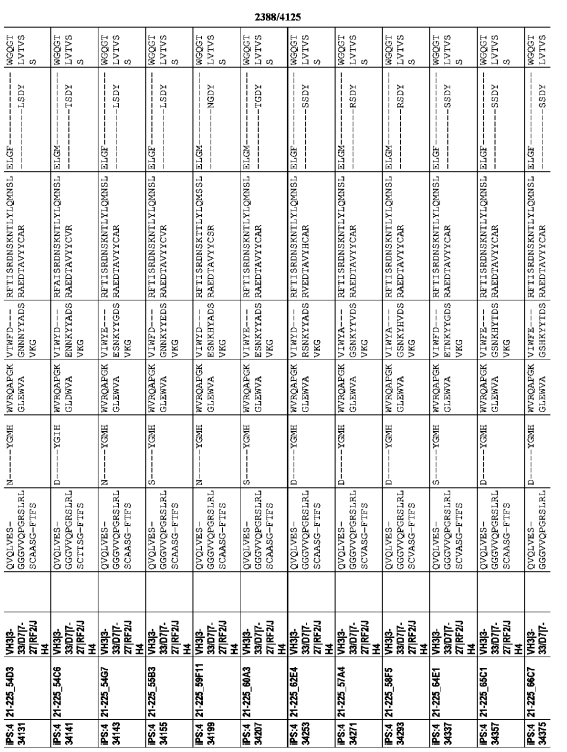
【図５１－１６７】



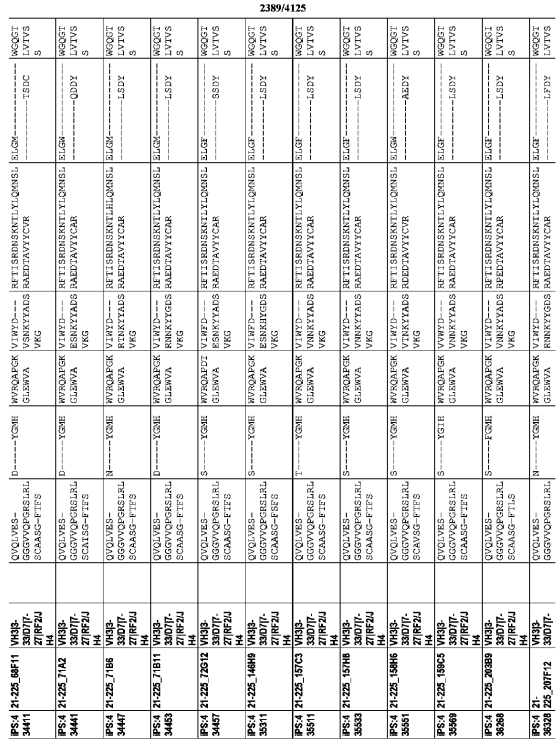
【図５１－１６８】



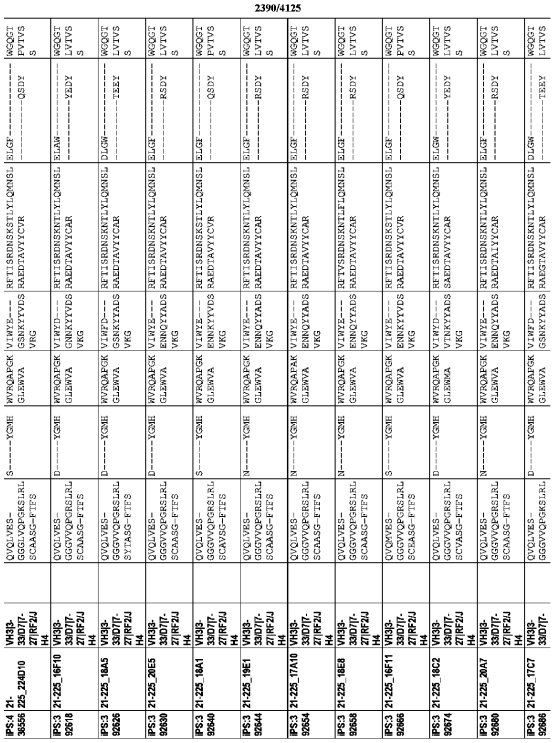
【図５１－１６９】



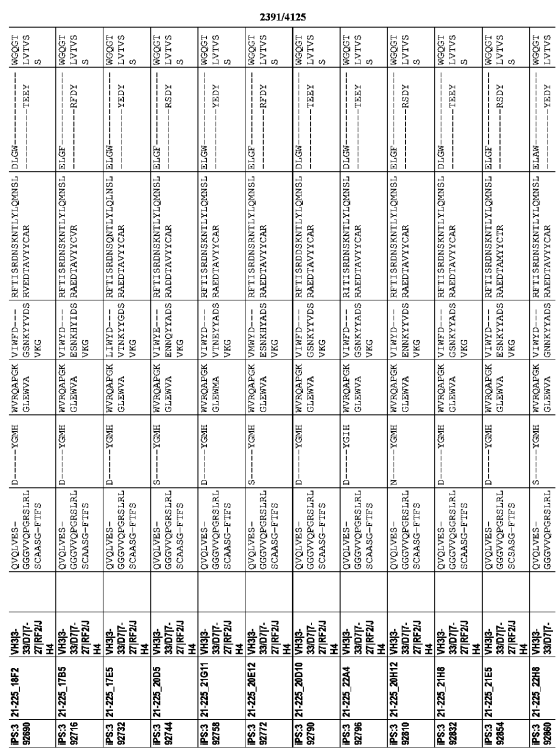
【図５１－１７０】



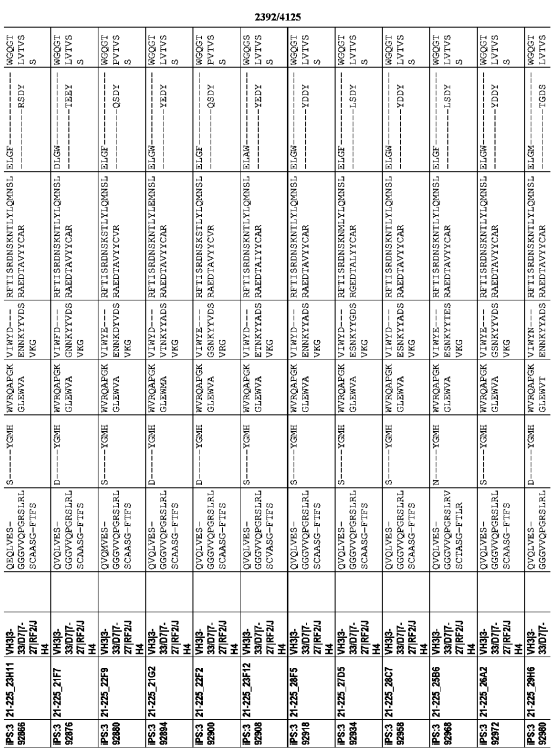
【図５１－１７１】



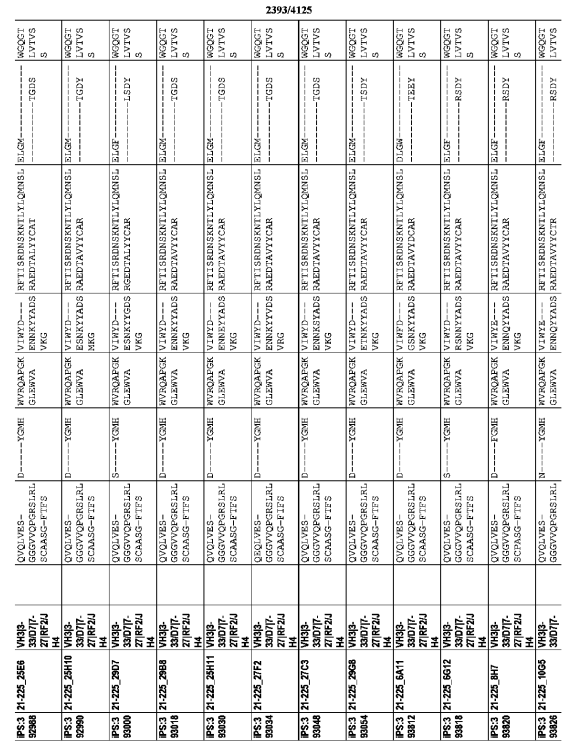
【図５１－１７２】



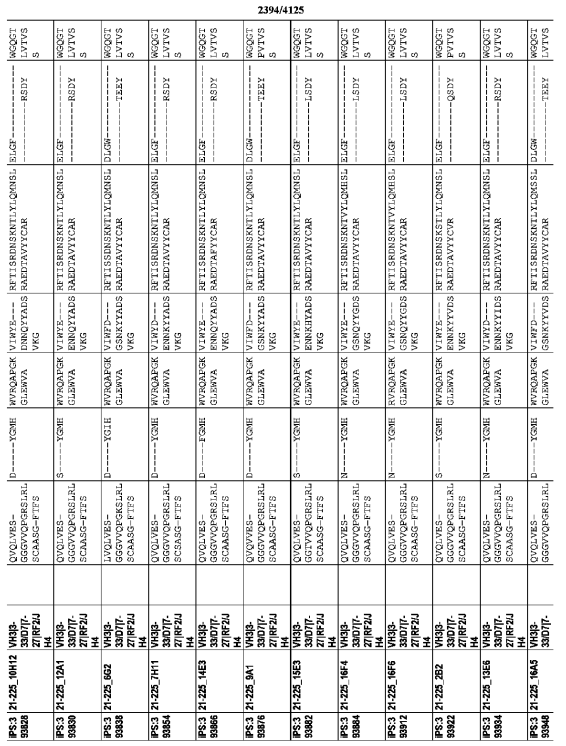
【図５１－１７３】



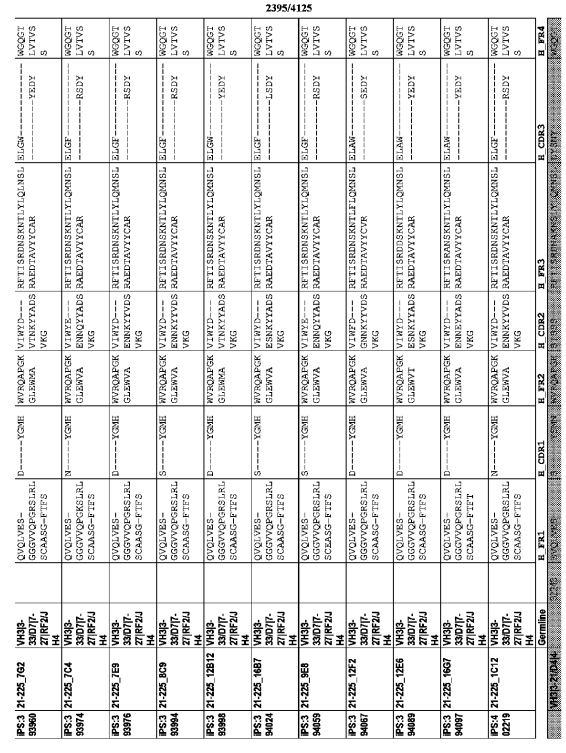
【図５１－１７４】



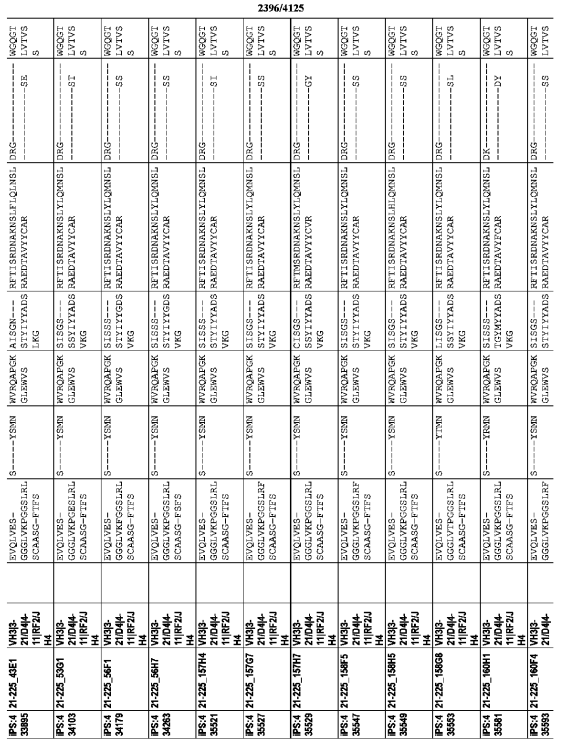
【図５１－１７５】



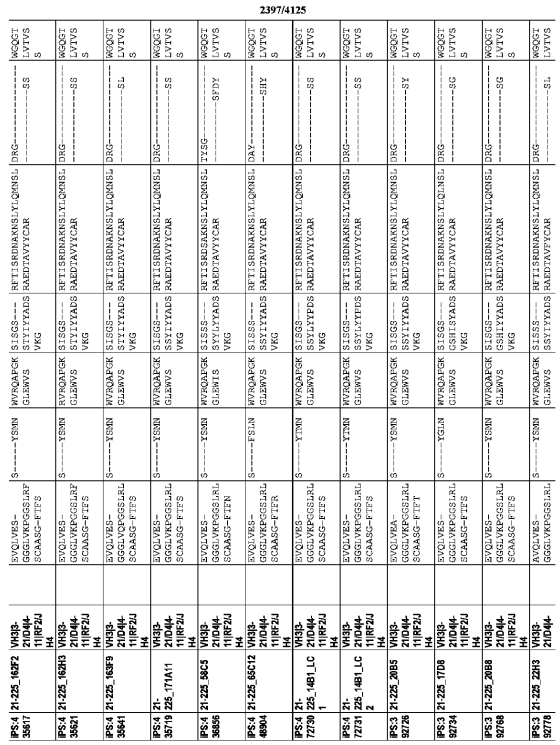
【図５１－１７６】



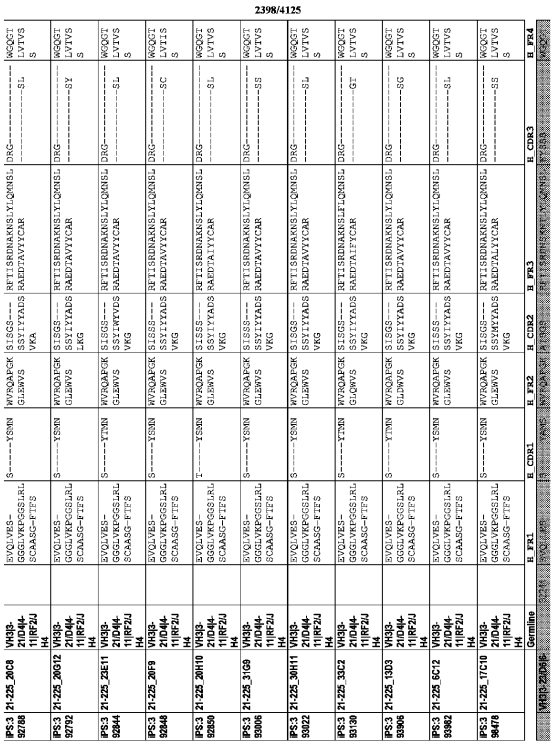
【図５１－１７７】



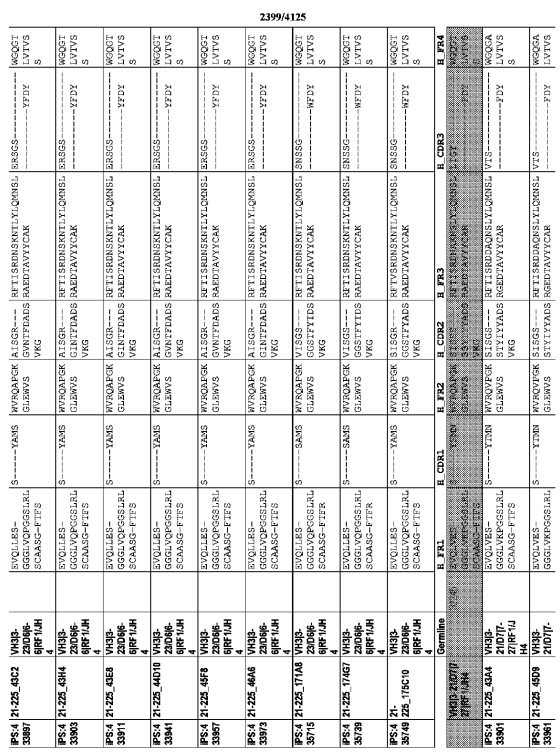
【図５１－１７８】



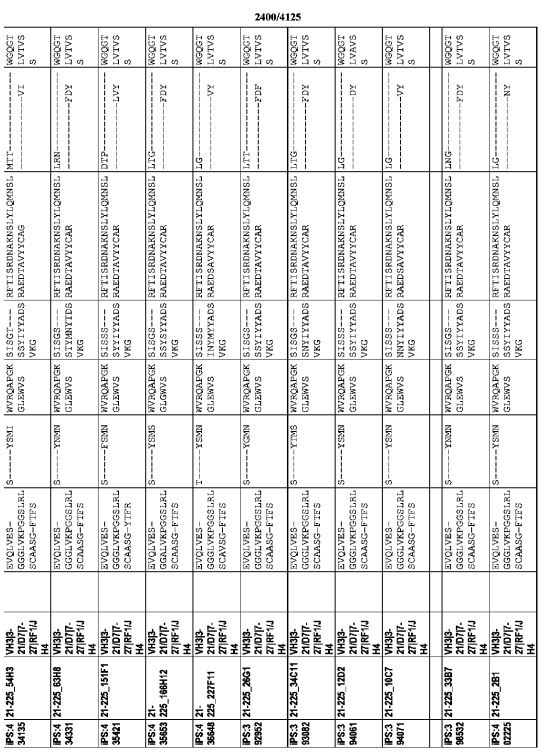
【図５１－１７９】



【図５１－１８０】



【図５１－１８１】



10

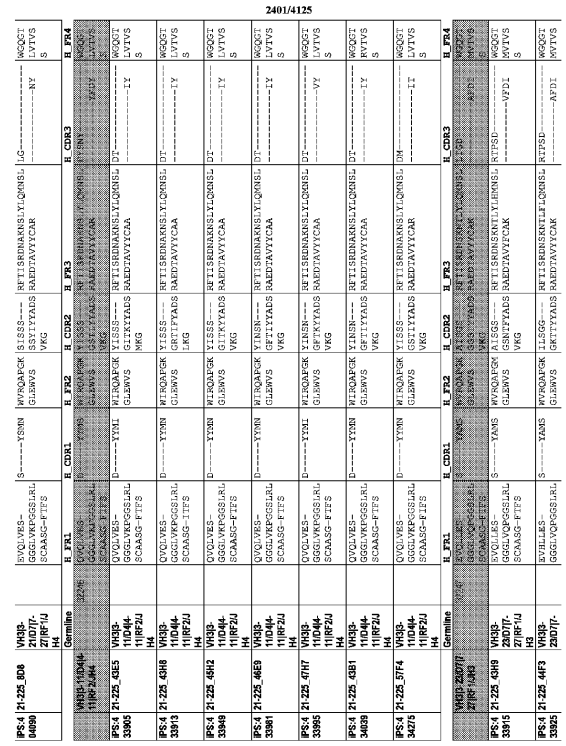
20

30

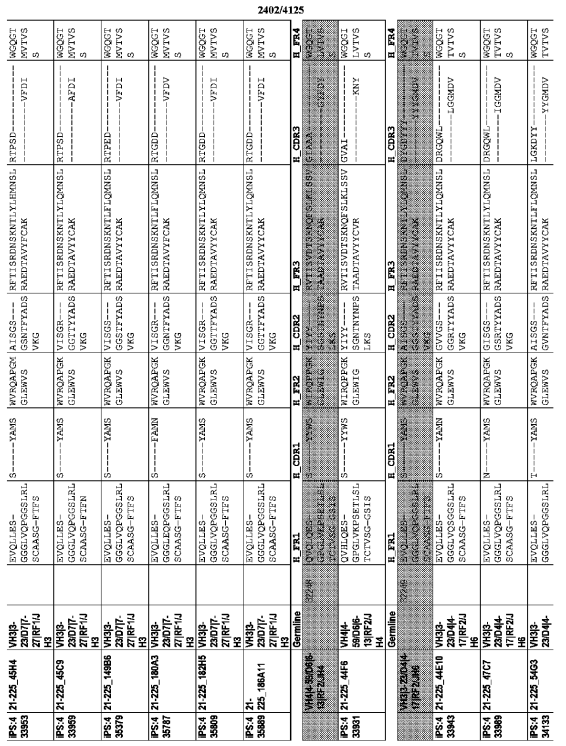
40

50

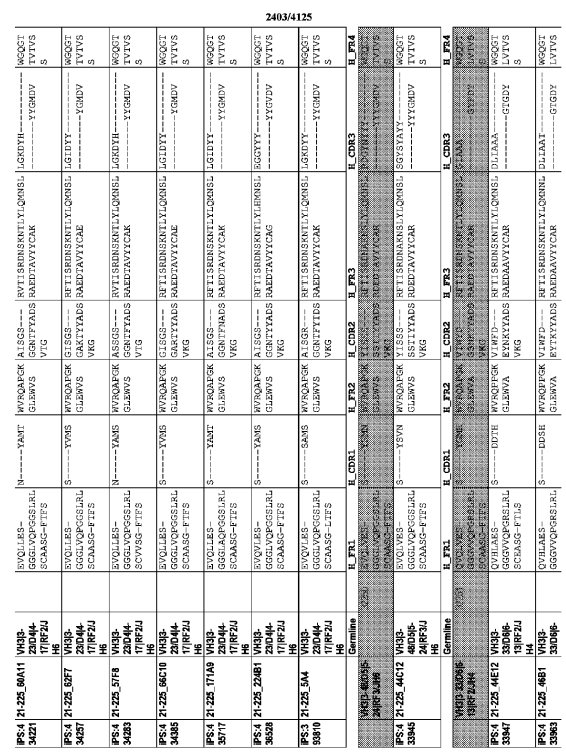
【図５１－１８２】



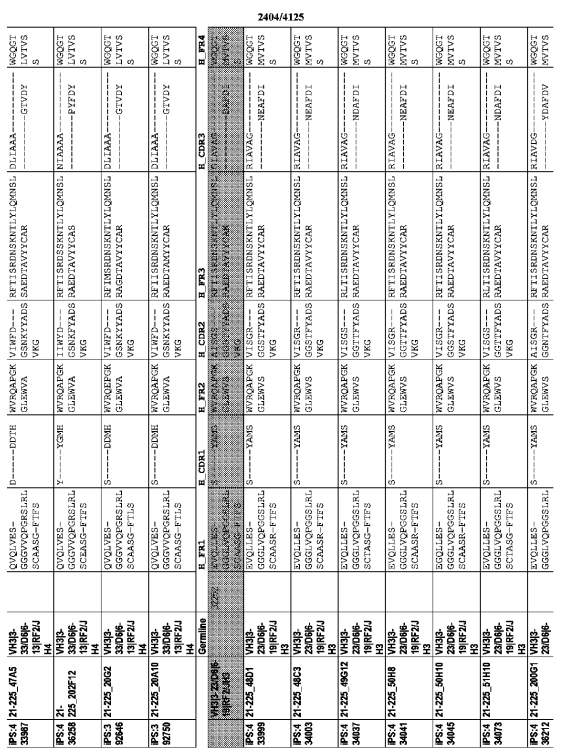
【図５１－１８３】



【図５１－１８４】



【図５１－１８５】



10

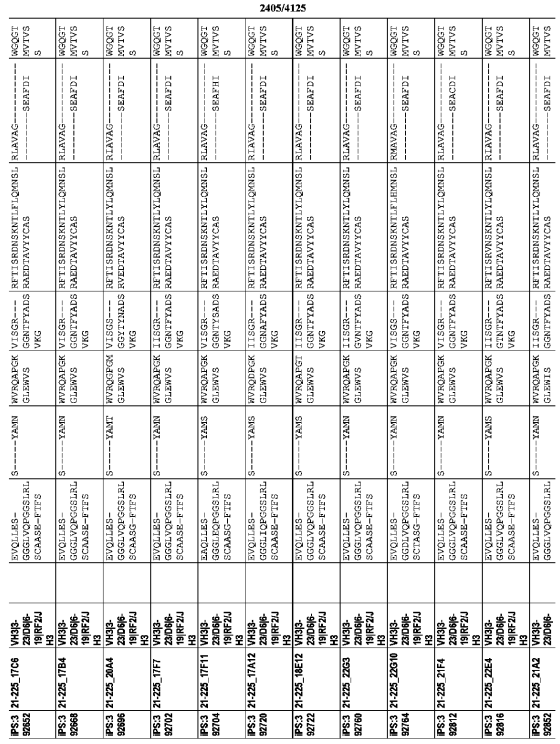
20

30

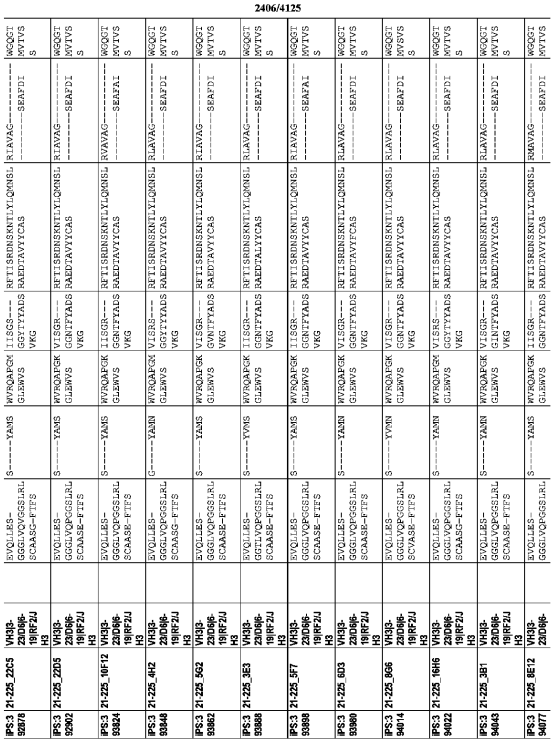
40

50

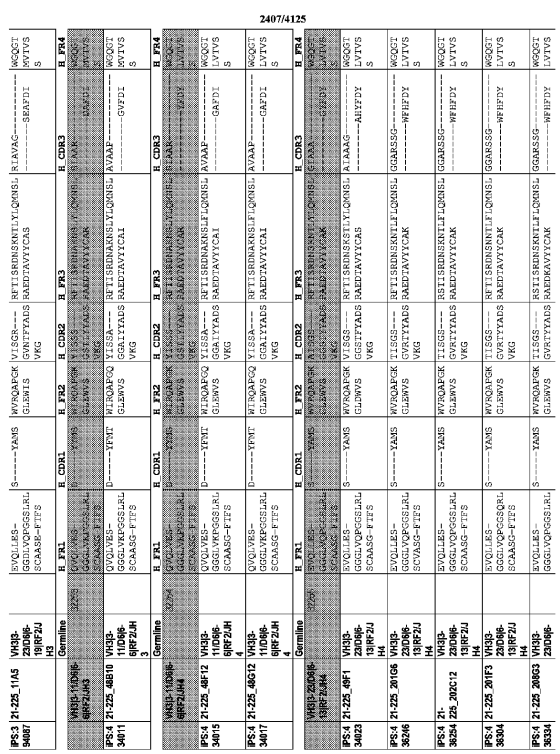
【図５１－１８６】



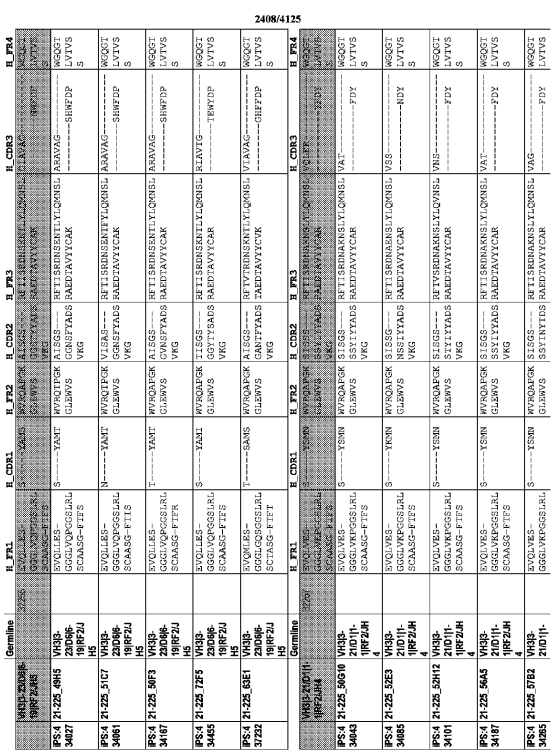
【図５１－１８７】



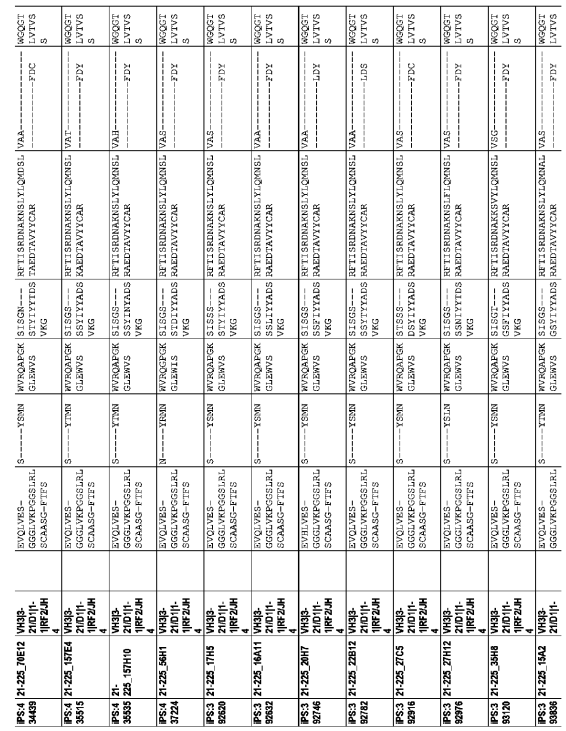
【図５１－１８８】



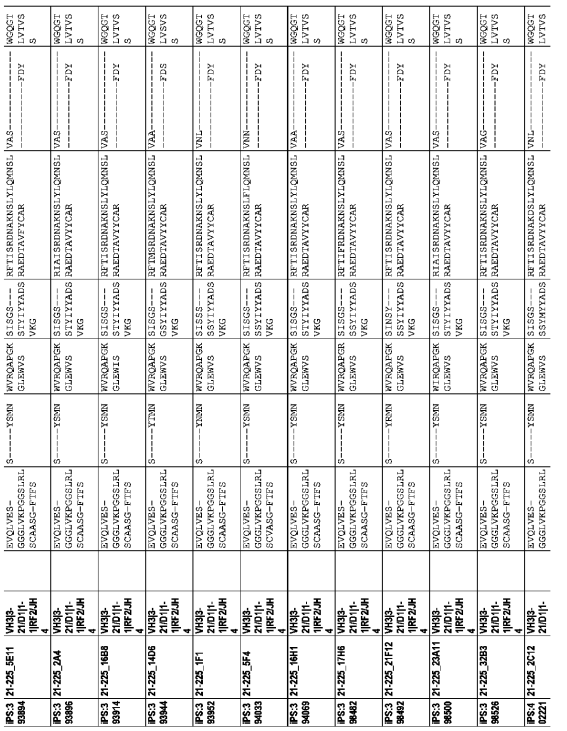
【図５１－１８９】



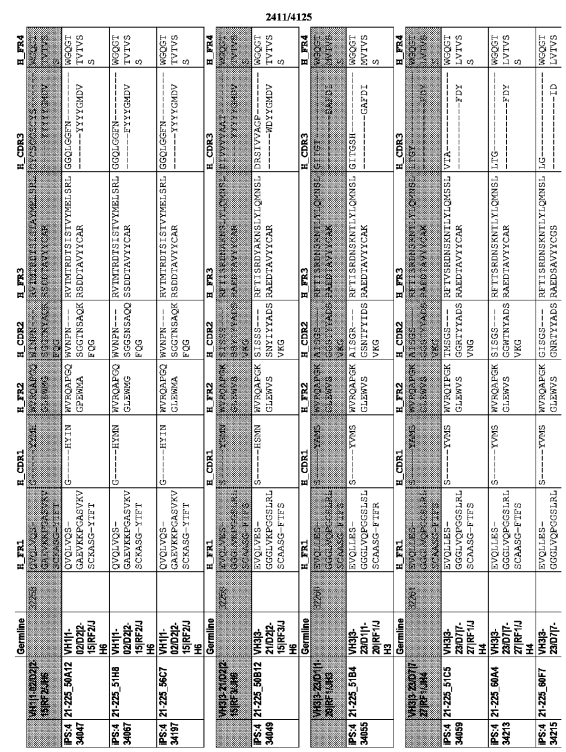
【図５１－１９０】



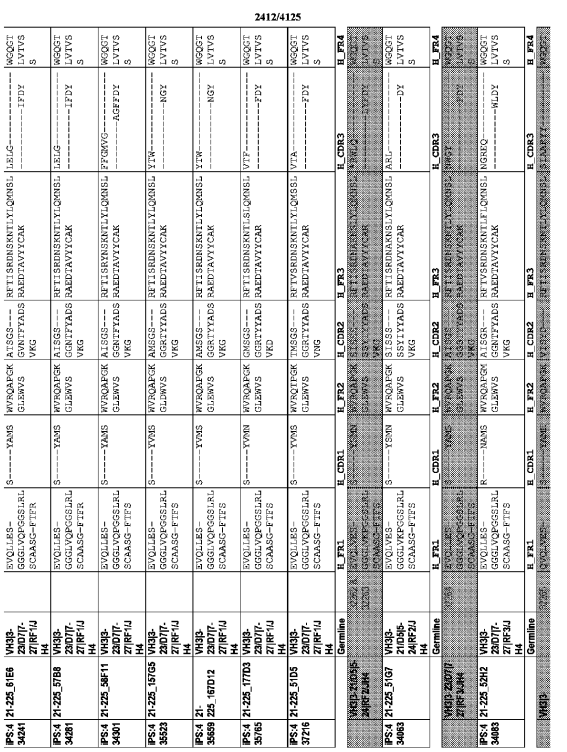
【図５１－１９１】



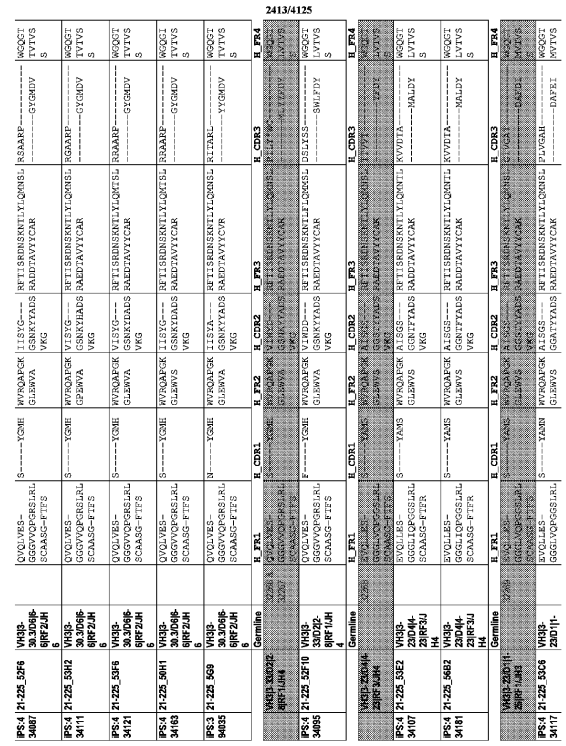
【図５１－１９２】



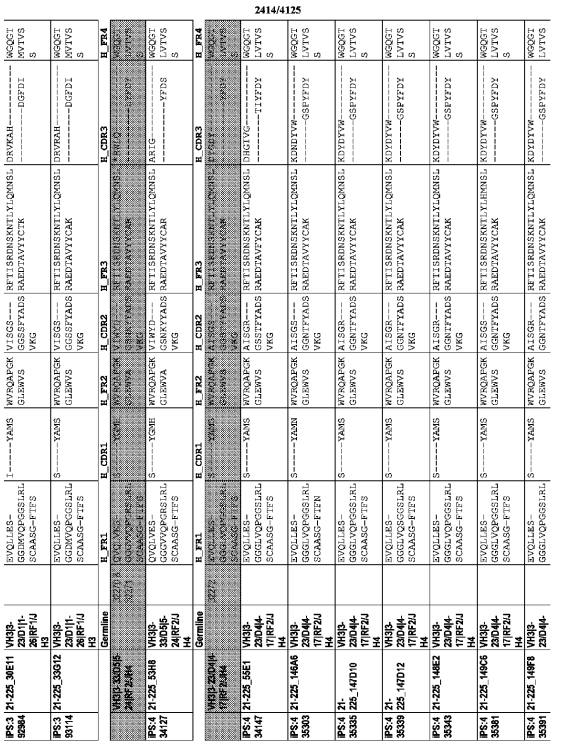
【図５１－１９３】



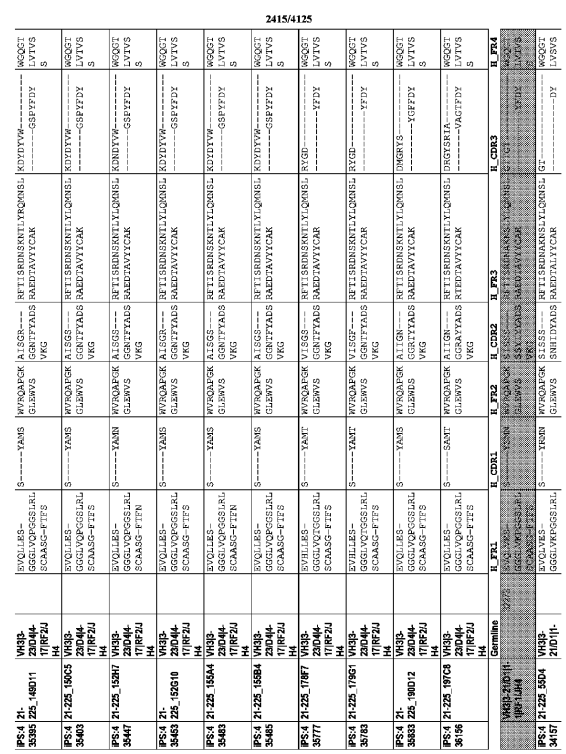
【図５１－１９４】



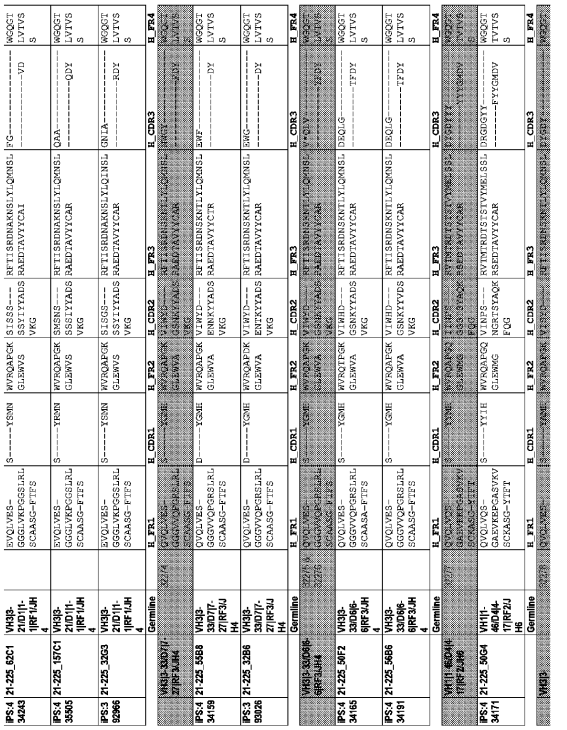
【図５１－１９５】



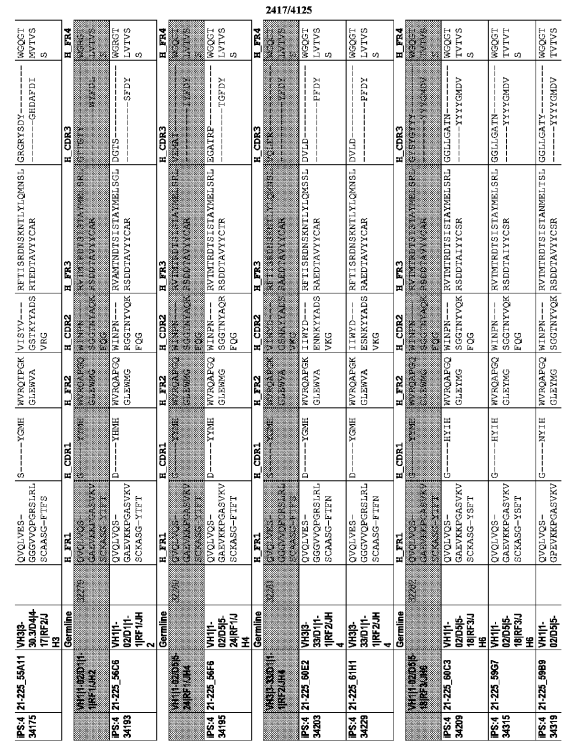
【図５１－１９６】



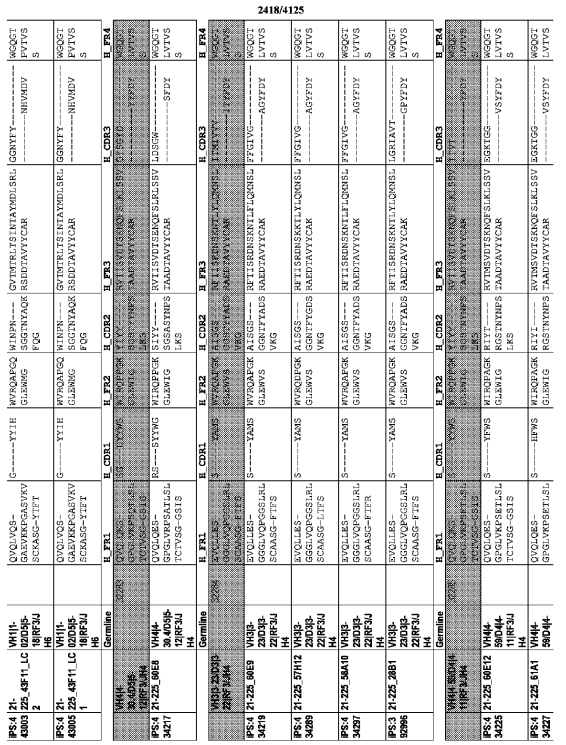
【図５１－１９７】



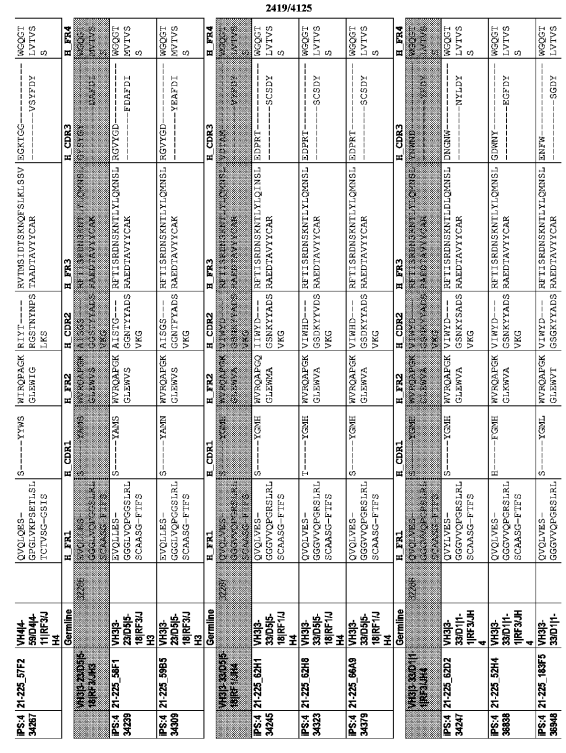
【図５１－１９８】



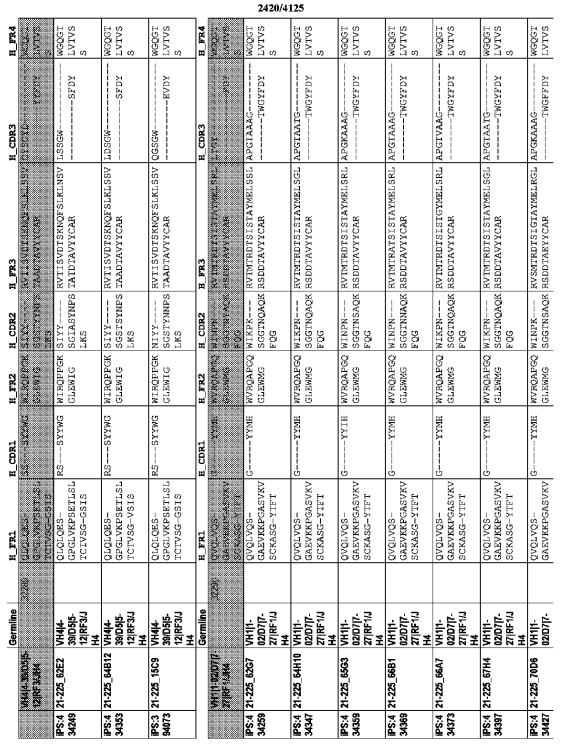
【図５１－１９９】



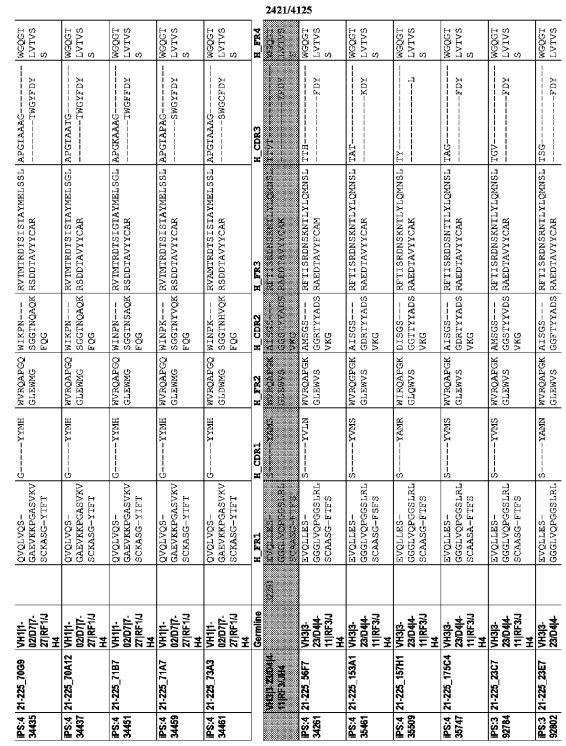
【図５１－２００】



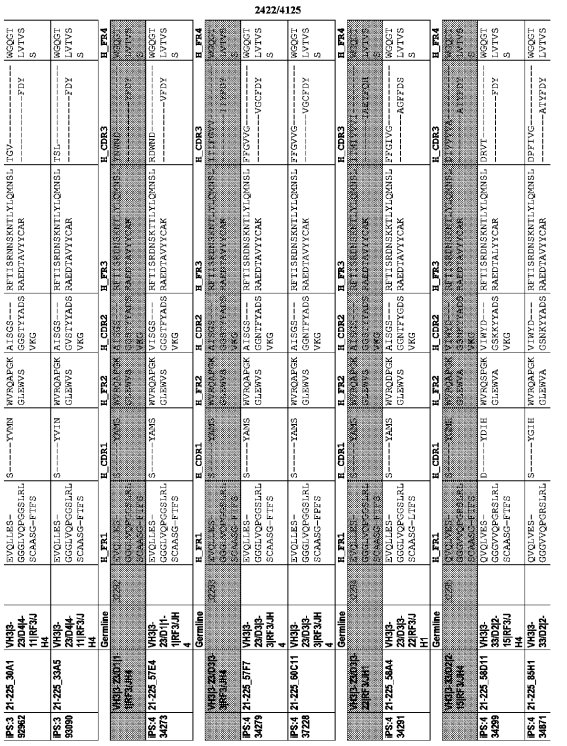
【図５１－２０１】



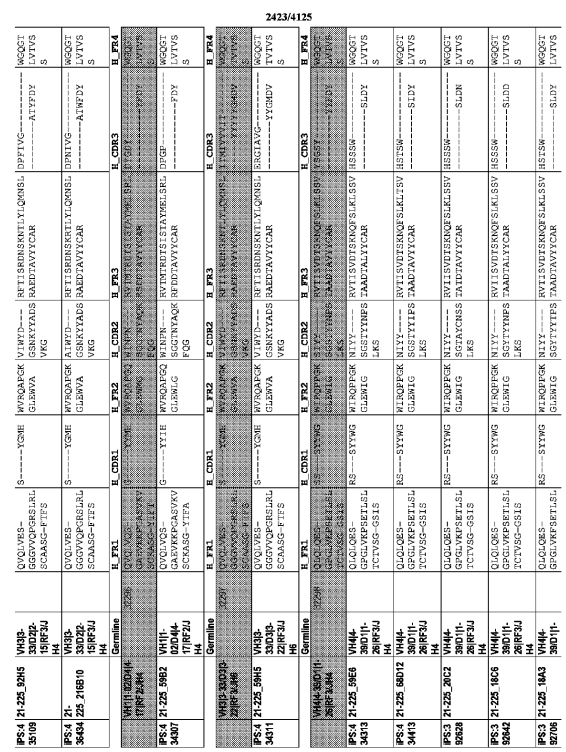
【図５１－２０２】



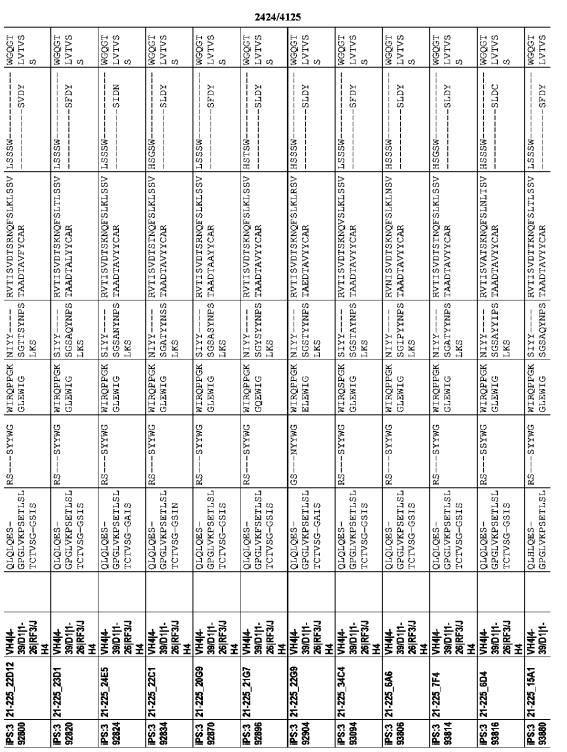
【図５１－２０３】



【図５１－２０４】



【図５１－２０５】



10

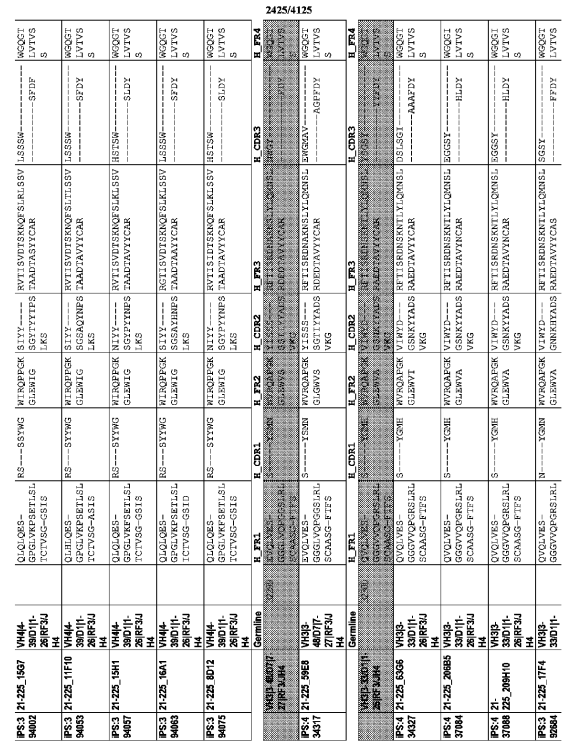
20

30

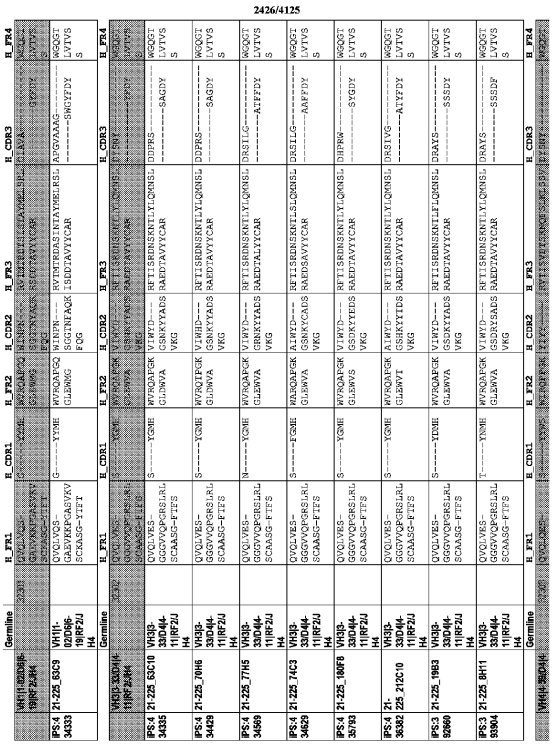
40

50

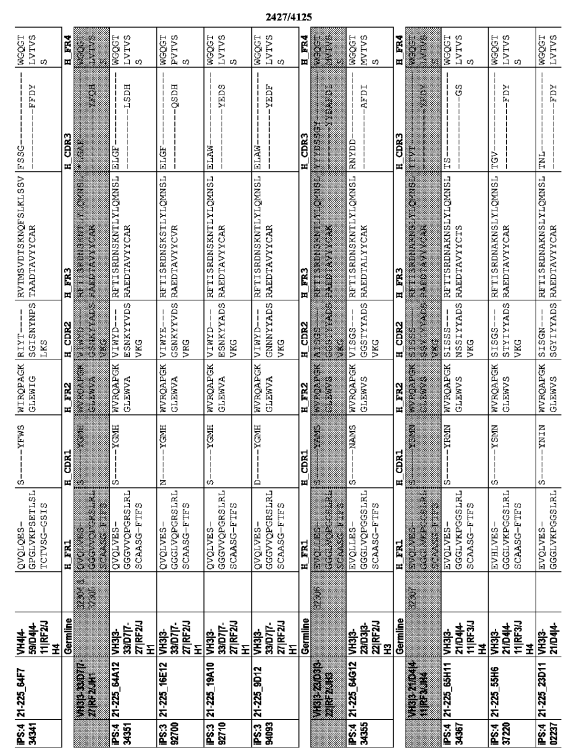
【図５１－２０６】



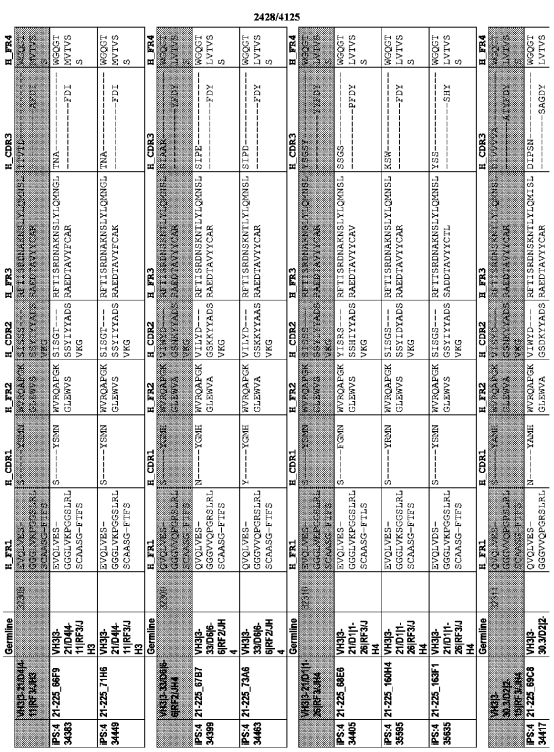
【図５１－２０７】



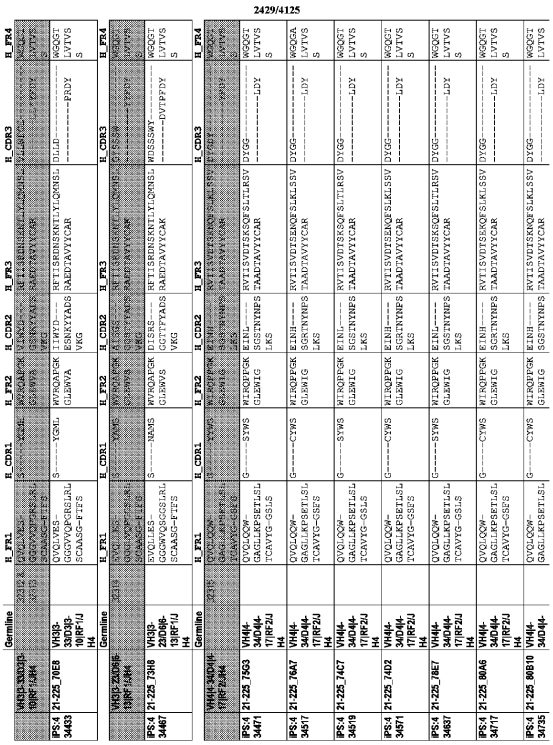
【図５１－２０８】



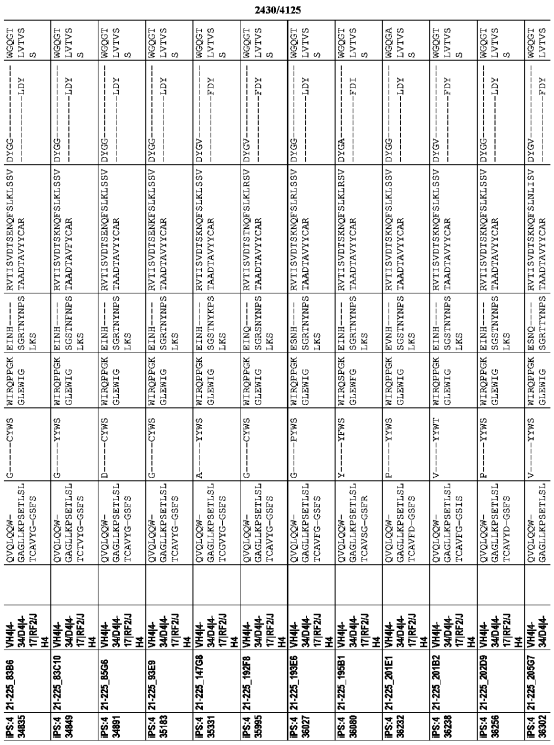
【図５１－２０９】



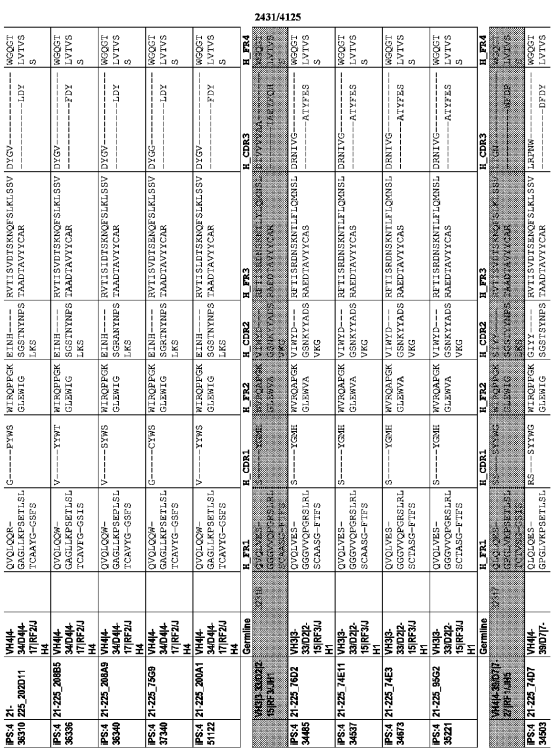
【図５１－２１０】



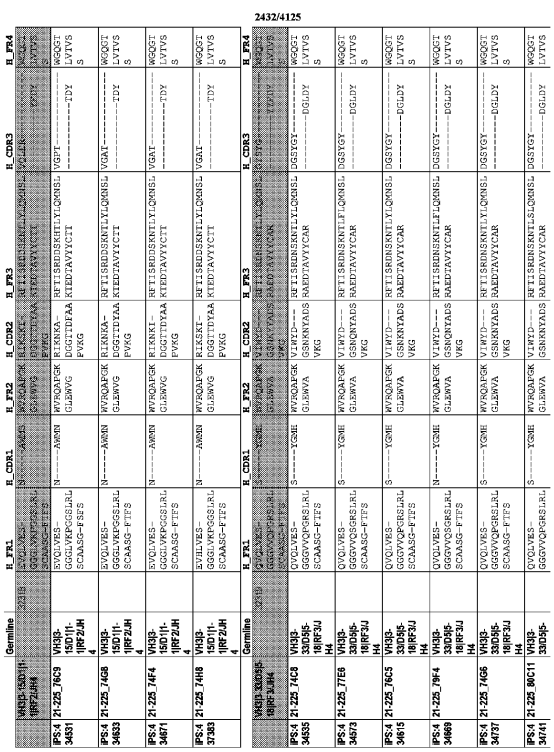
【図５１－２１１】



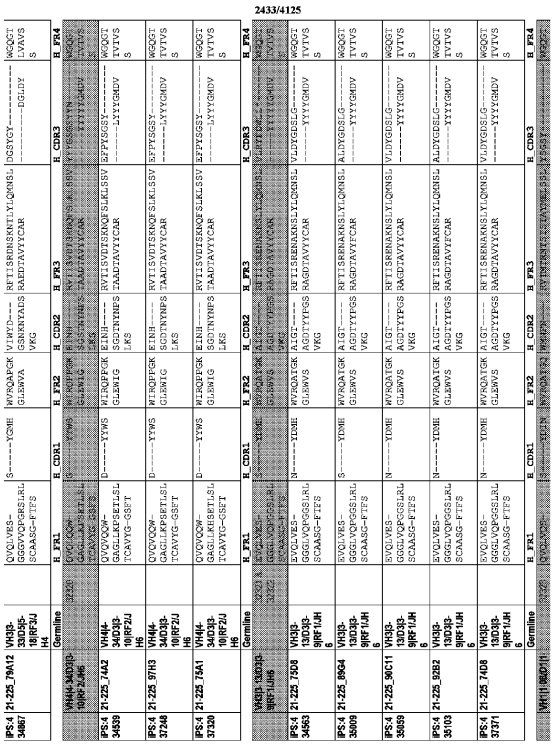
【図５１－２１２】



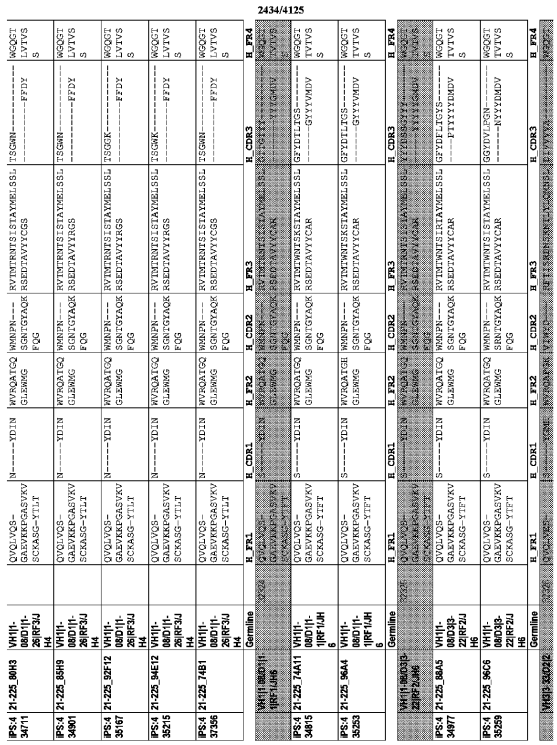
【図５１－２１３】



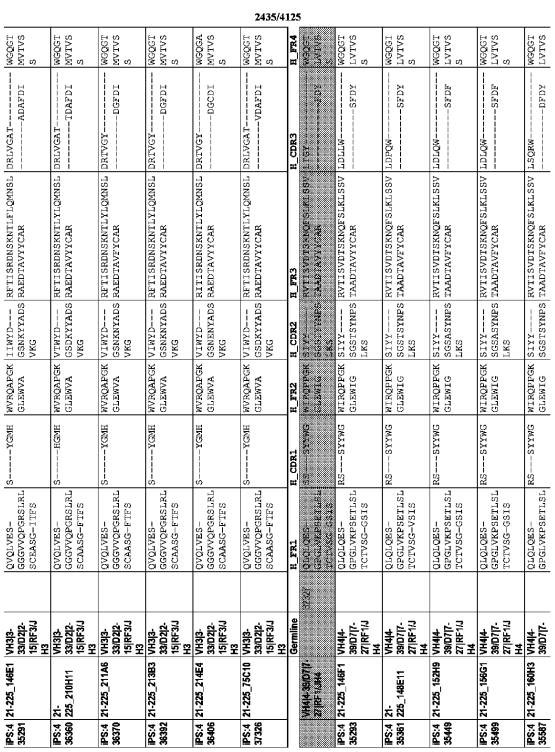
【図５１－２１４】



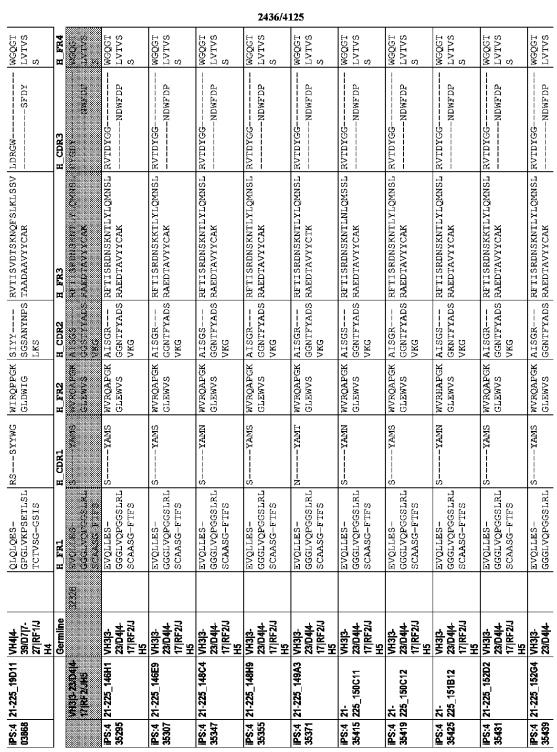
【図５１－２１５】



【図５１－２１６】



【図５１－２１７】



10

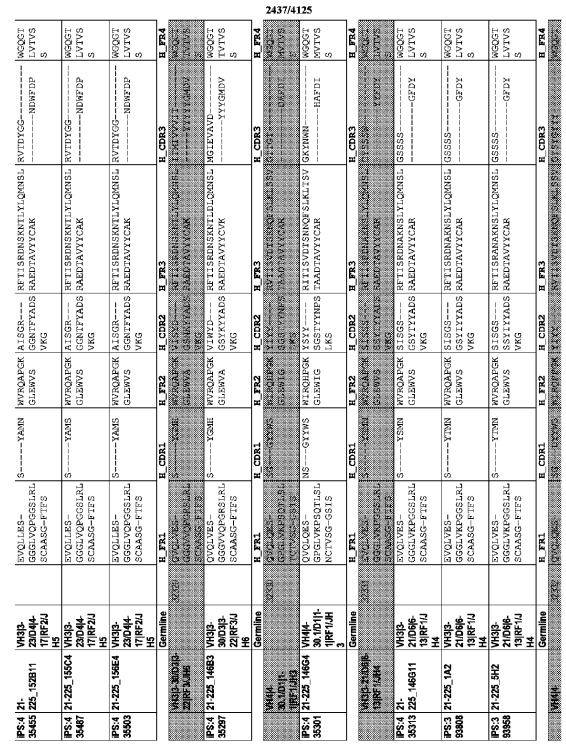
20

30

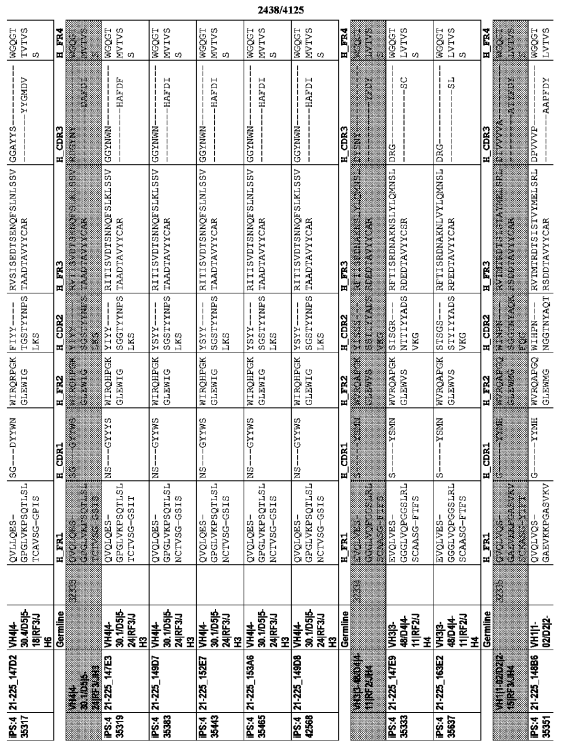
40

50

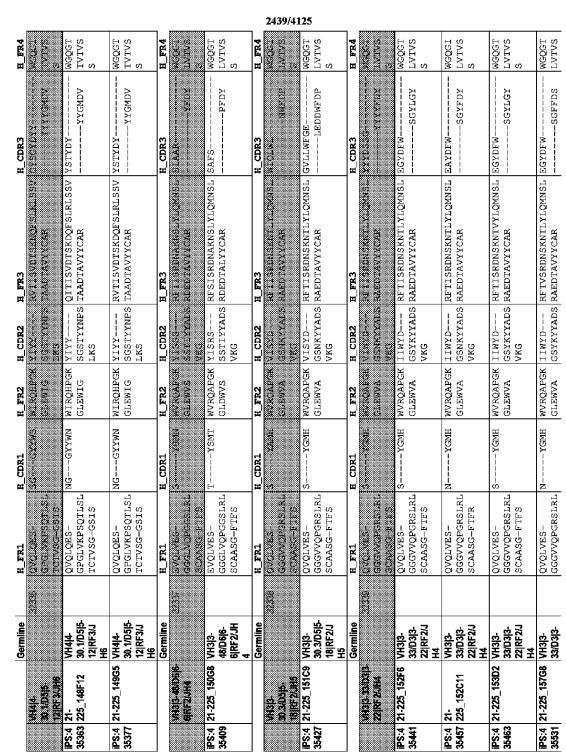
【図５１－２１８】



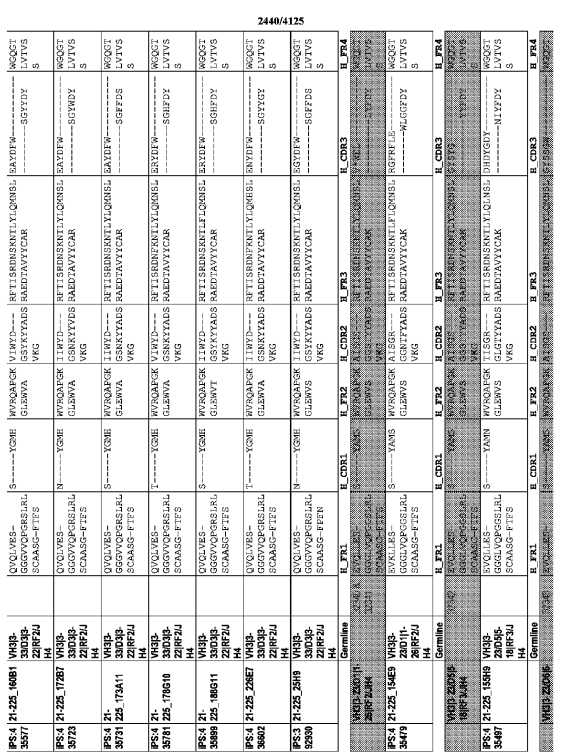
【図５１－２１９】



【図５１－２２０】



【図５１－２２１】



10

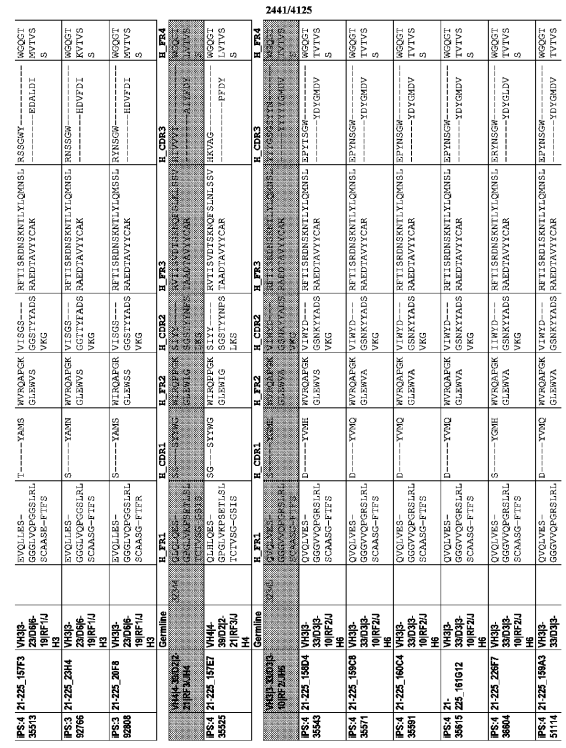
20

30

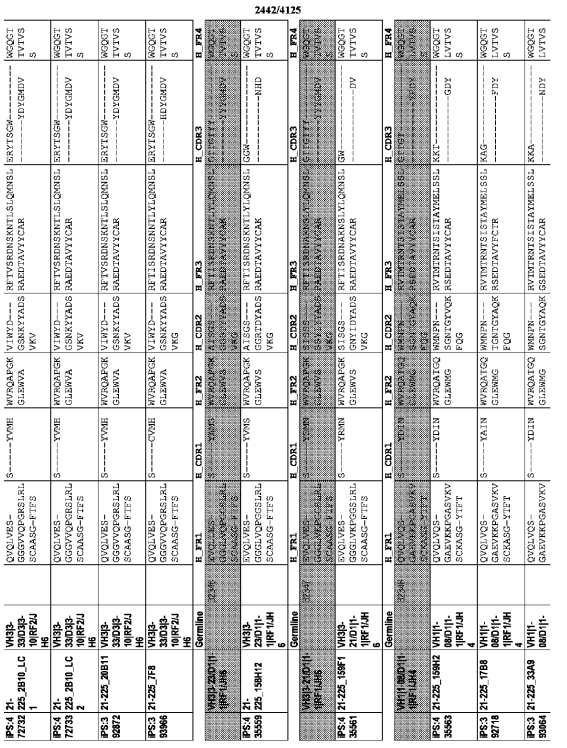
40

50

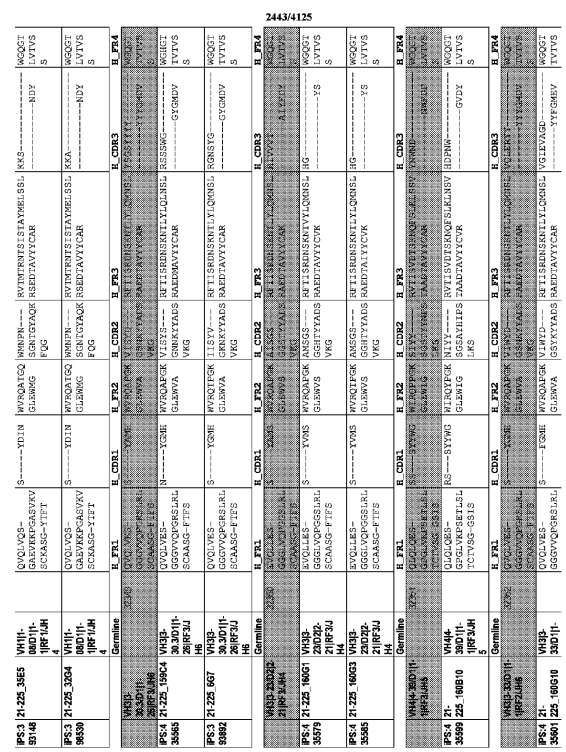
【図５１－２２２】



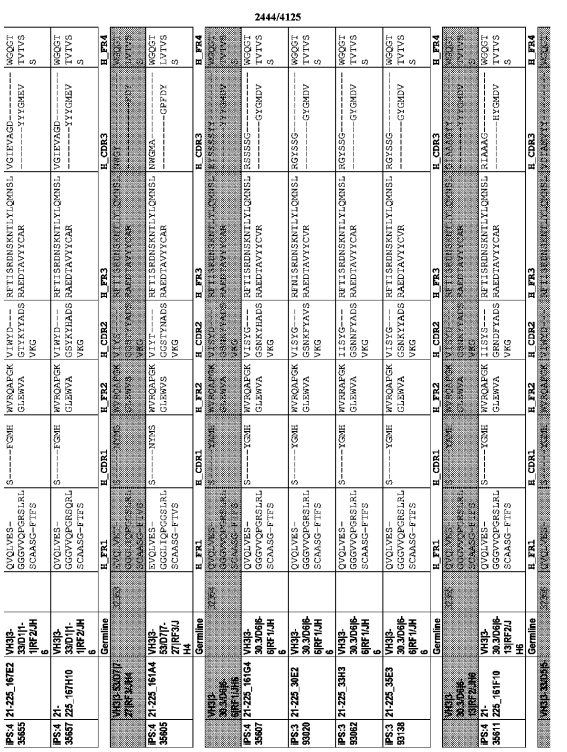
【図５１－２２３】



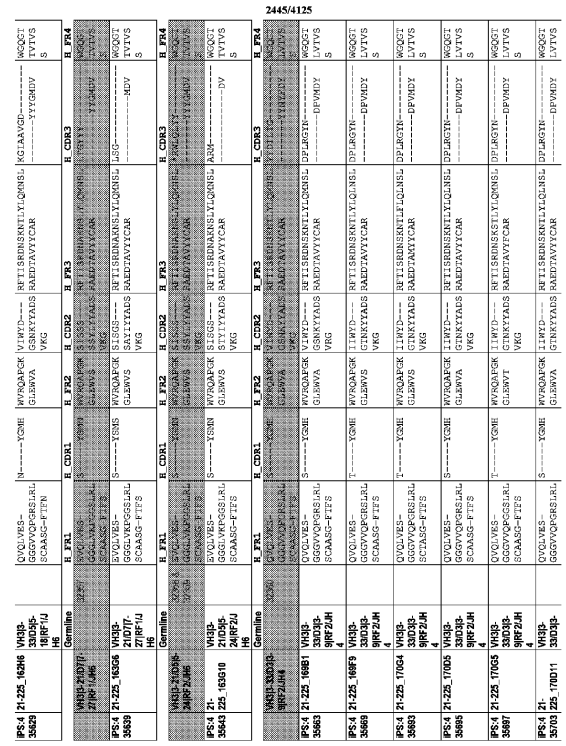
【図５１－２２４】



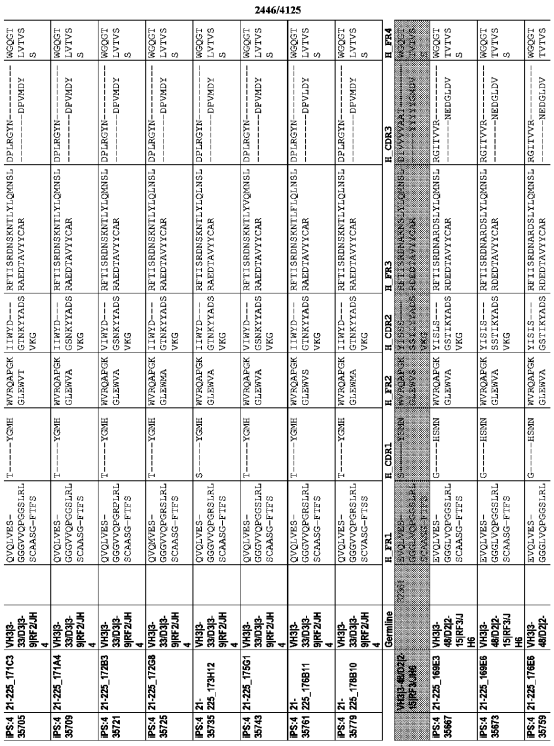
【図５１－２２５】



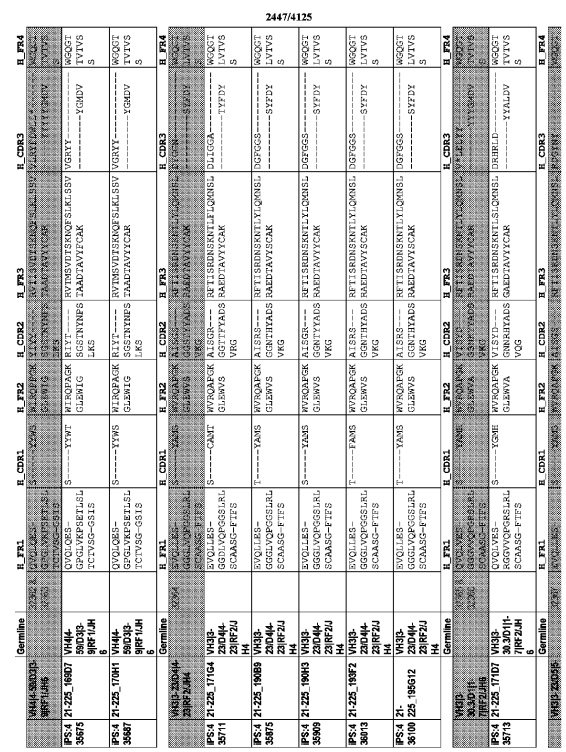
【図５１－２２６】



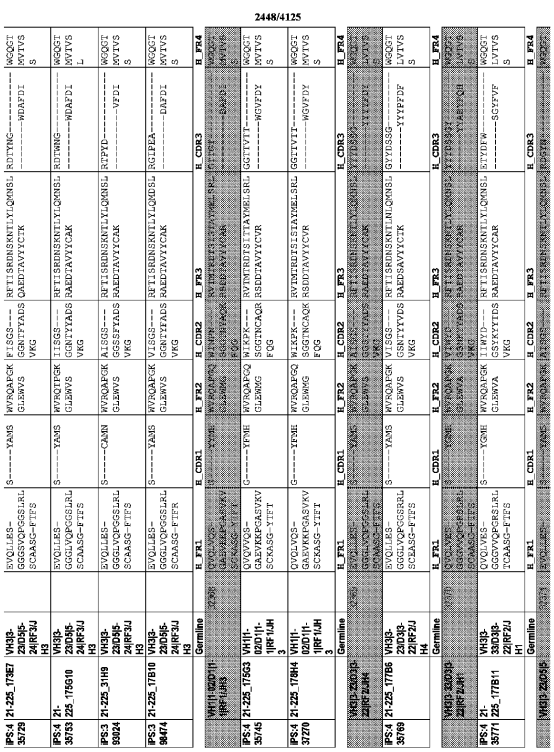
【図５１－２２７】



【図５１－２２８】



【図５１－２２９】



10

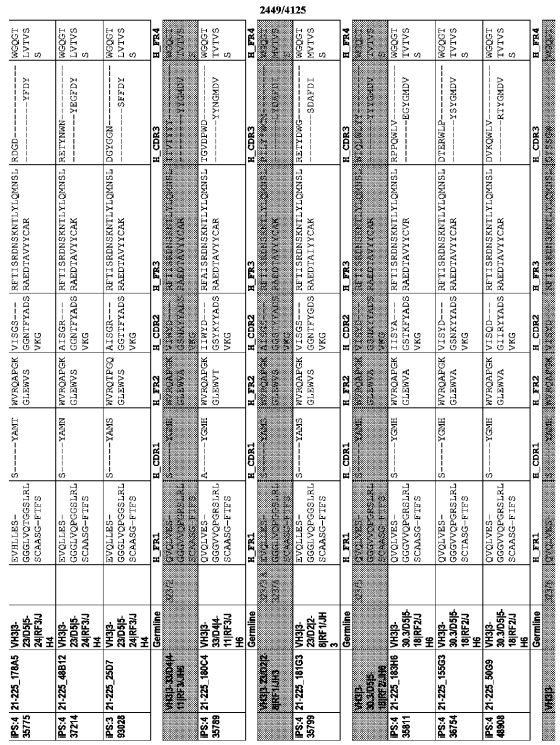
20

30

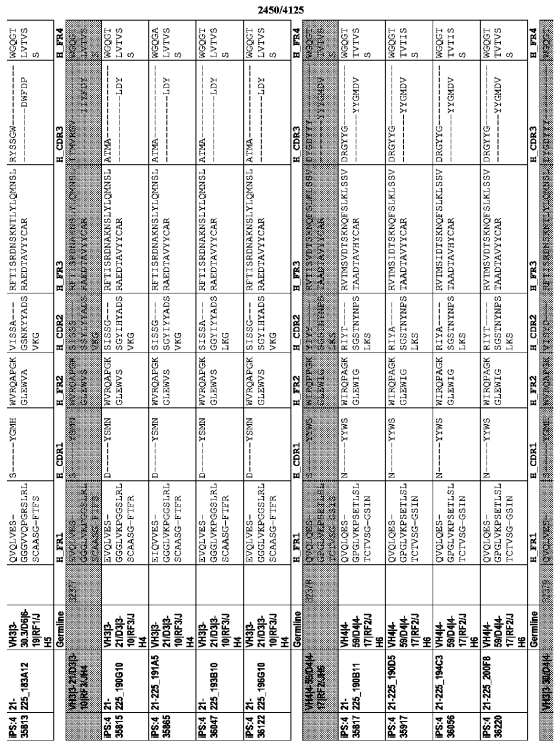
40

50

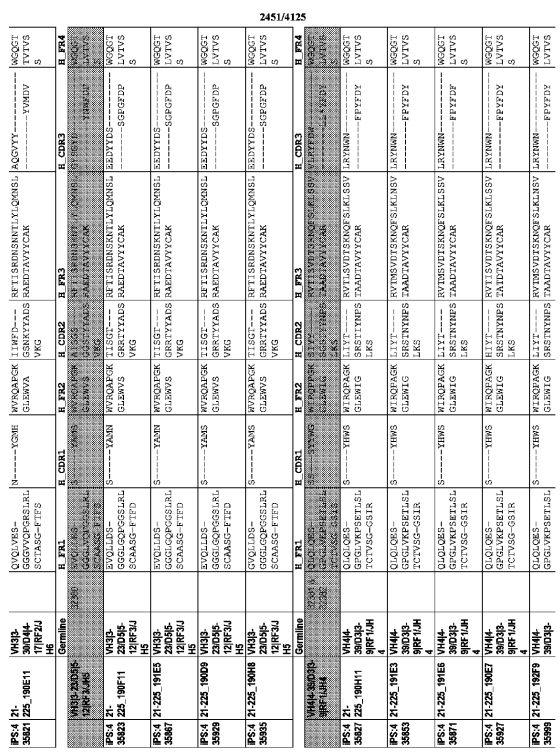
【図５１－２３０】



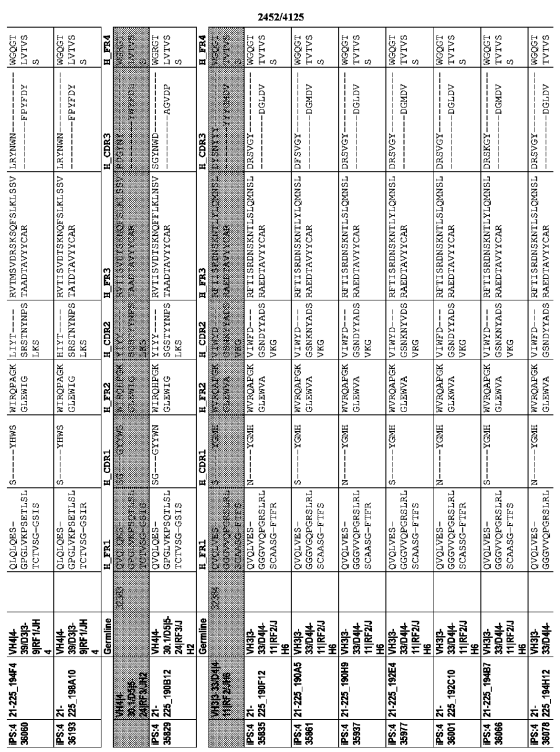
【図５１－２３１】



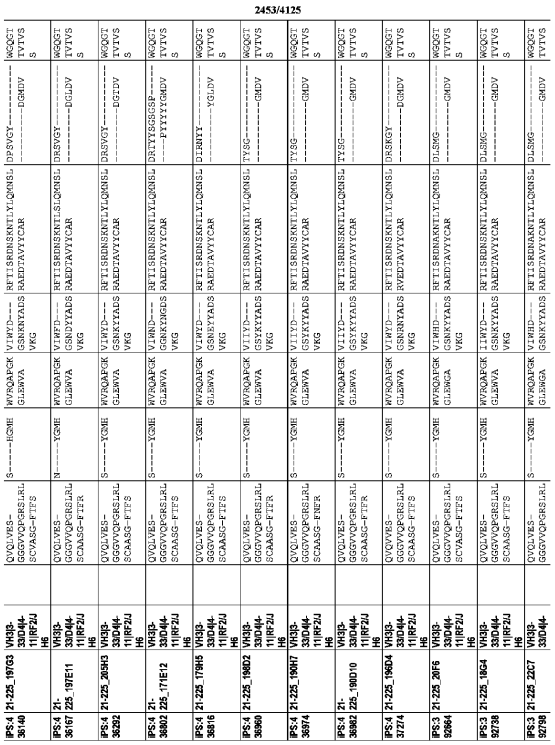
【図５１－２３２】



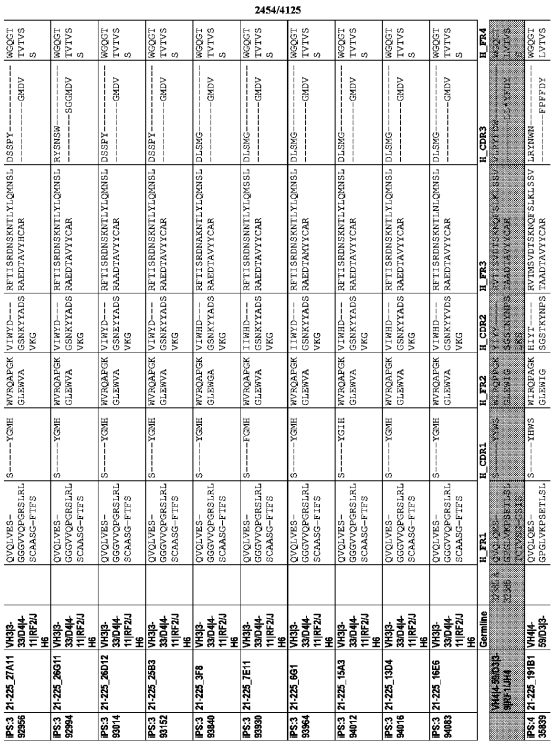
【図５１－２３３】



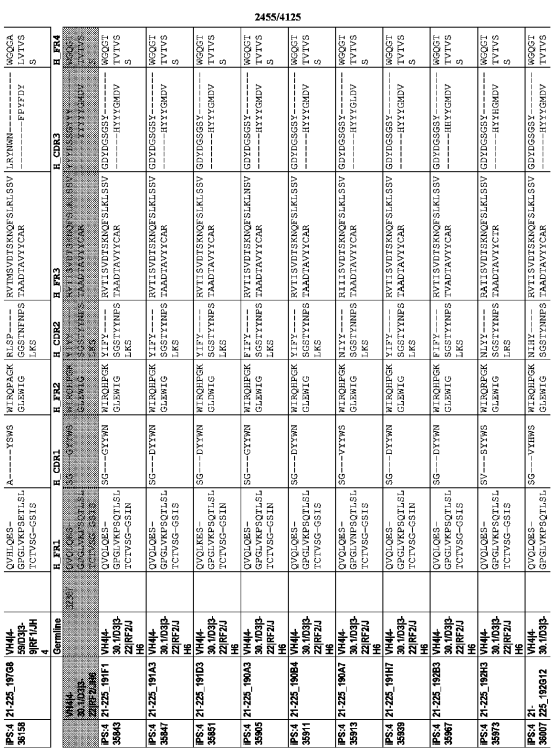
【図５１－２３４】



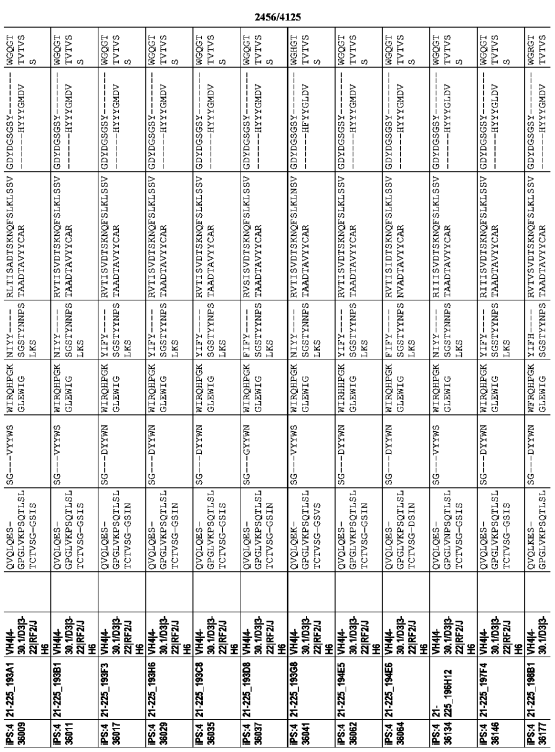
【図５１－２３５】



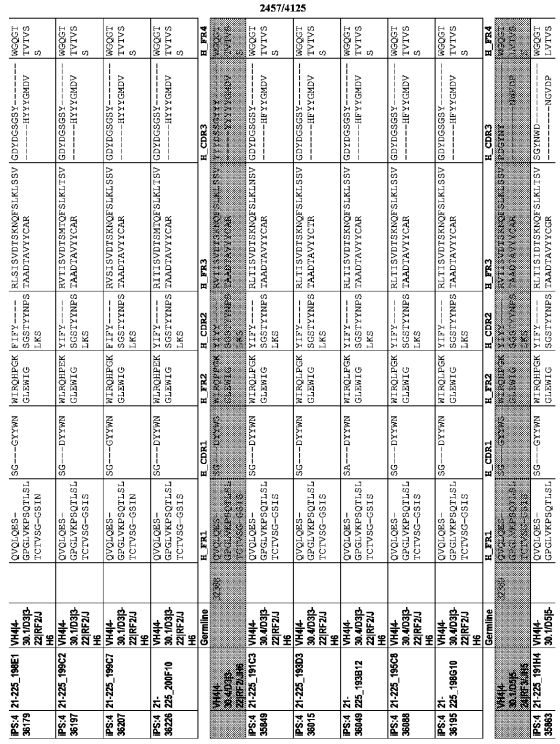
【図５１－２３６】



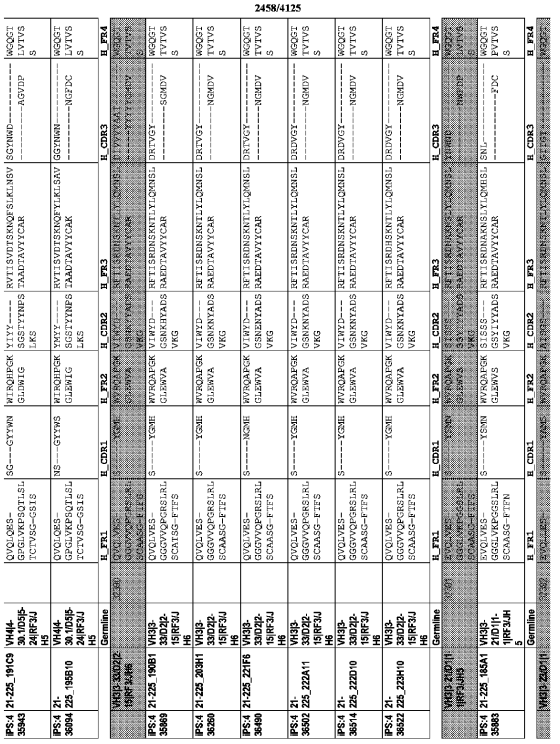
【図５１－２３７】



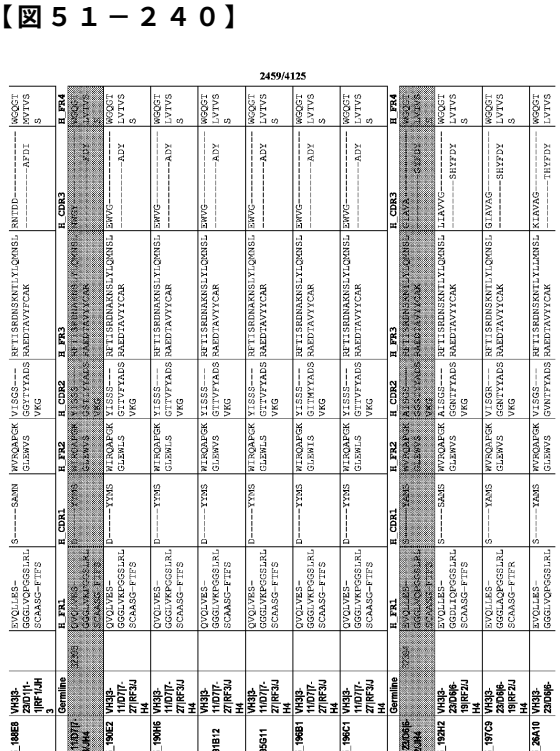
【図５１－２３８】



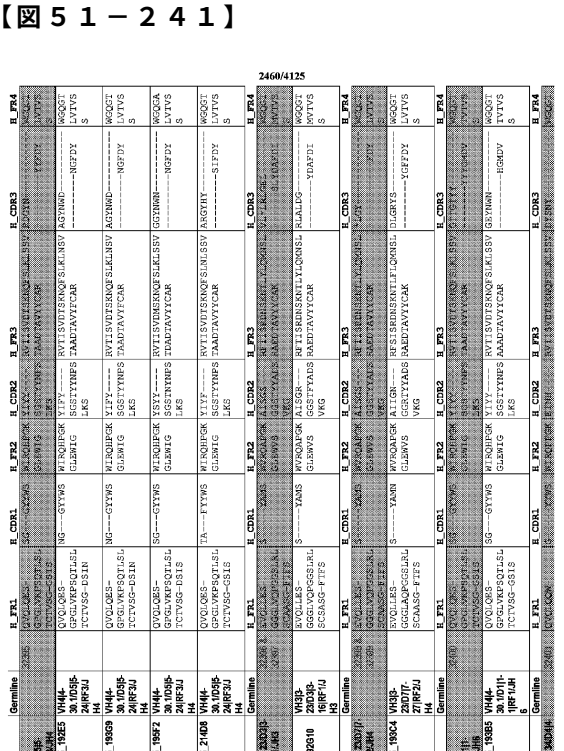
【図５１－２３９】



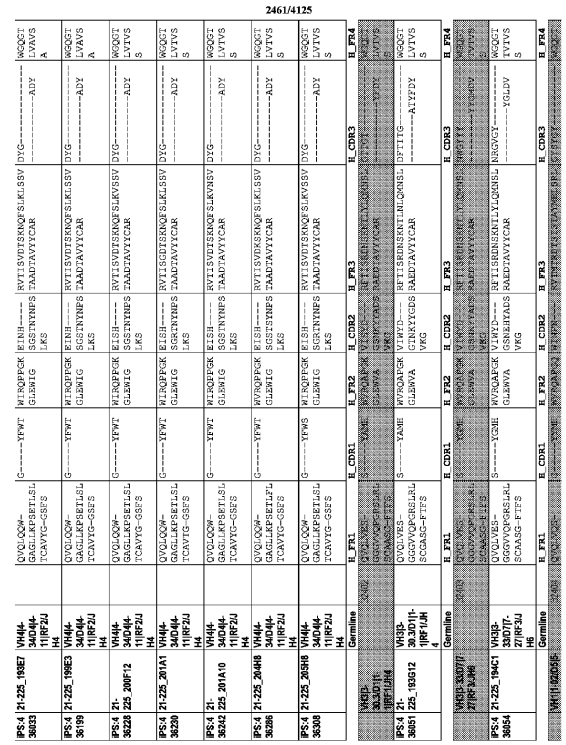
【図５１－２４０】



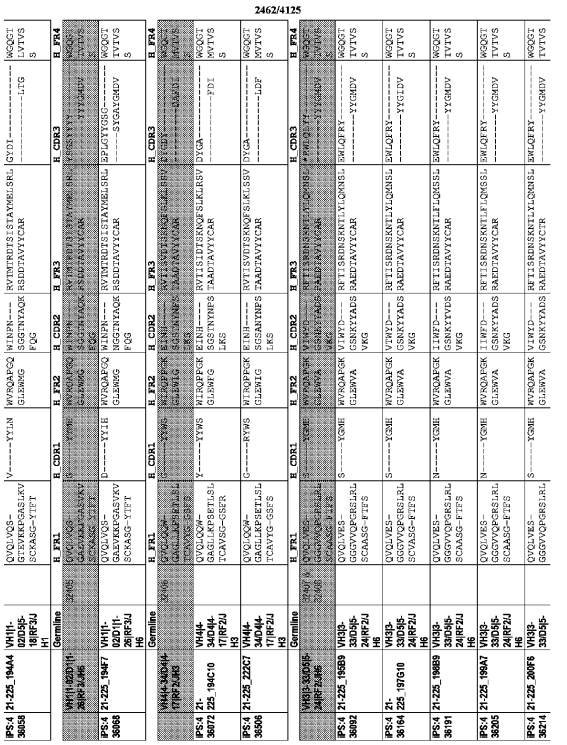
【図５１－２４１】



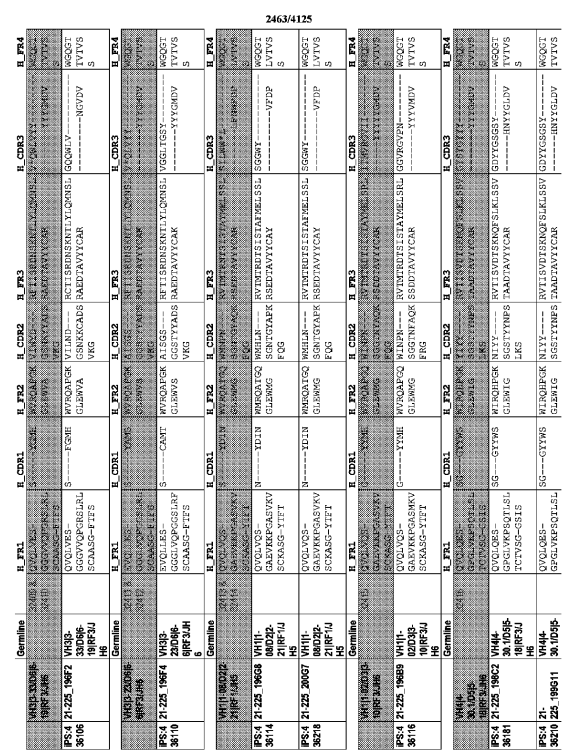
【図５１－２４２】



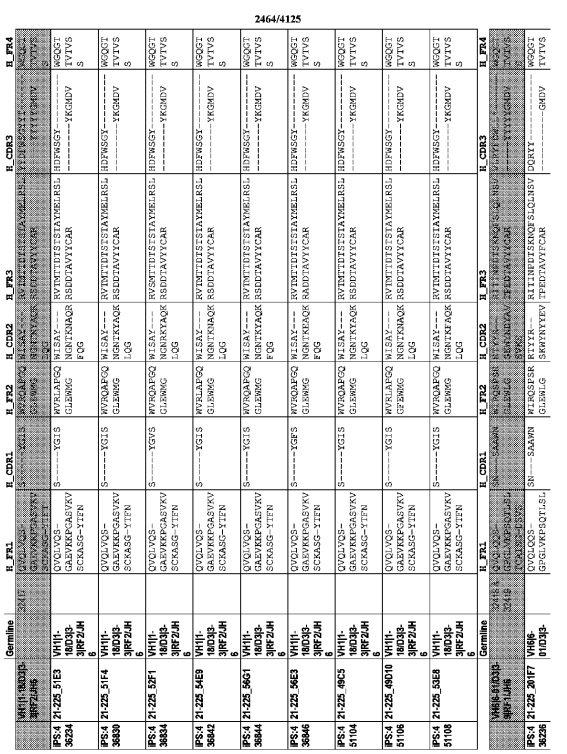
【図５１－２４３】



【図５１－２４４】



【図５１－２４５】



10

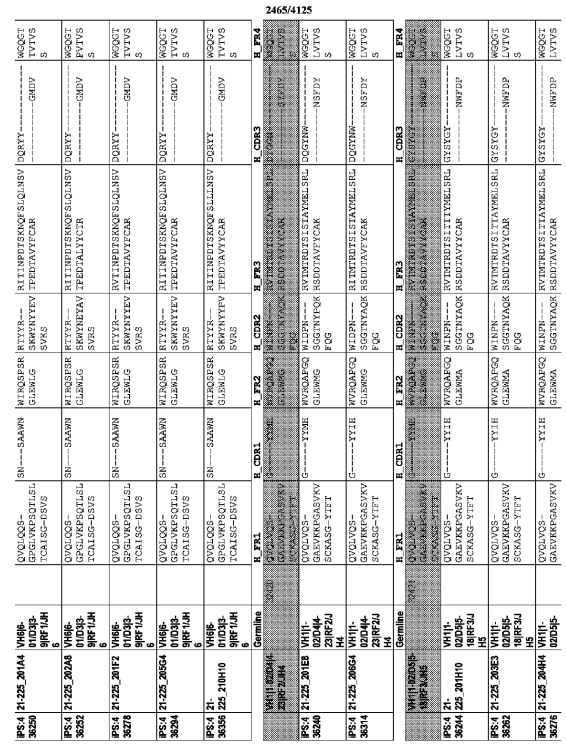
20

30

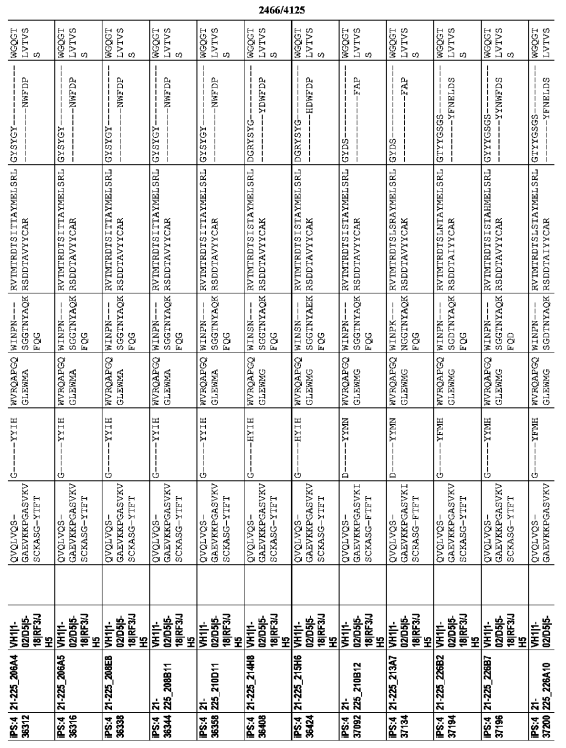
40

50

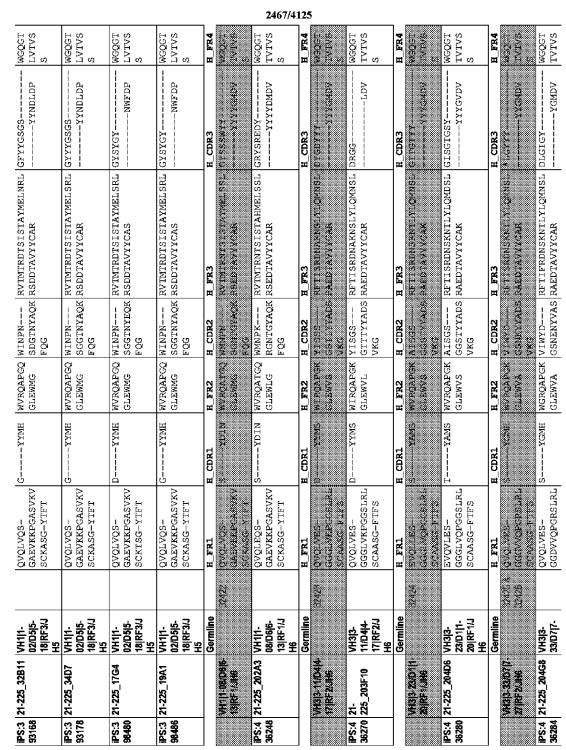
【図５１－２４６】



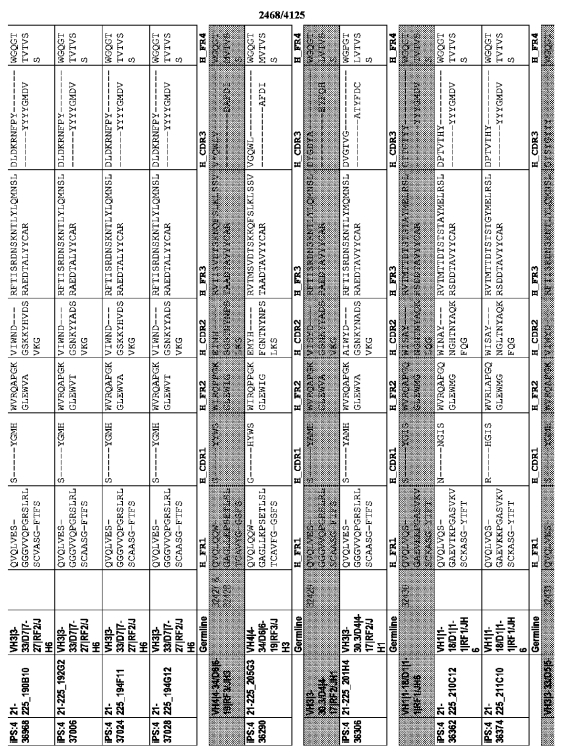
【図５１－２４７】



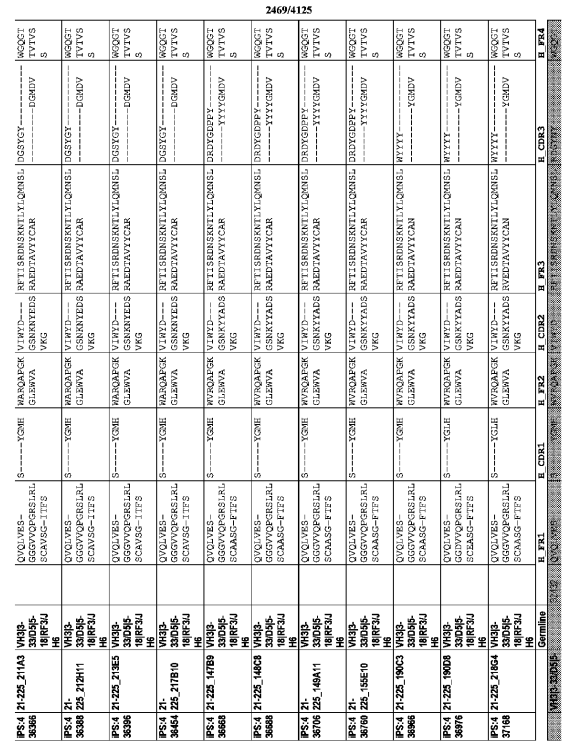
【図５１－２４８】



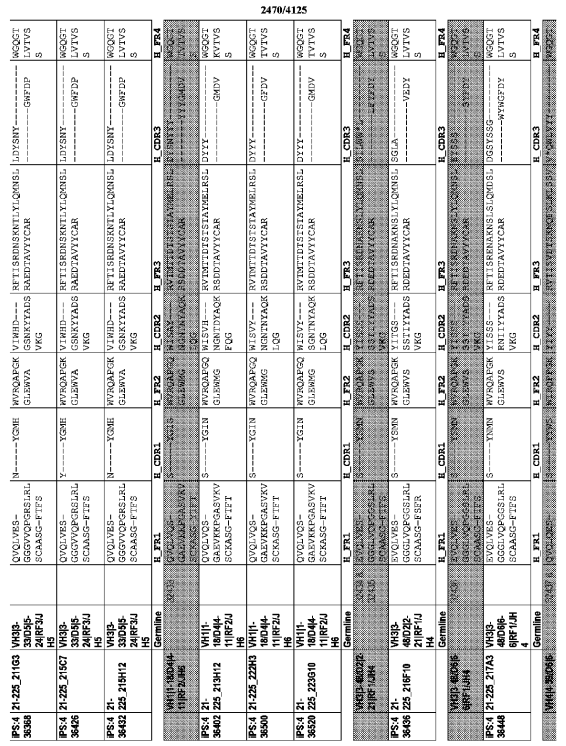
【図５１－２４９】



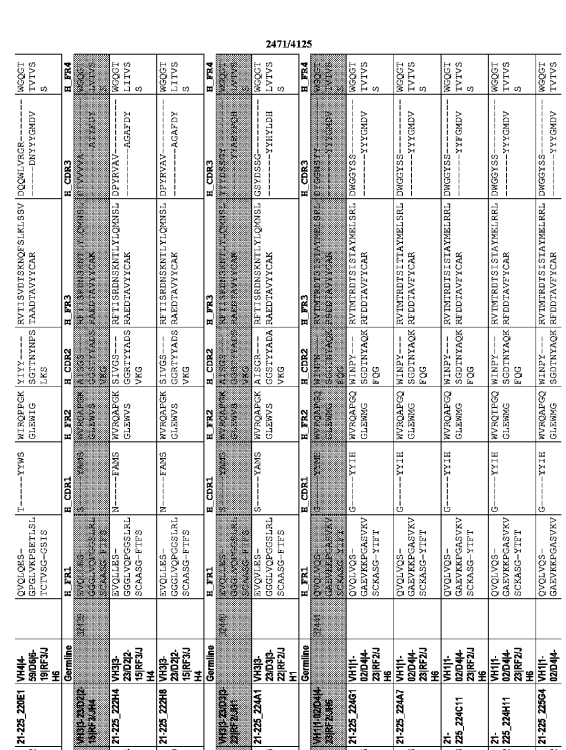
【図５１－２５０】



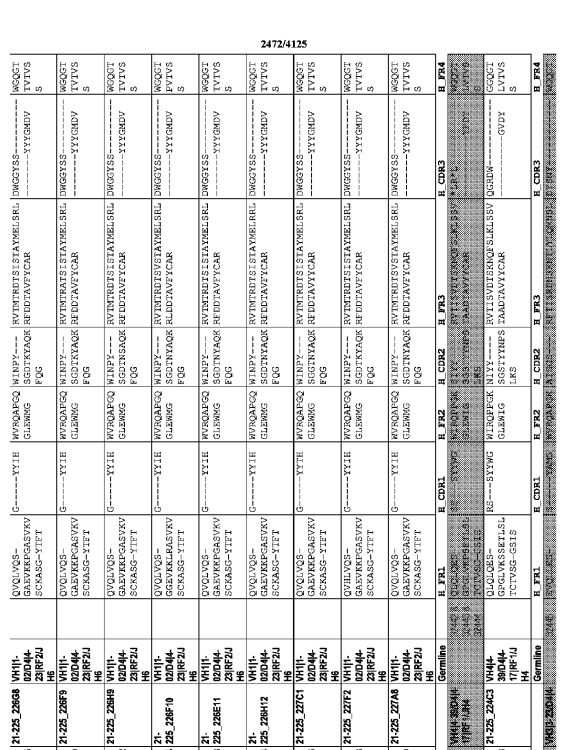
【図５１－２５１】



【図５１－２５２】



【図５１－２５３】



10

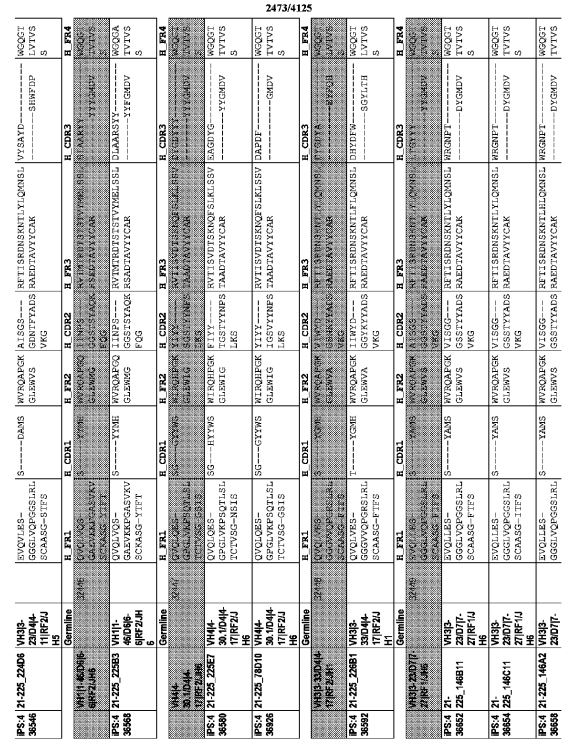
20

30

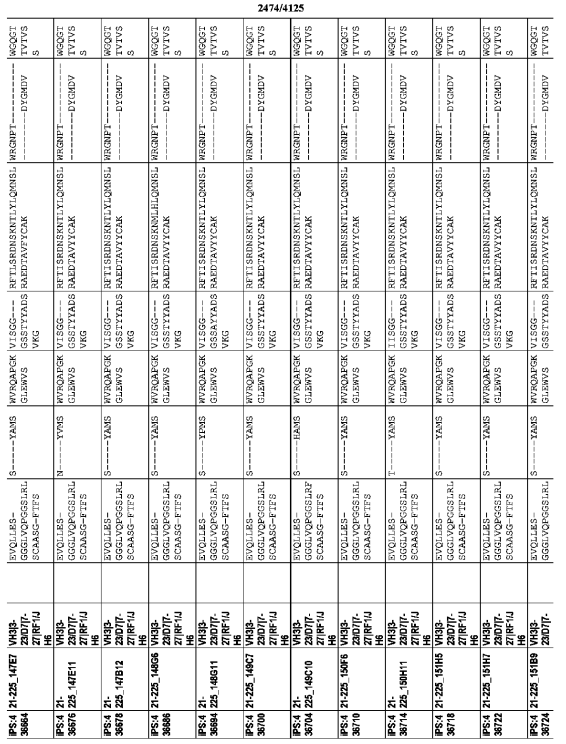
40

50

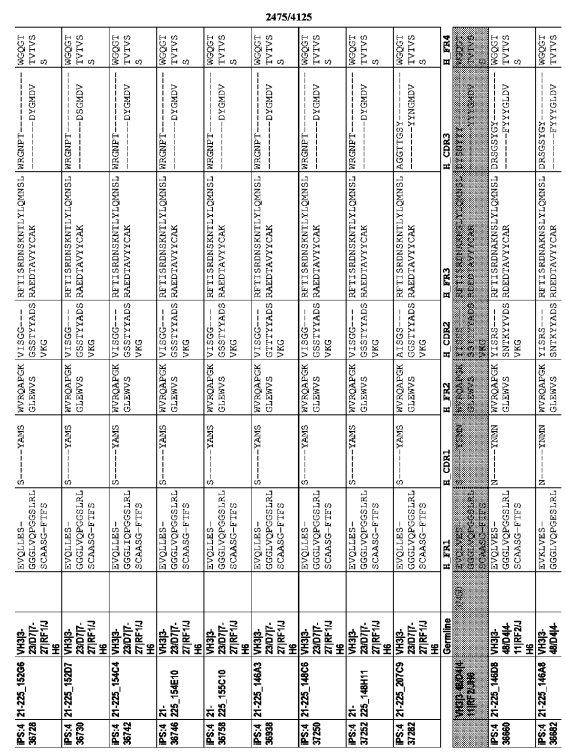
【図５１－２５４】



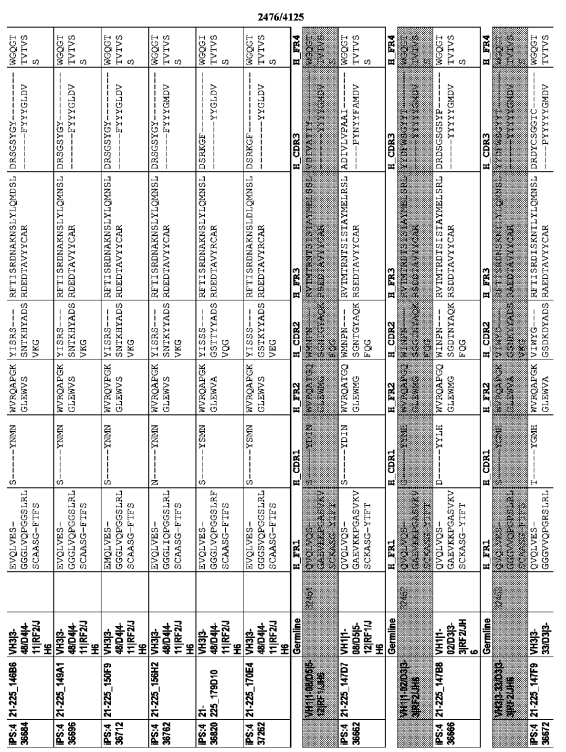
【図５１－２５５】



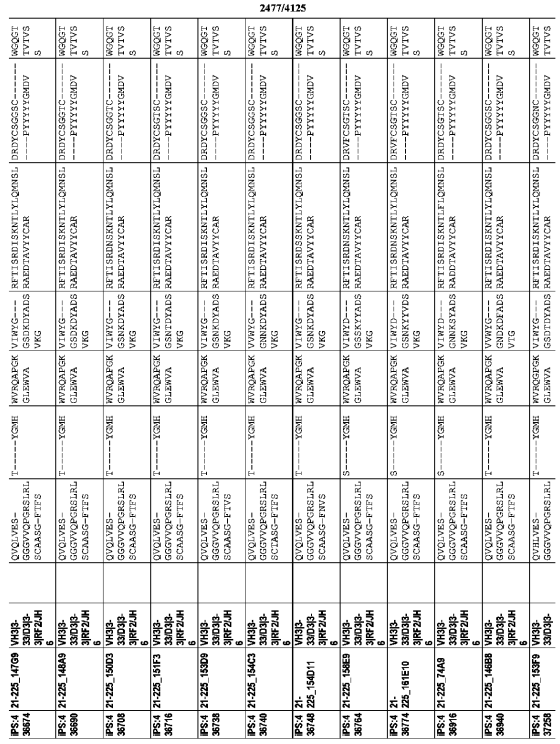
【図５１－２５６】



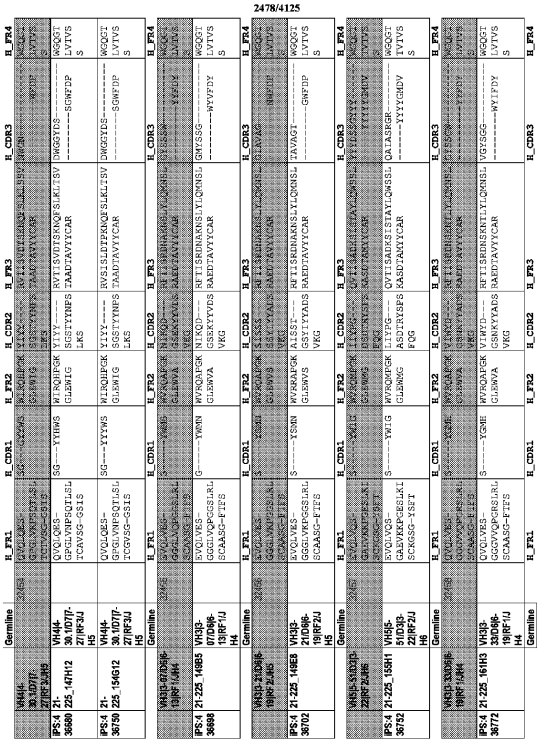
【図５１－２５７】



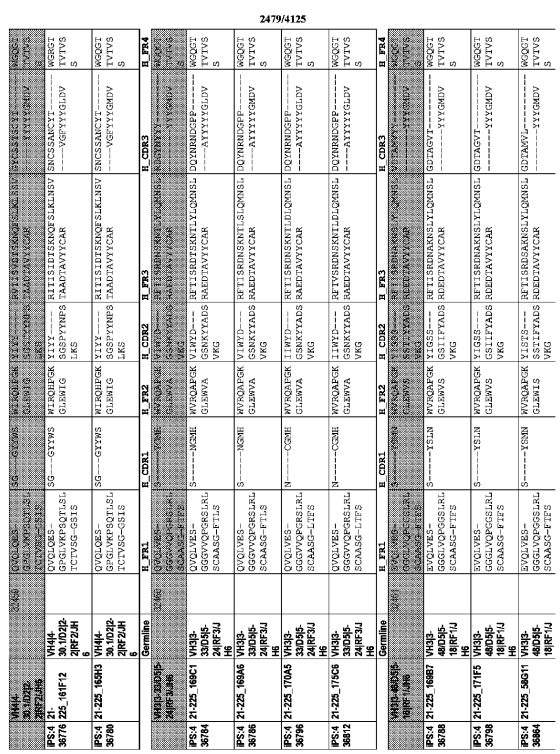
【図５１－２５８】



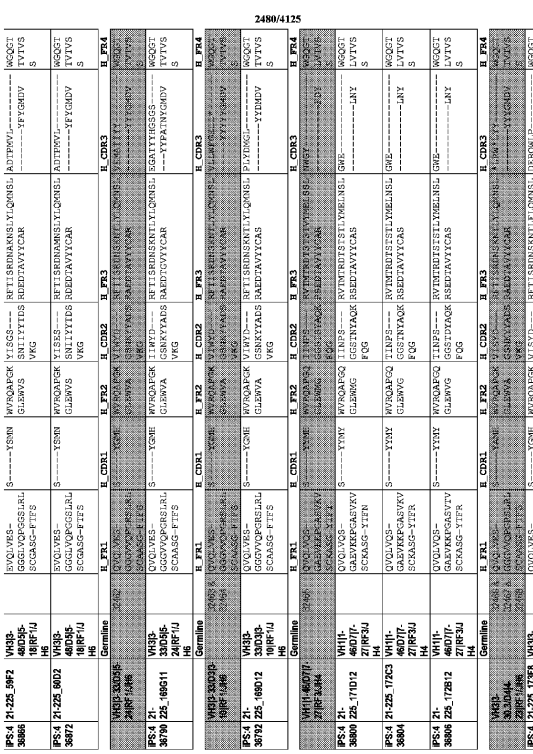
【図５１－２５９】



【図５１－２６０】



【図５１－２６１】



10

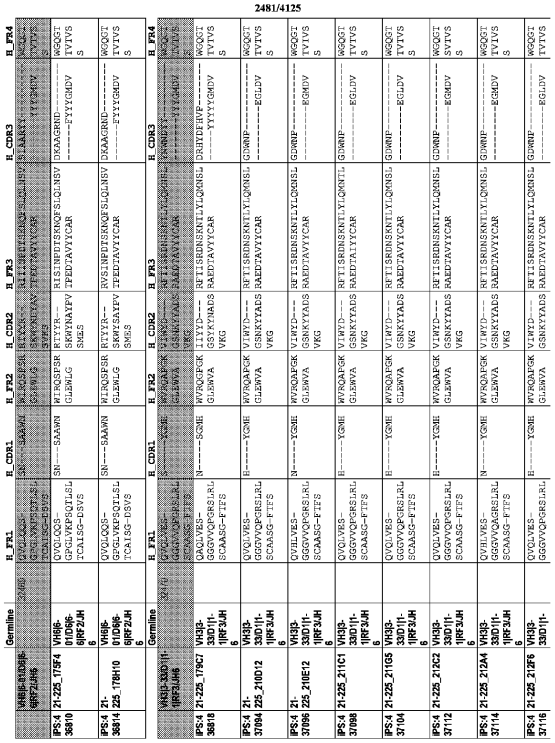
20

30

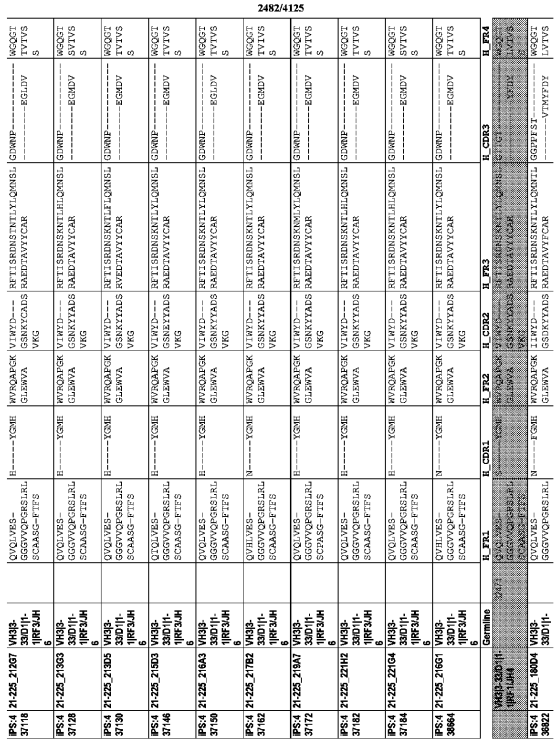
40

50

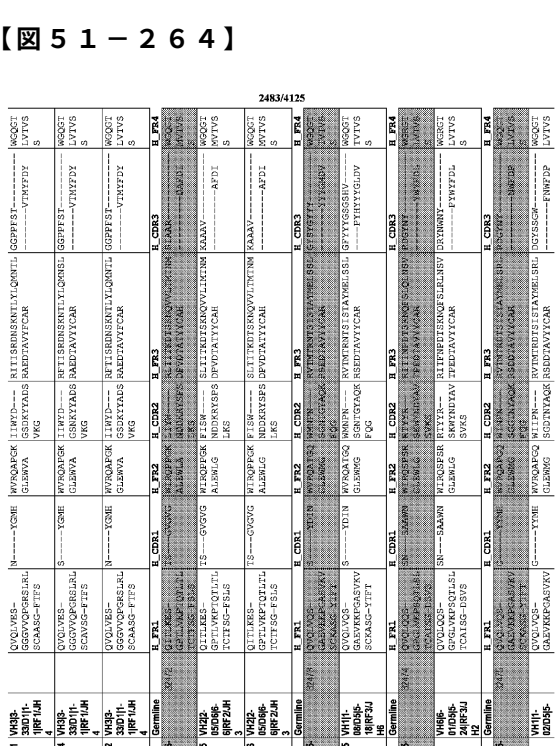
【図５１－２６２】



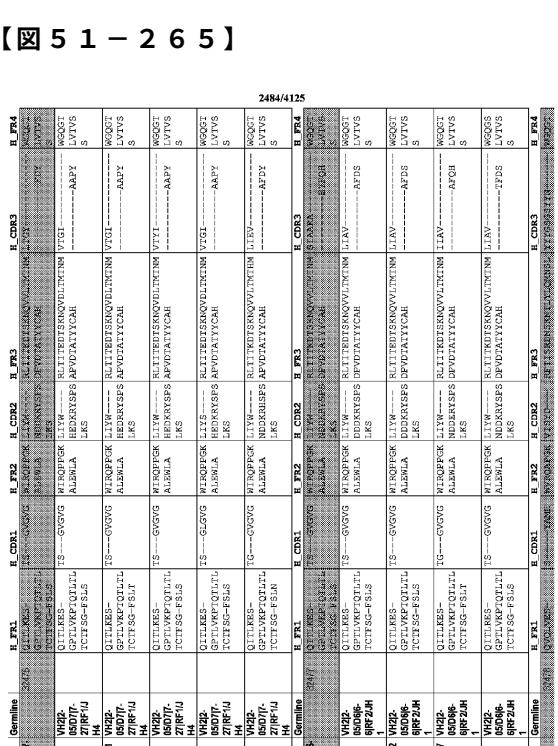
【図５１－２６３】



【図５１－２６４】



【図５１－２６５】



10

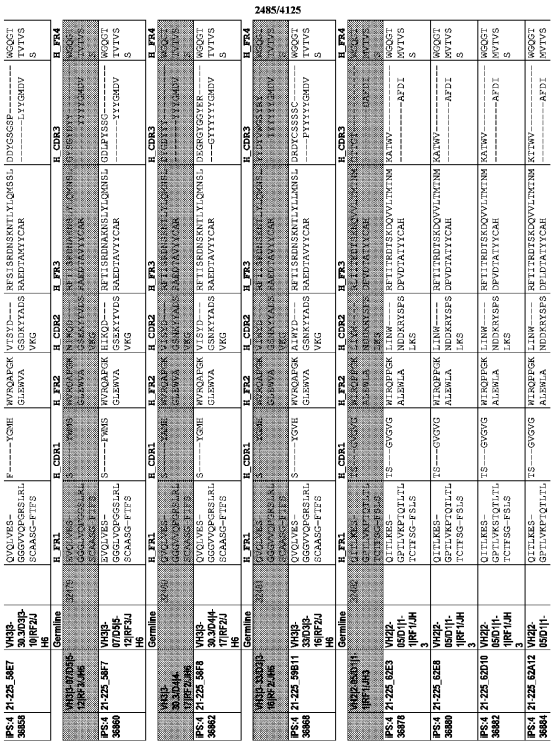
20

30

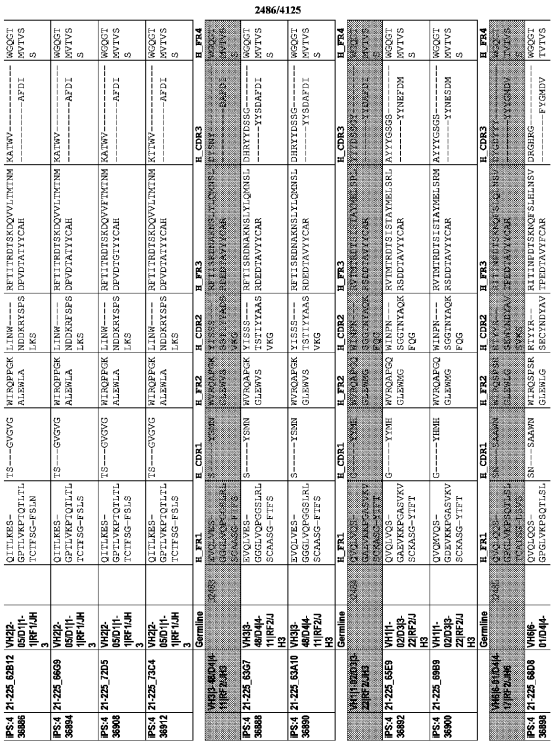
40

50

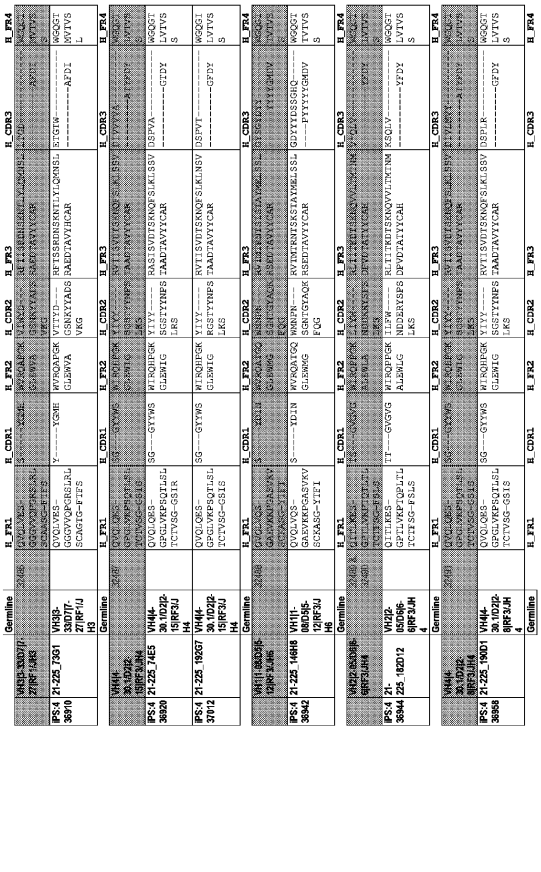
【図５１－２６６】



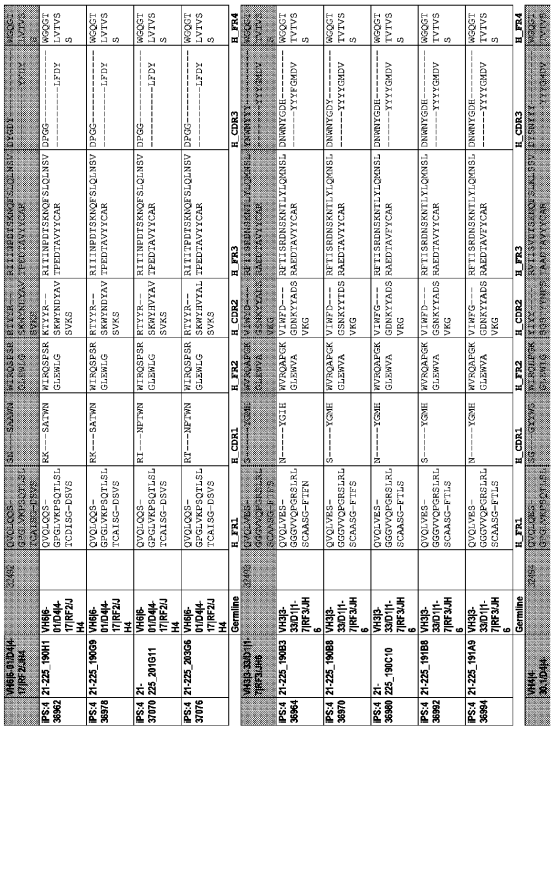
【図５１－２６７】



【図５１－２６８】



【図５１－２６９】



10

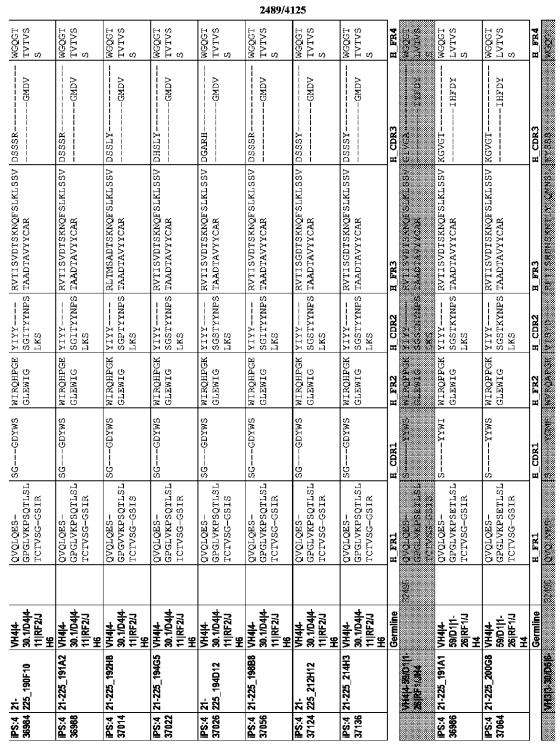
20

30

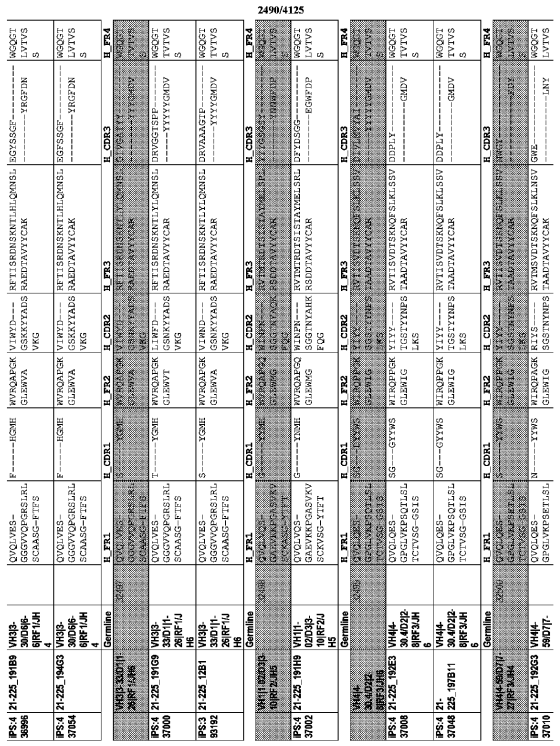
40

50

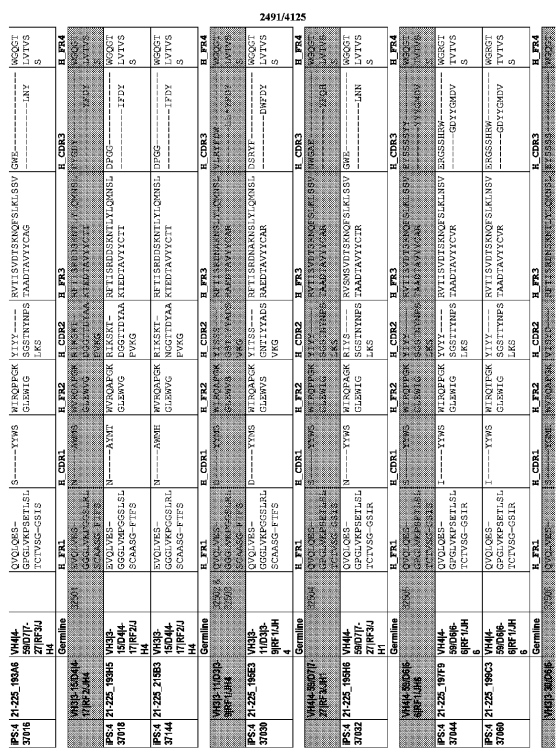
【図５１－２７０】



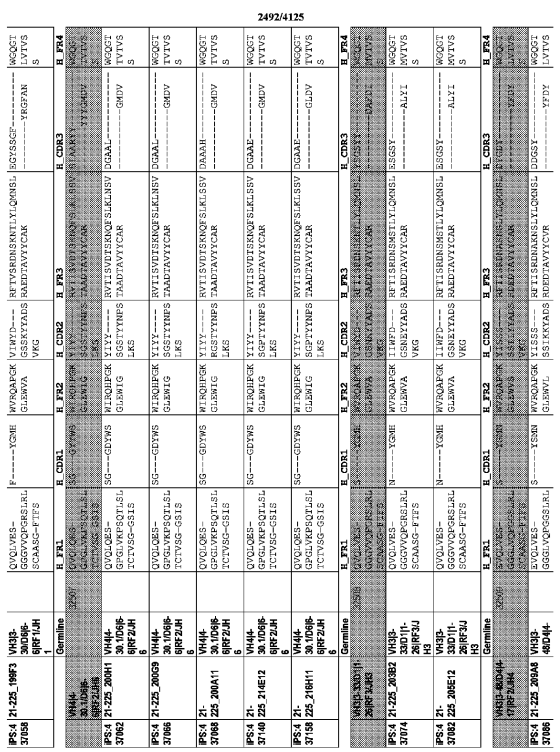
【図５１－２７１】



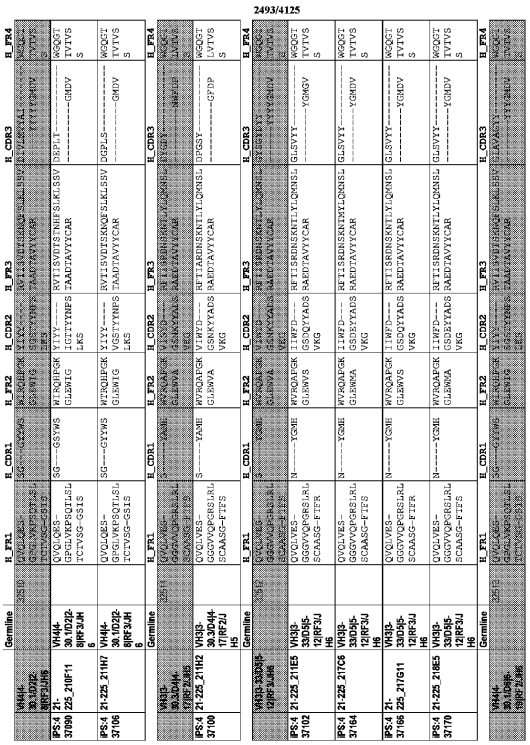
【図５１－２７２】



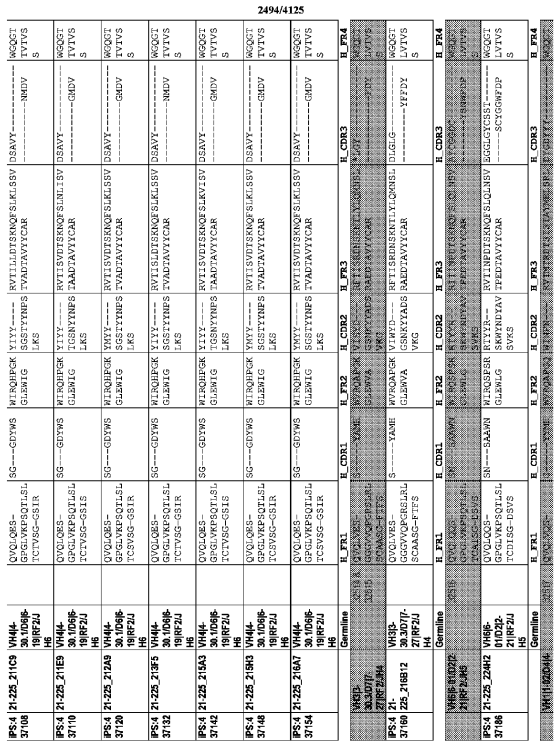
【図５１－２７３】



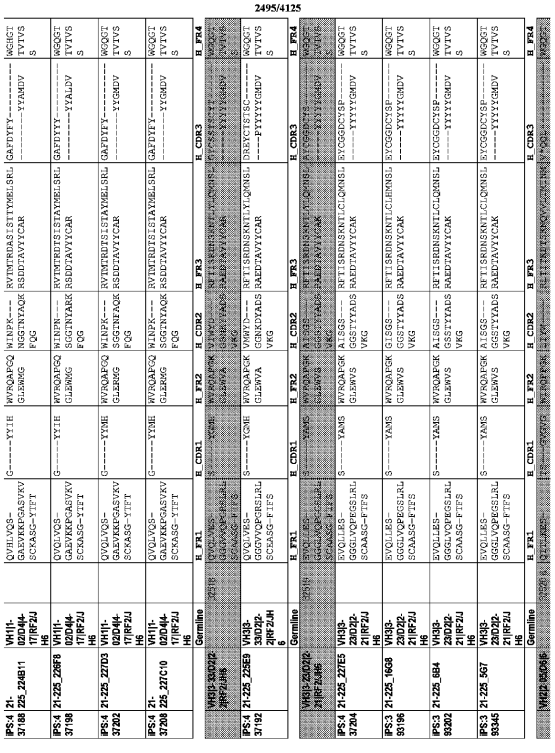
【図５１－２７４】



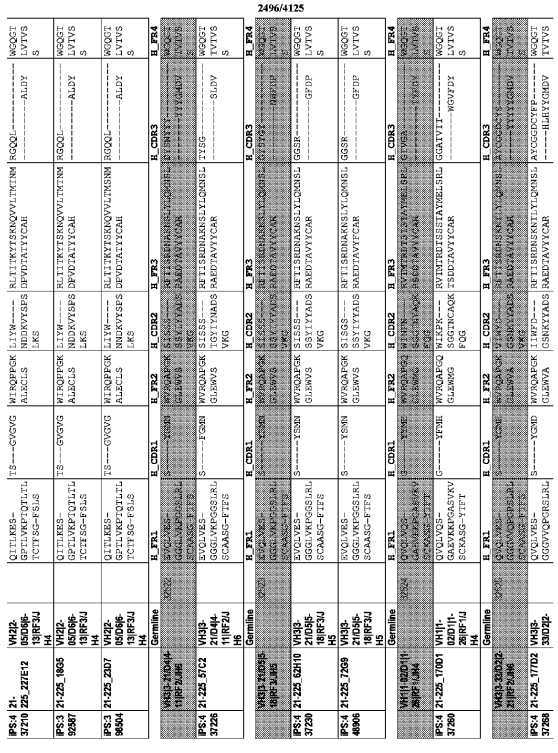
【図５１－２７５】



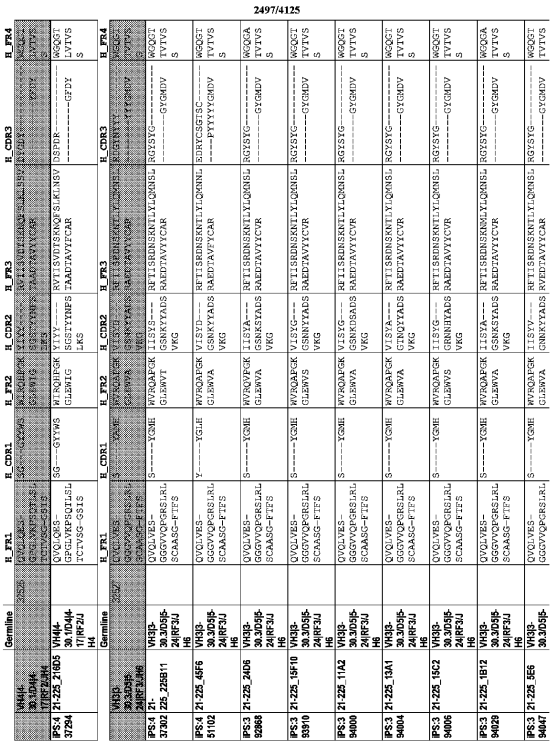
【図５１－２７６】



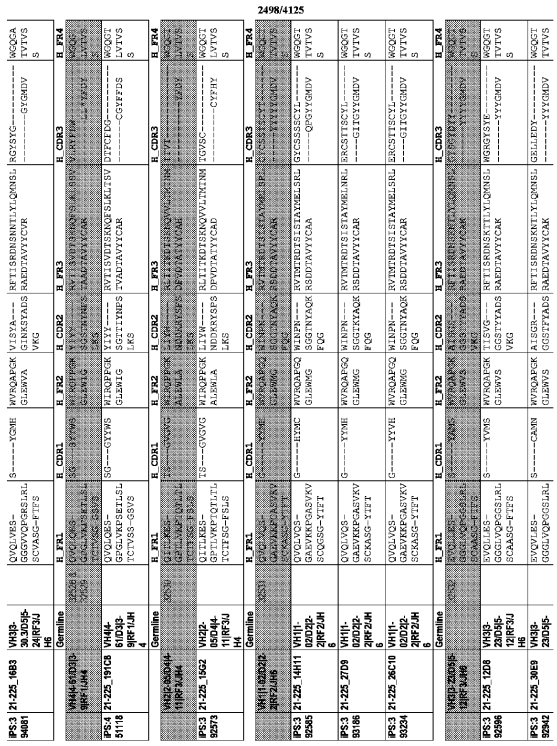
【図５１－２７７】



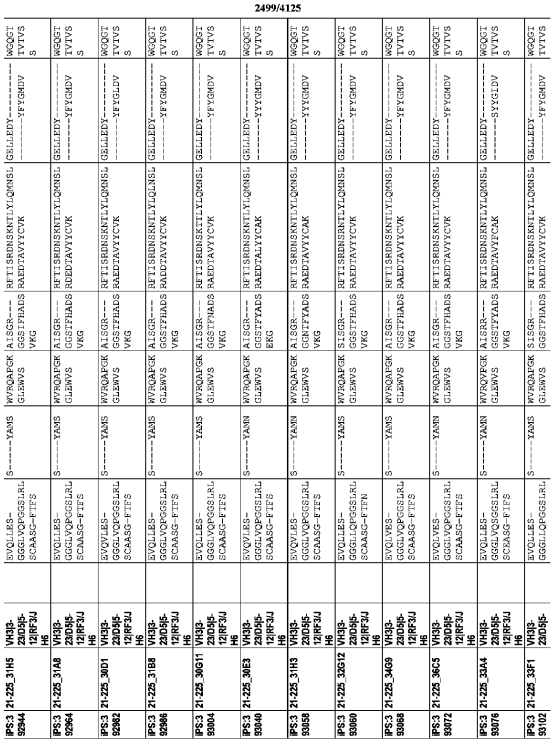
【図５１－２７８】



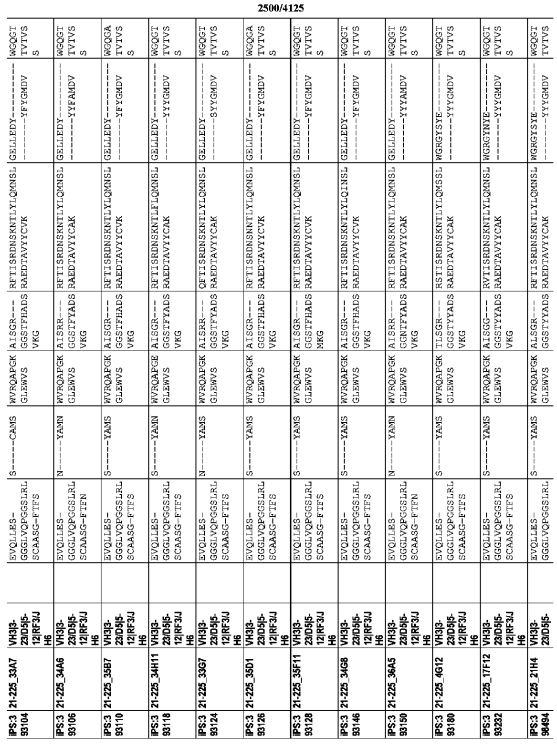
【図５１－２７９】



【図５１－２８０】



【図５１－２８１】



10

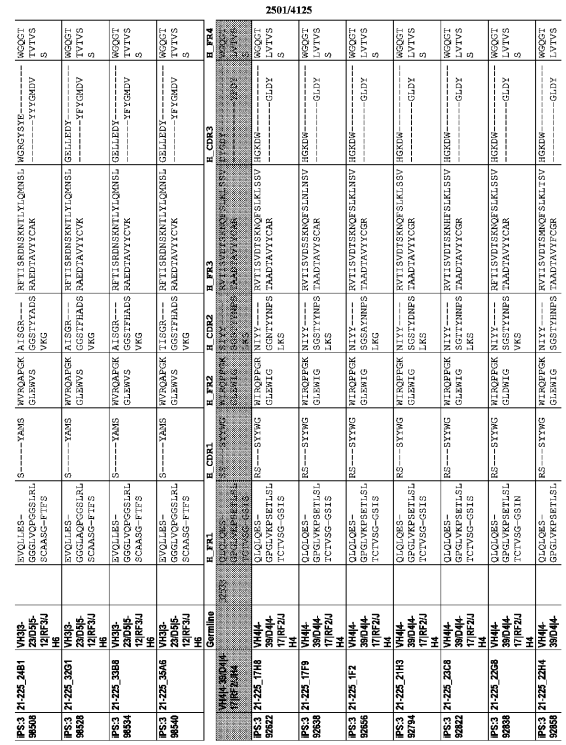
20

30

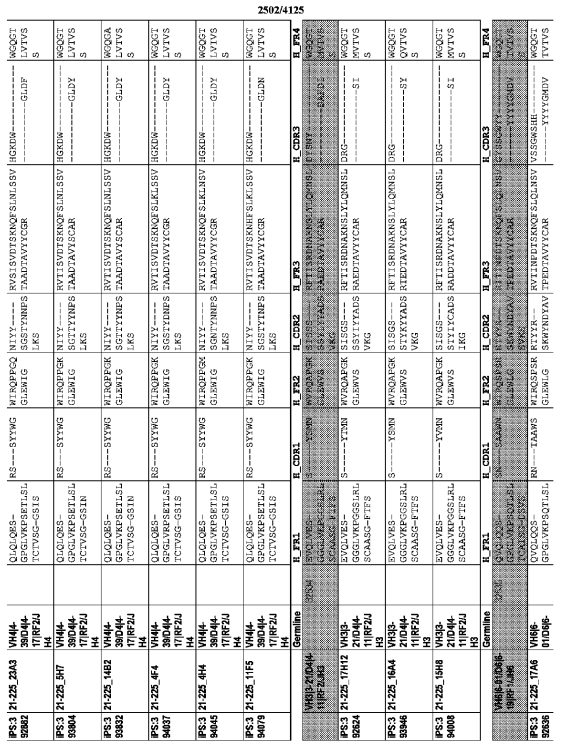
40

50

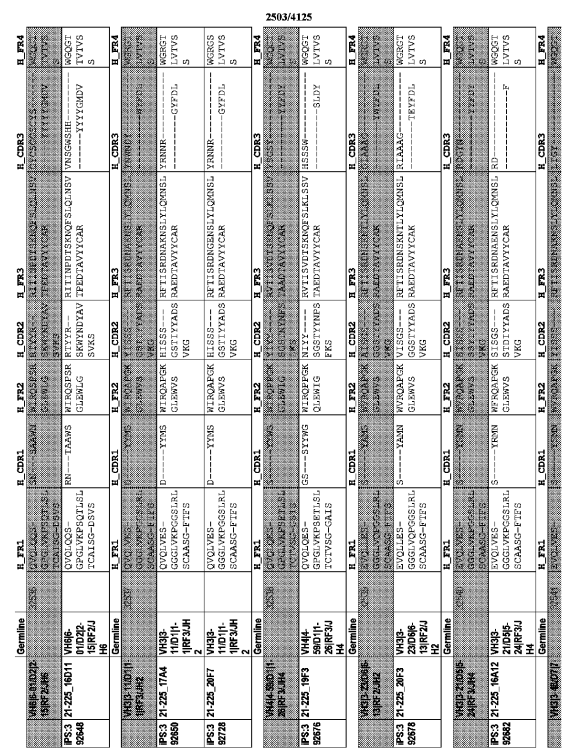
【図５１－２８２】



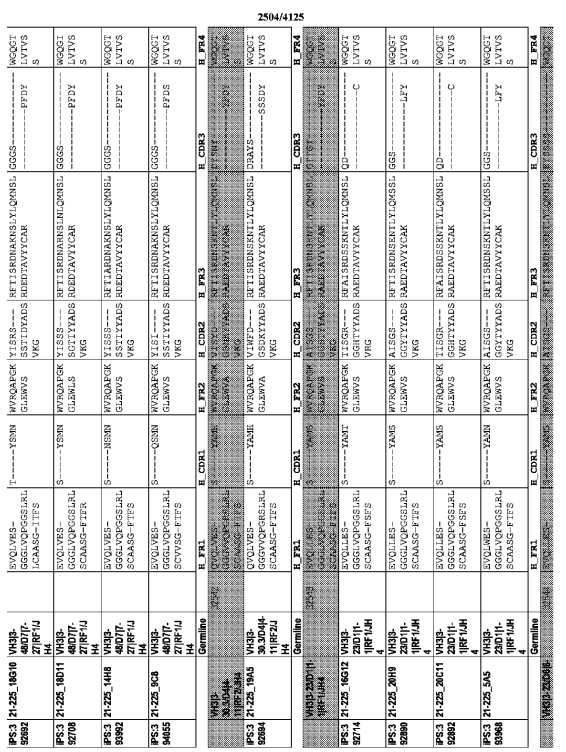
【図５１－２８３】



【図５１－２８４】



【図５１－２８５】



10

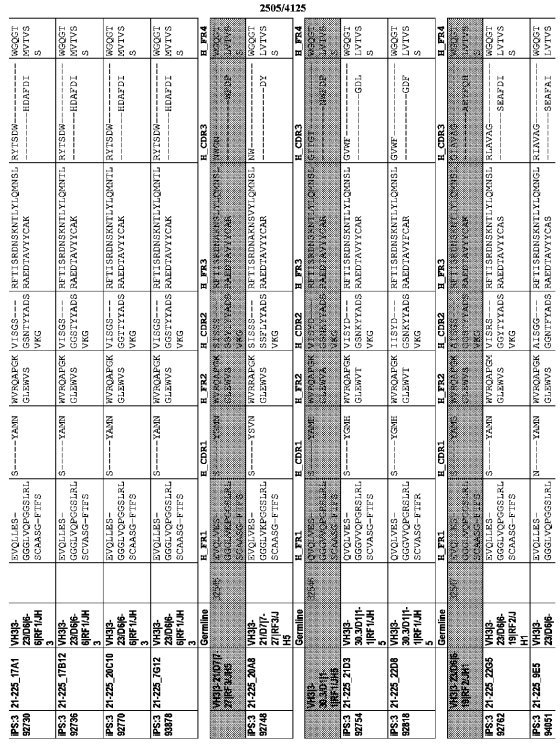
20

30

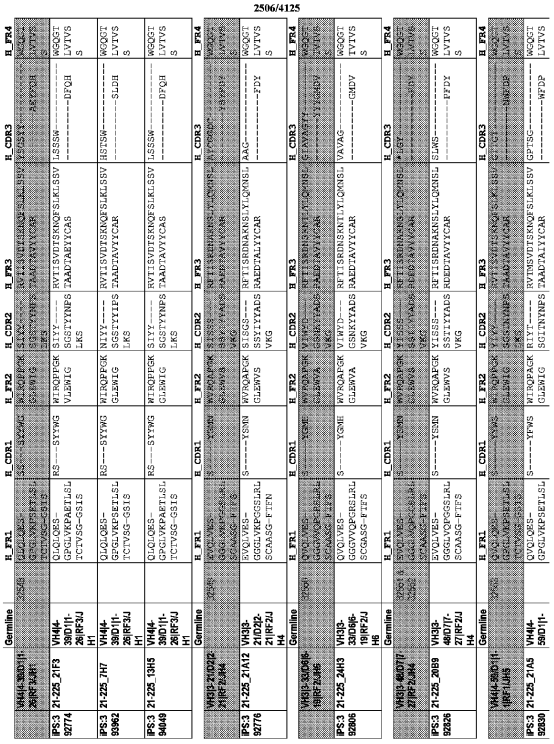
40

50

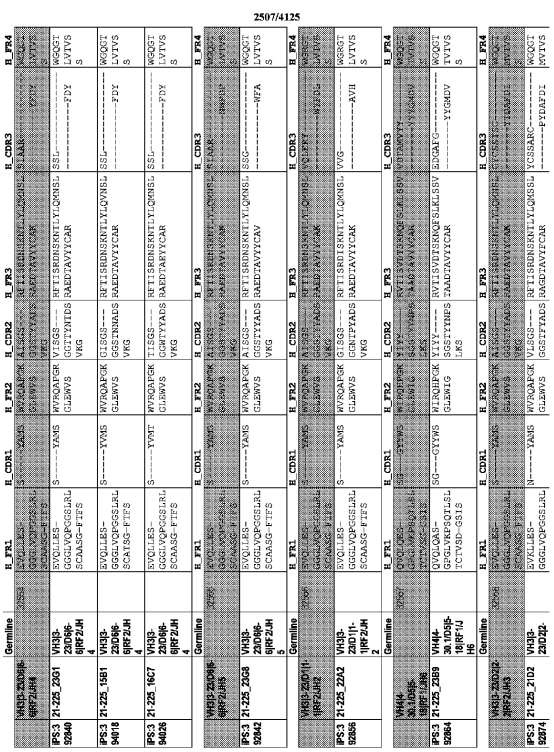
【図５１－２８６】



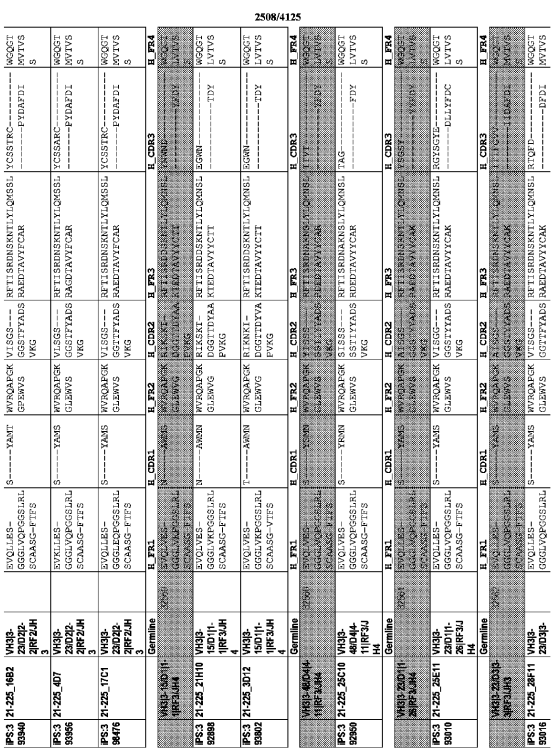
【図５１－２８７】



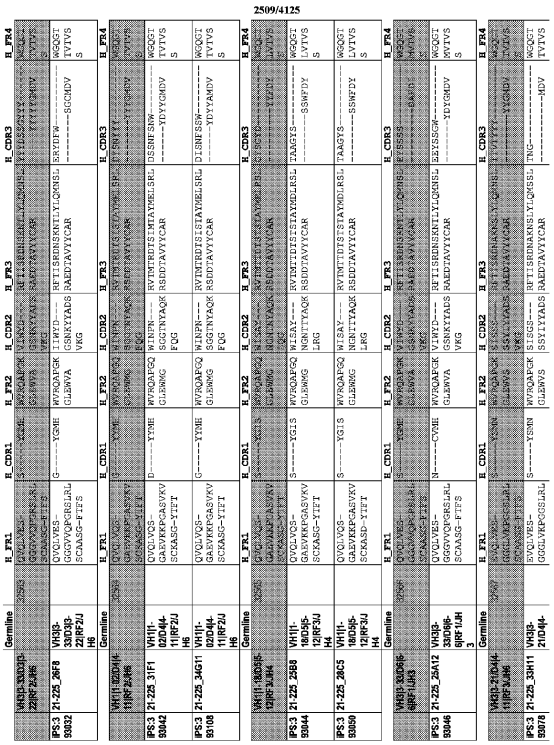
【図５１－２８８】



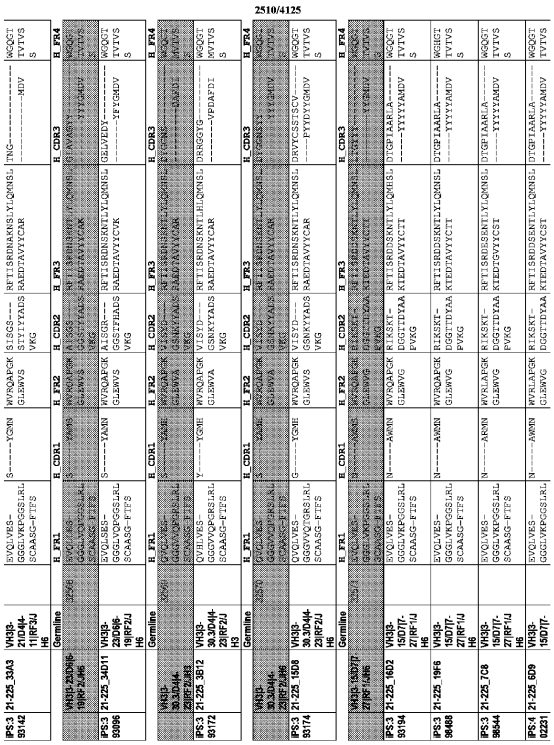
【図５１－２８９】



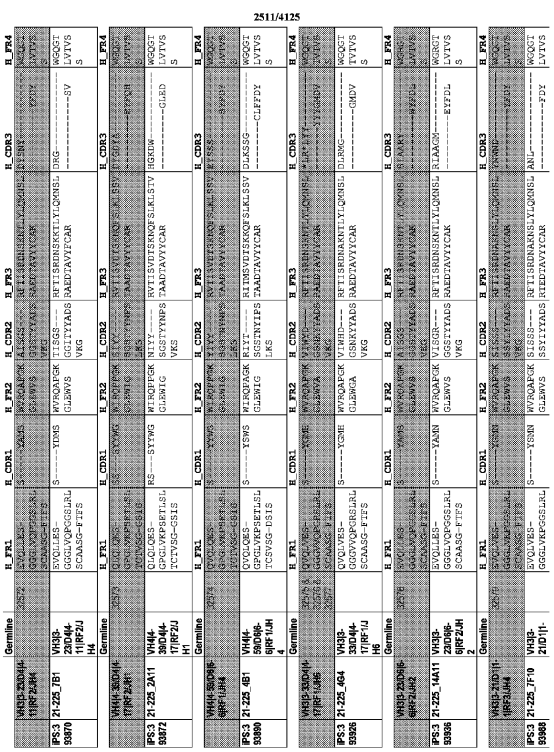
【図５１－２９０】



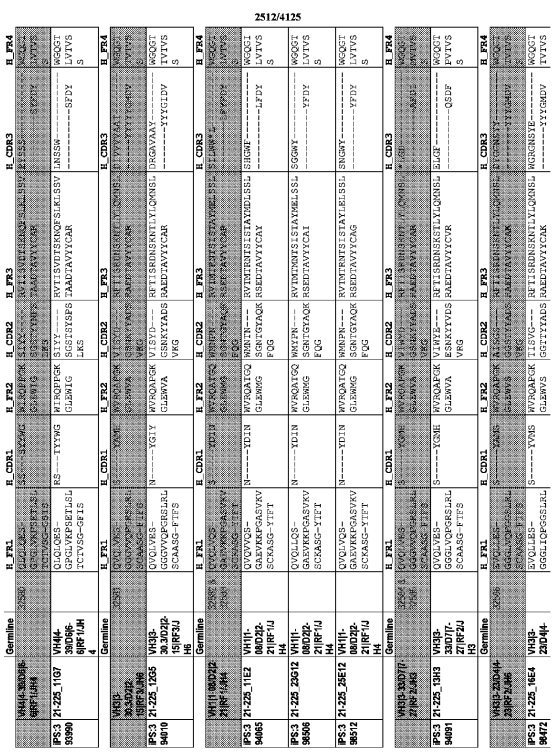
【図５１－２９１】



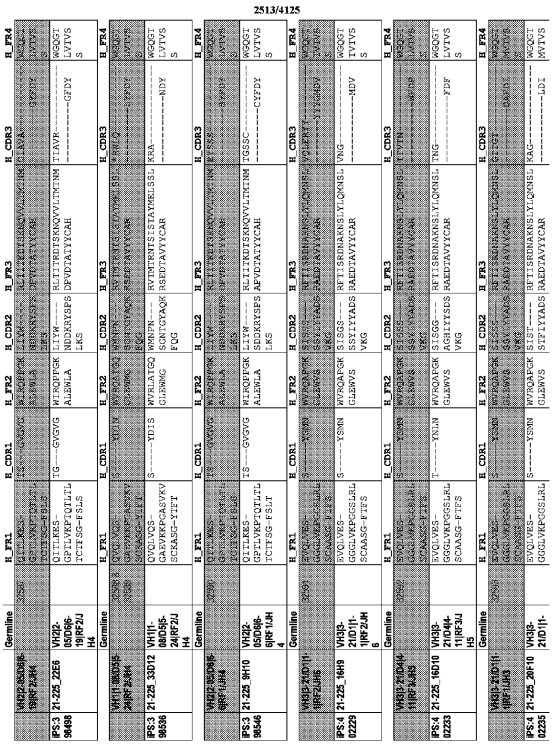
【図５１－２９２】



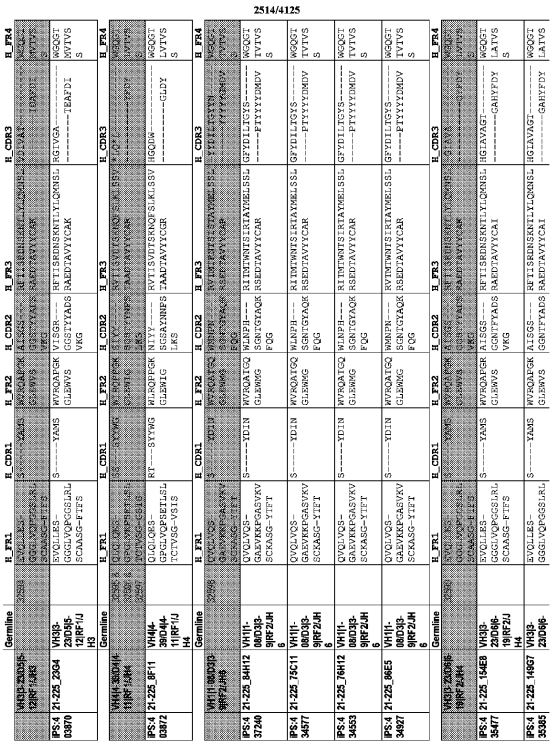
【図５１－２９３】



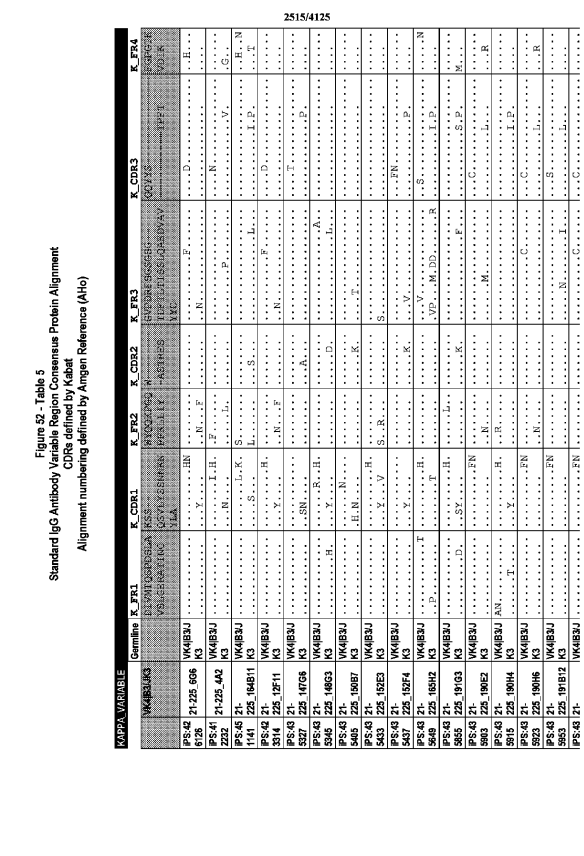
【図５１－２９４】



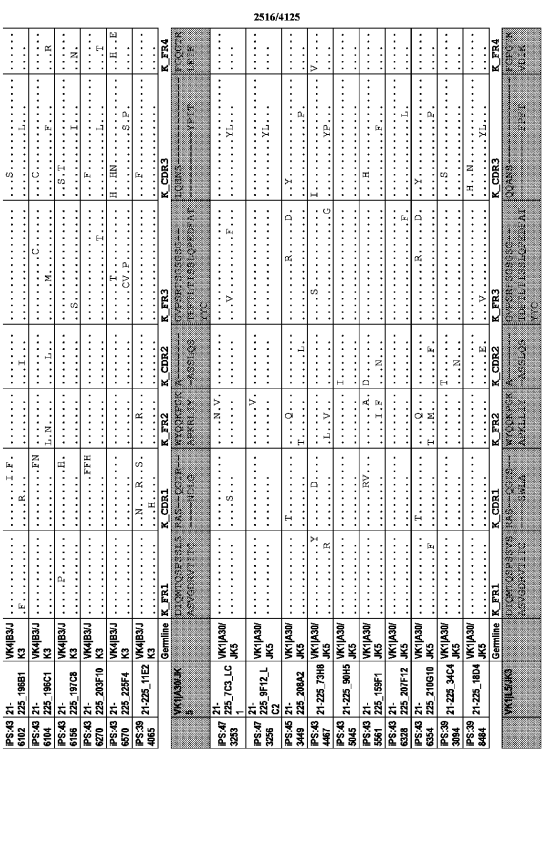
【図５１－２９５】



【図５２－１】



【図５２－２】



10

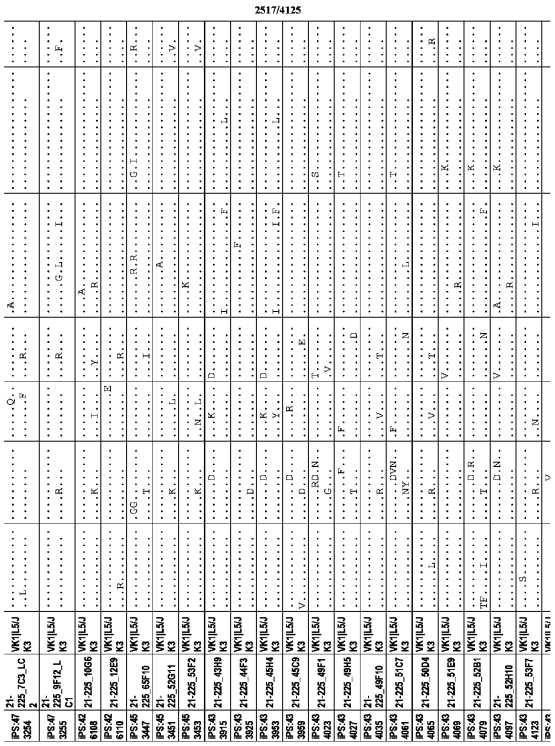
20

30

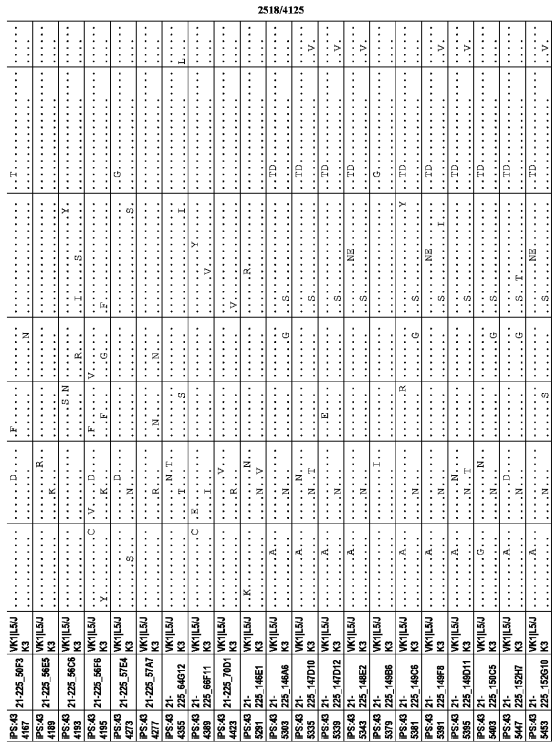
40

50

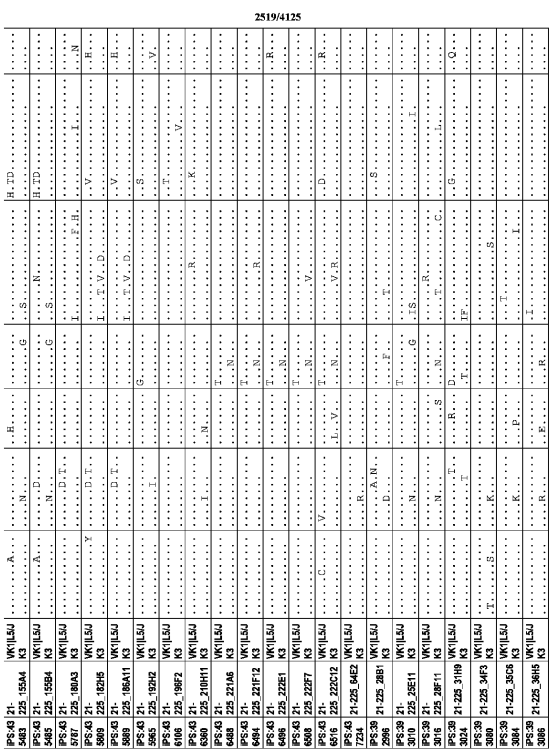
【図５２－３】



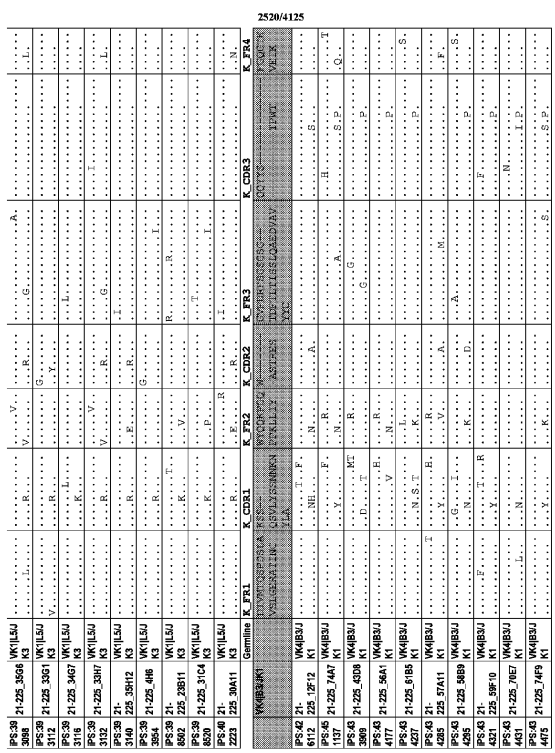
【図５２－４】



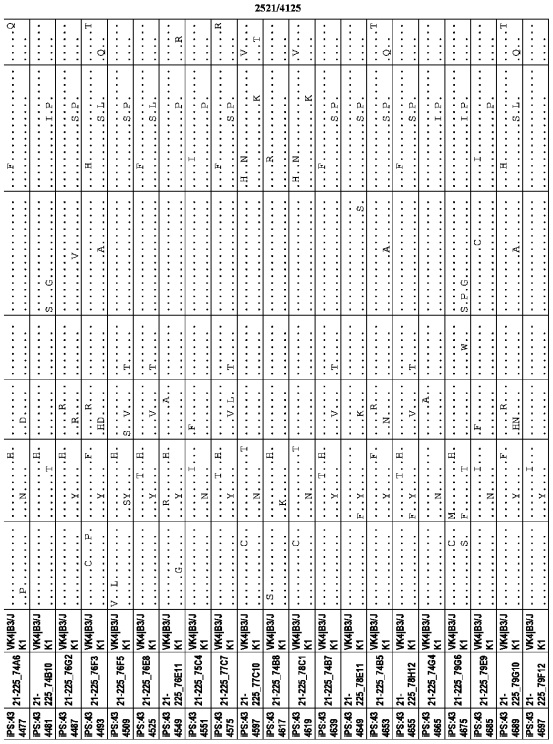
【図５２－５】



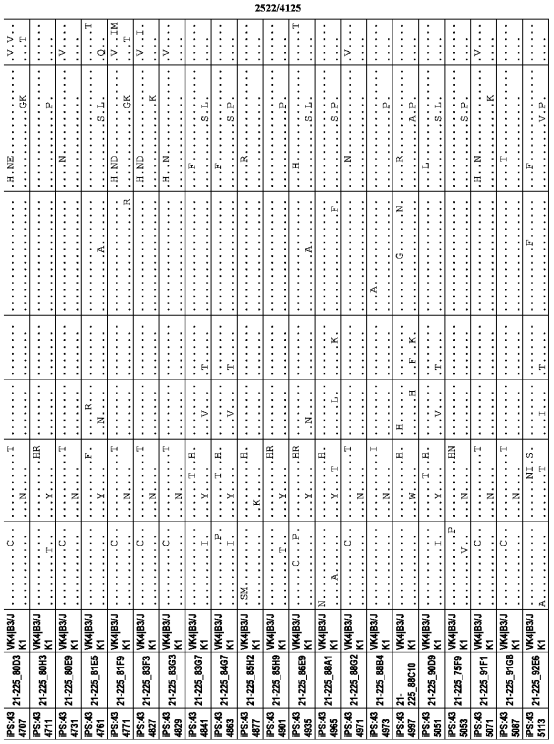
【図５２－６】



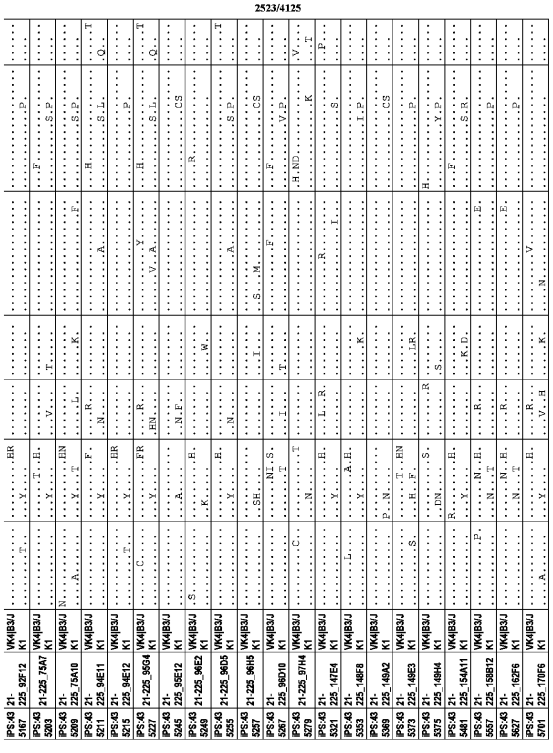
【図５２－７】



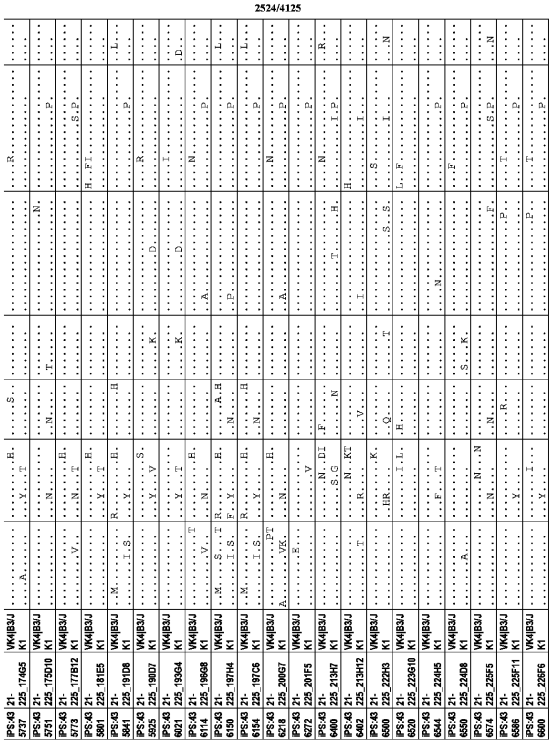
【図５２－８】



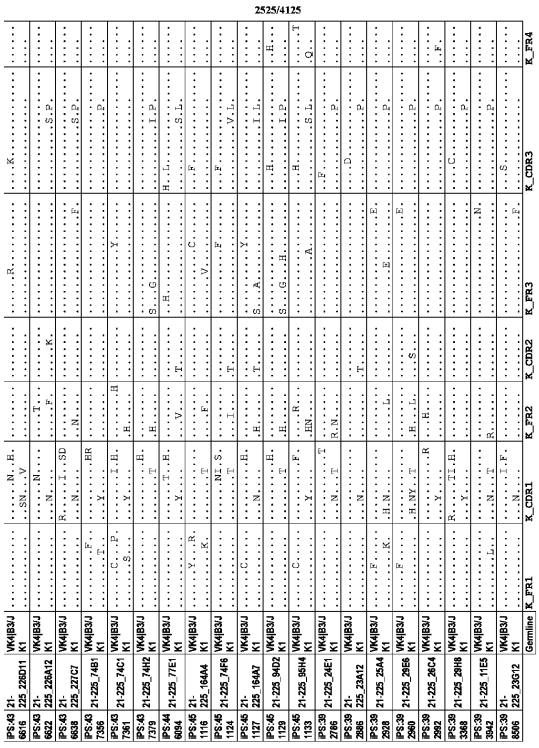
【図５２－９】



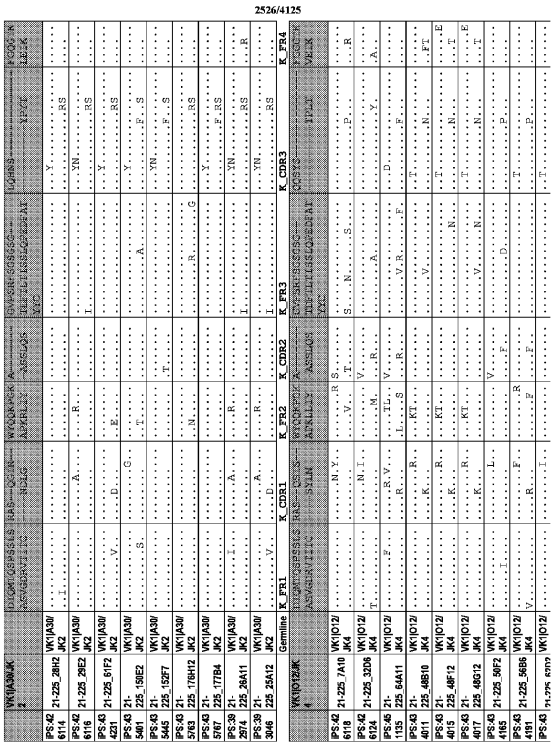
【図５２－１０】



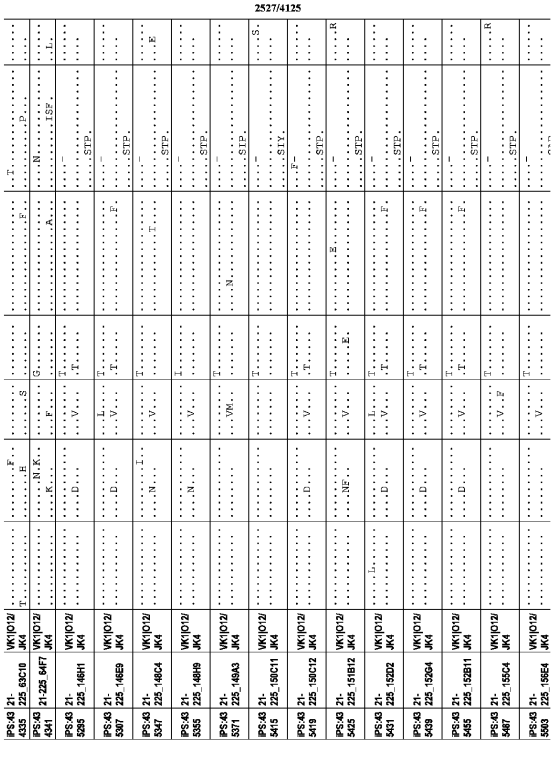
【図５２－１１】



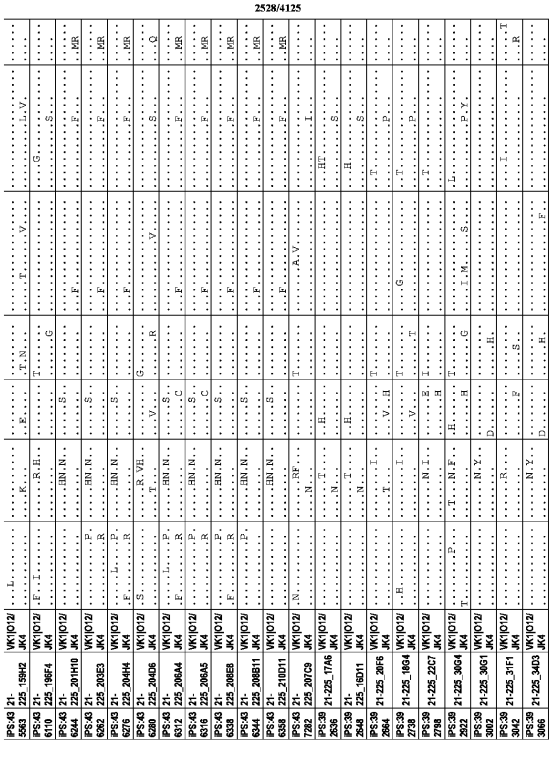
【図５２－１２】



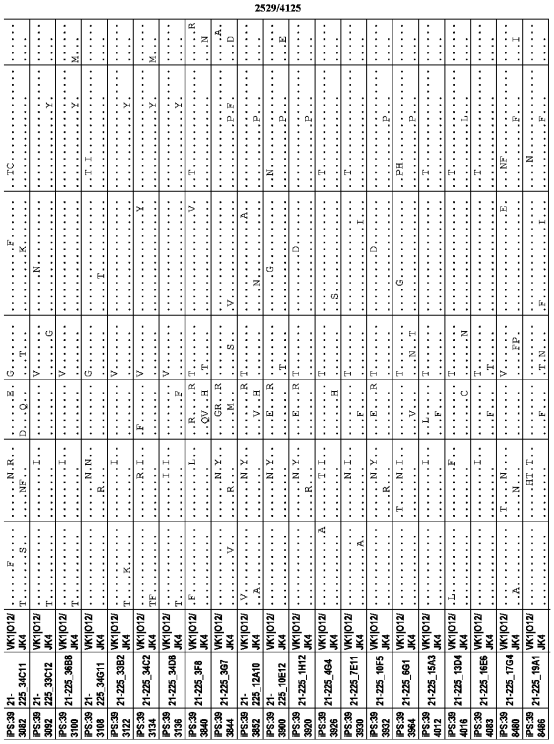
【図５２－１３】



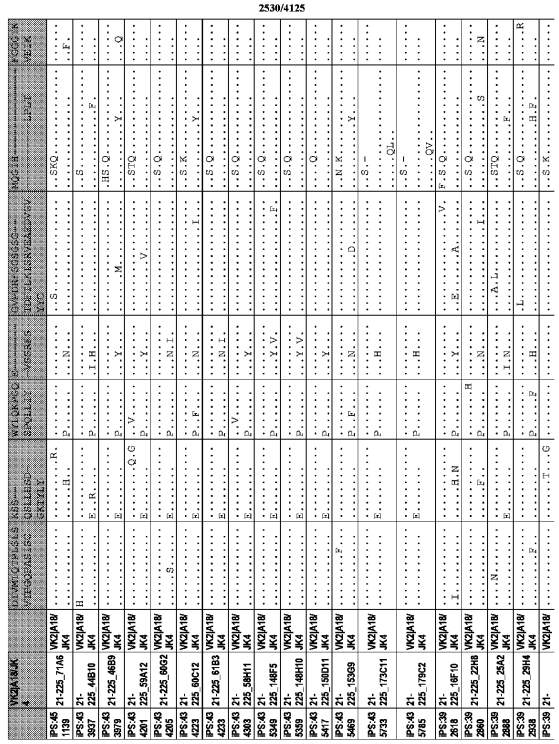
【図５２－１４】



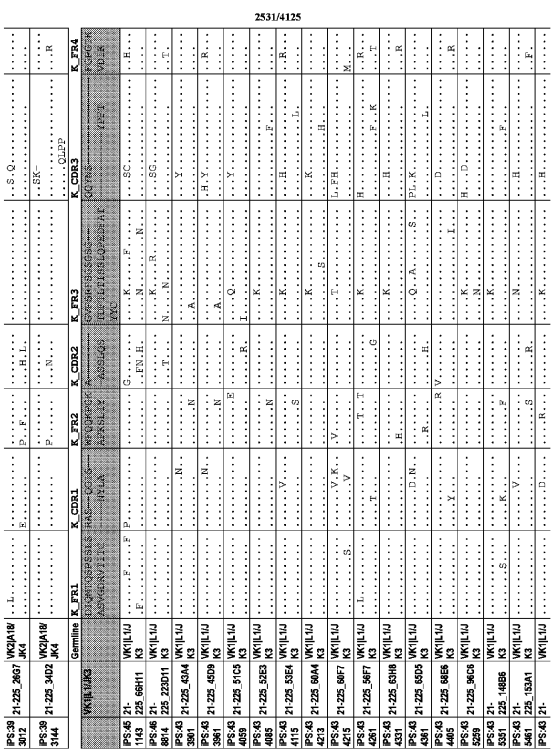
【図５２－１５】



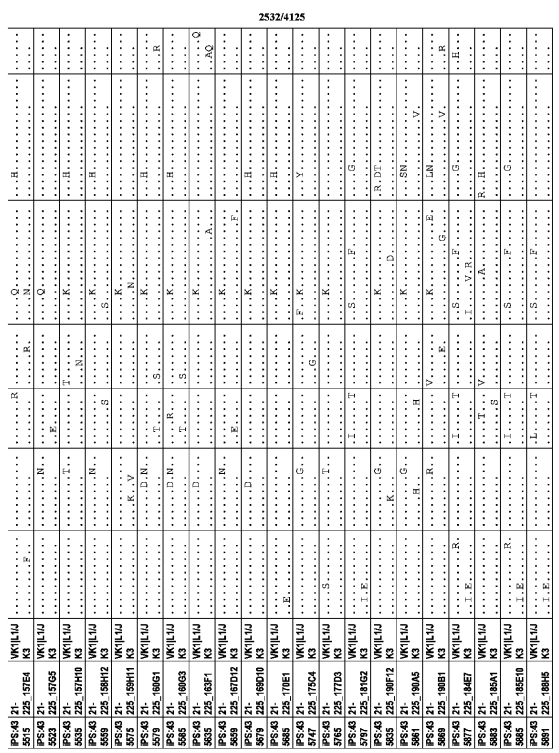
【図５２－１６】



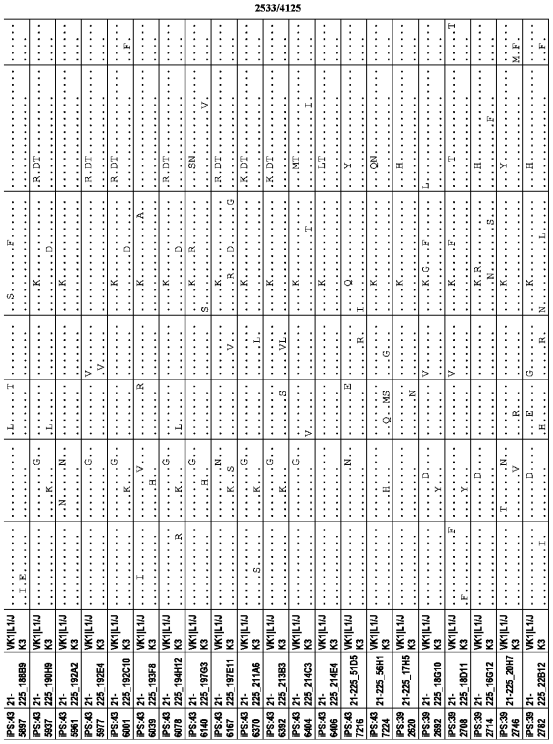
【図５２－１７】



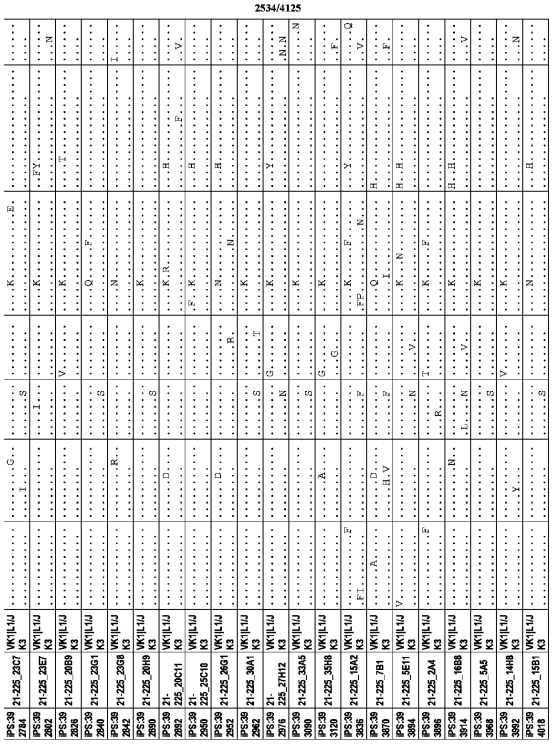
【図５２－１８】



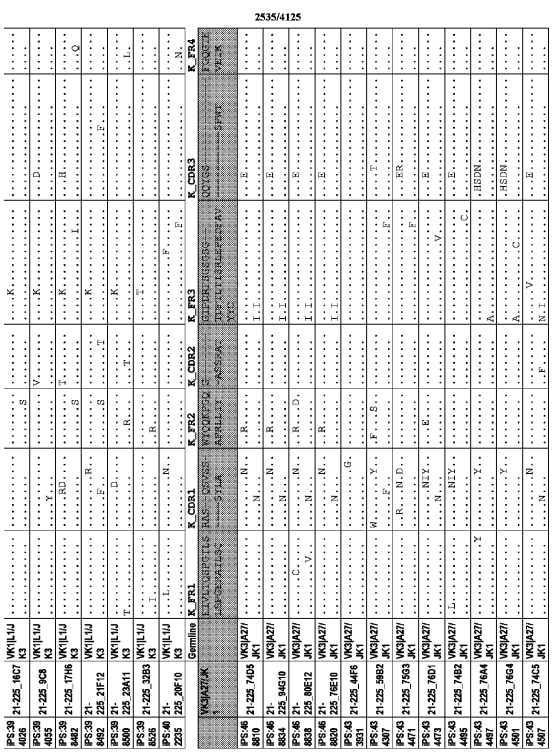
【図５２－１９】



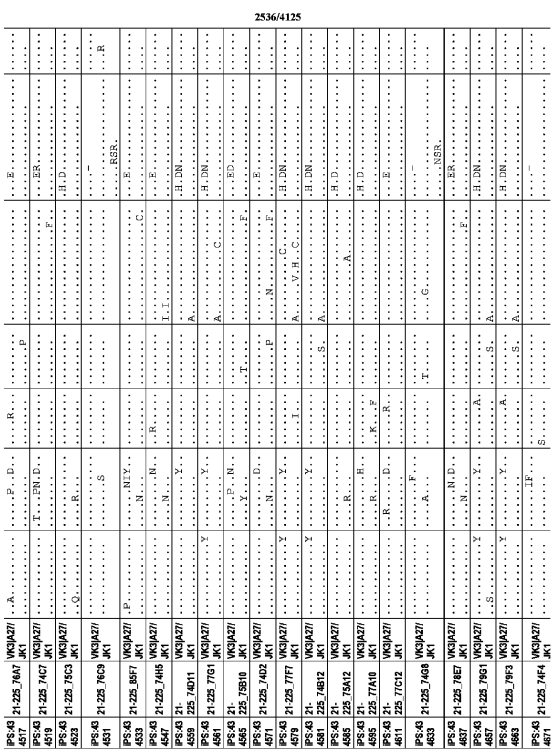
【図５２－２０】



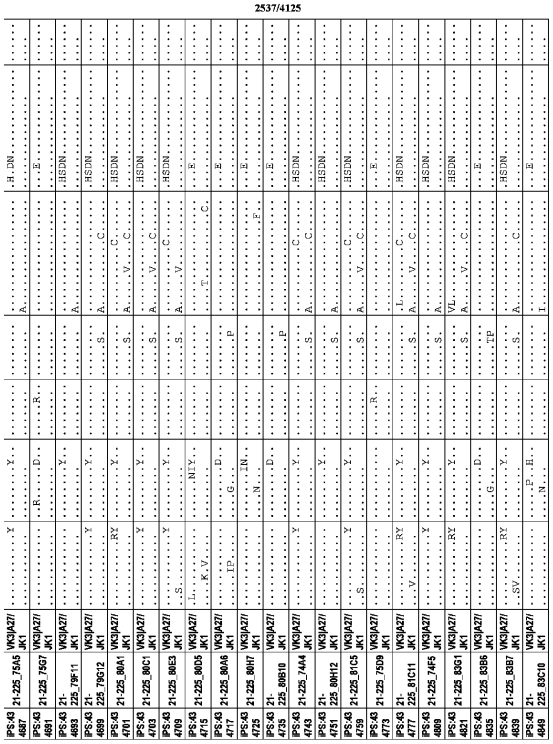
【図５２－２１】



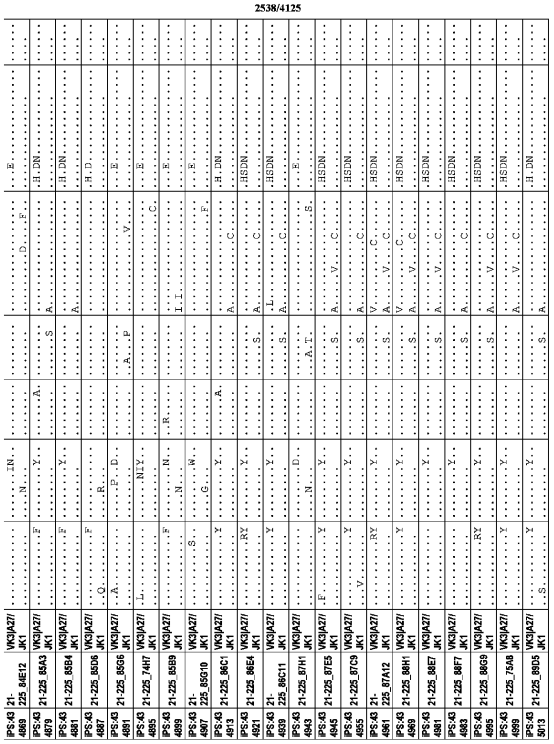
【図５２－２２】



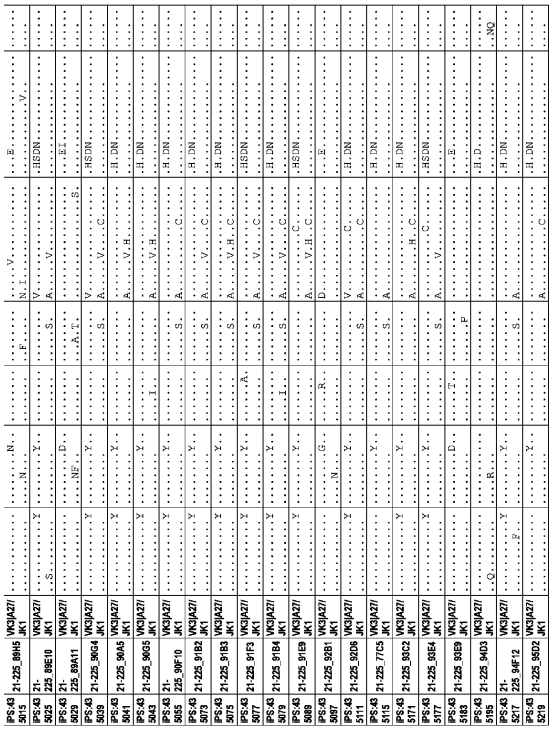
【図５２－２３】



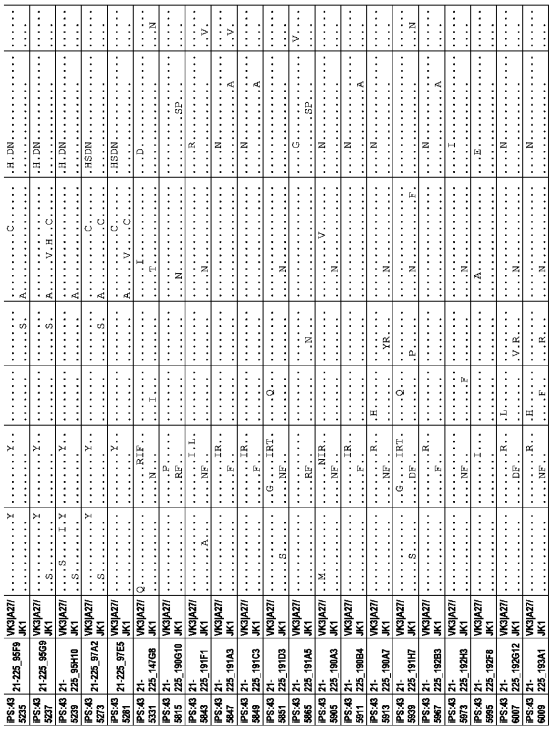
【図５２－２４】



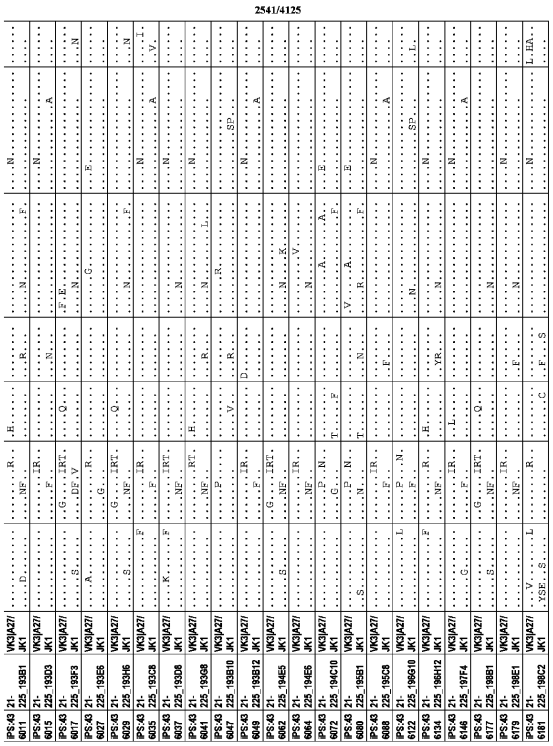
【図５２－２５】



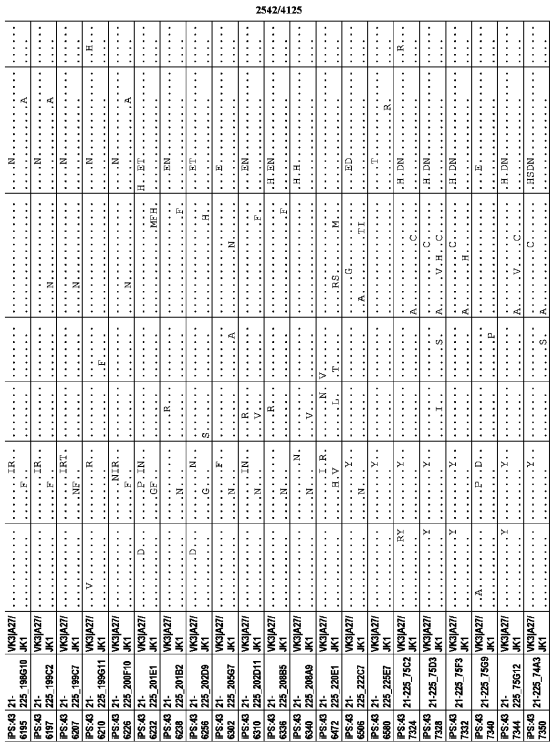
【図５２－２６】



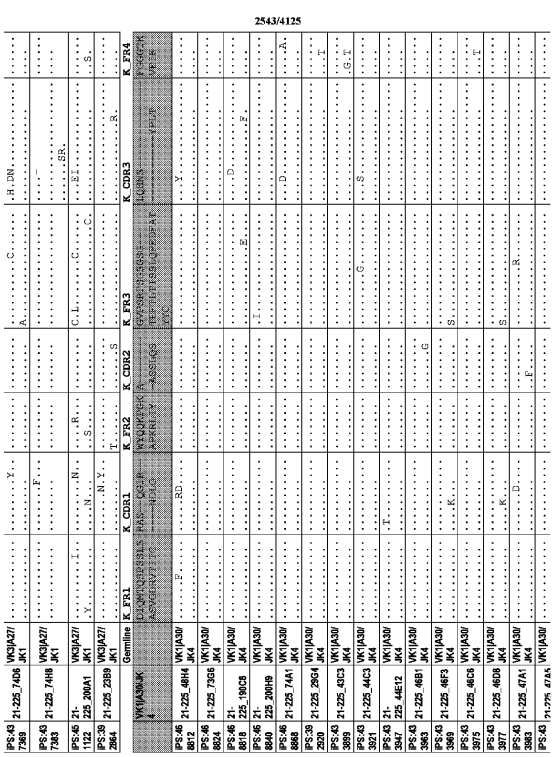
【図５２－２７】



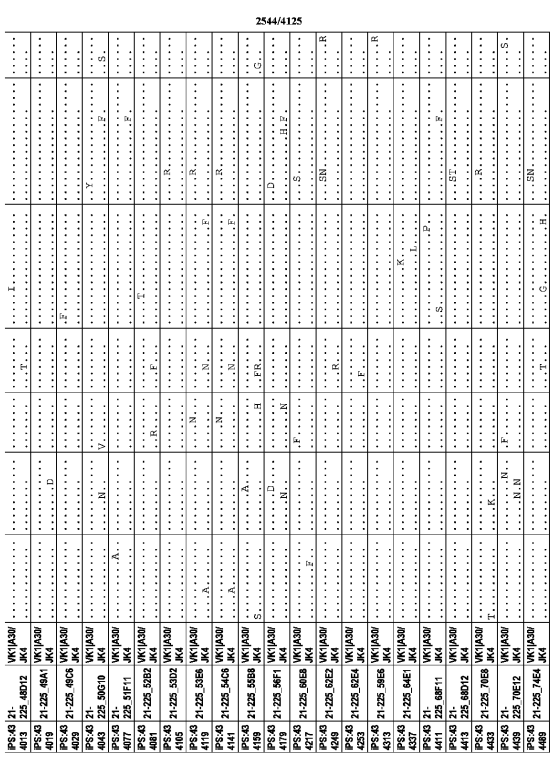
【図５２－２８】



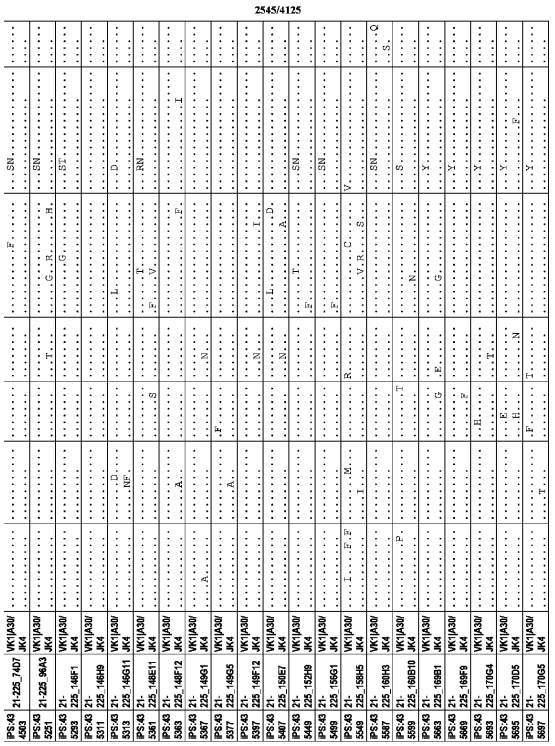
【図５２－２９】



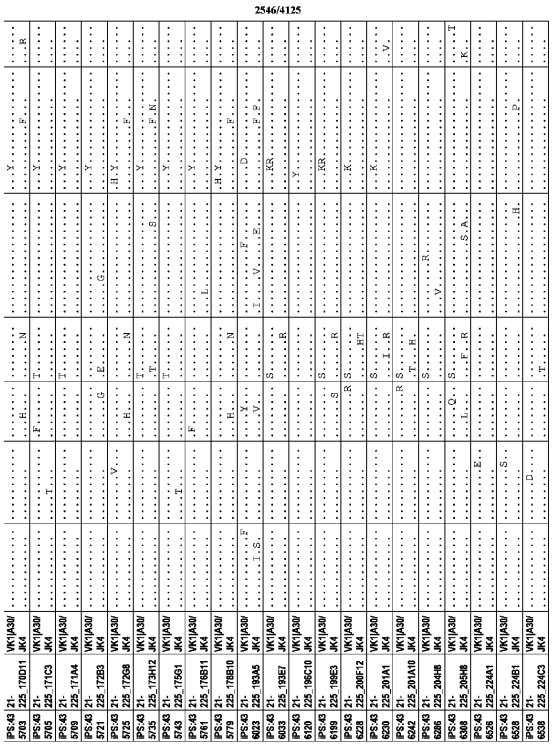
【図５２－３０】



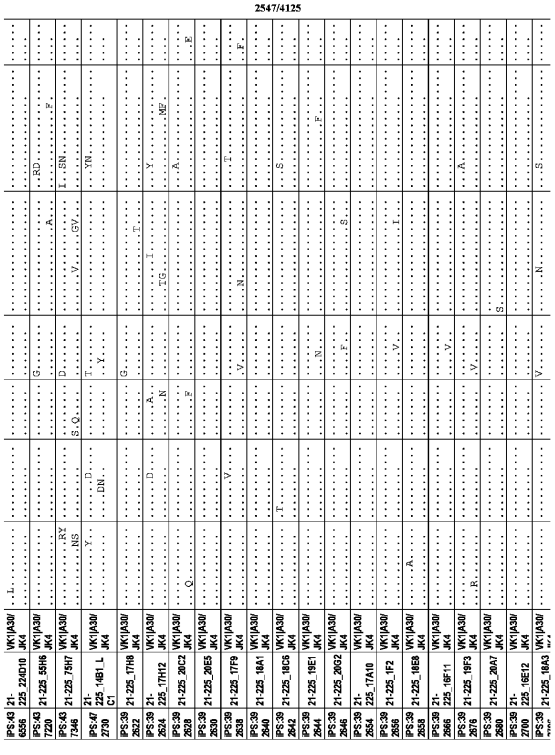
【図５２－３１】



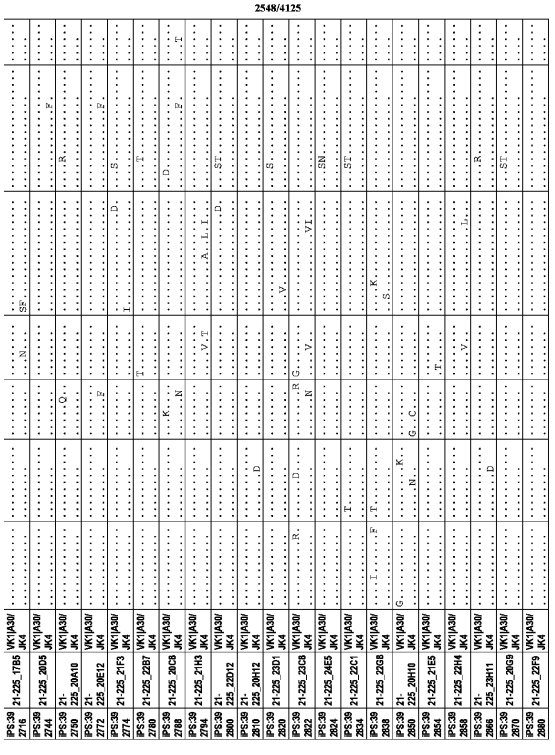
【図５２－３２】



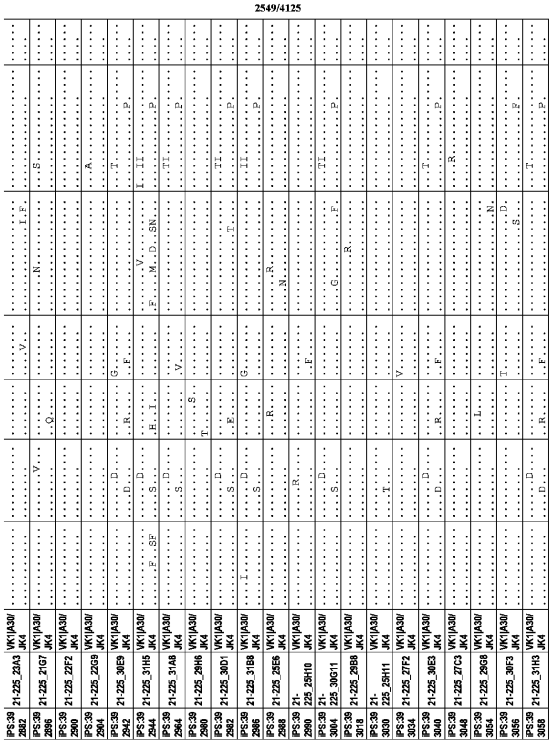
【図５２－３３】



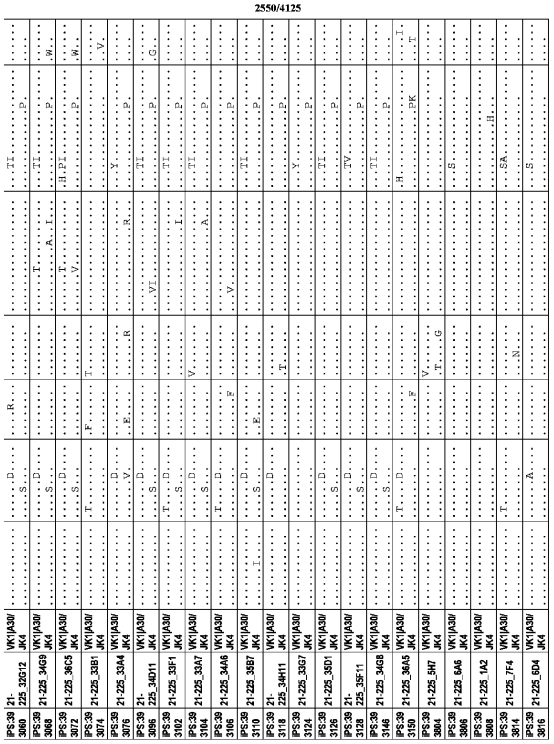
【図５２－３４】



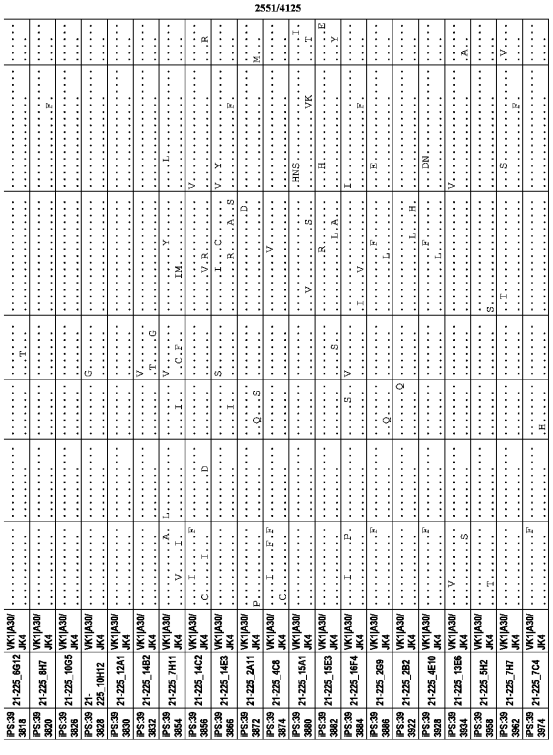
【図５２－３５】



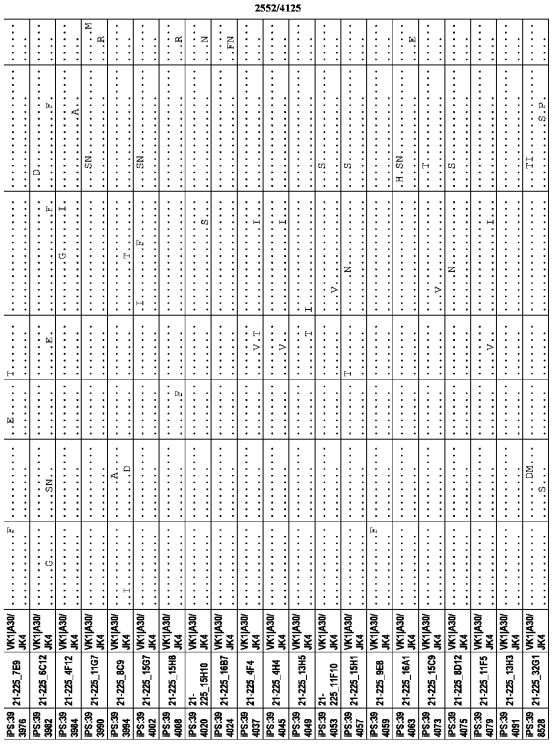
【図５２－３６】



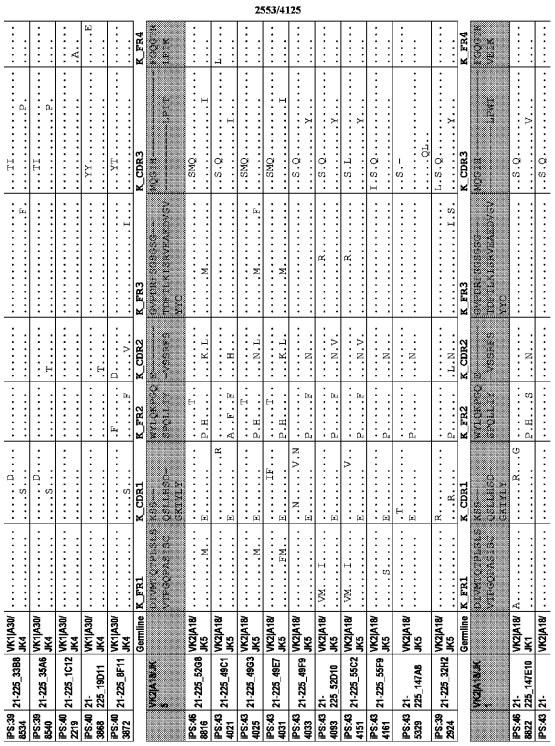
【図５２－３７】



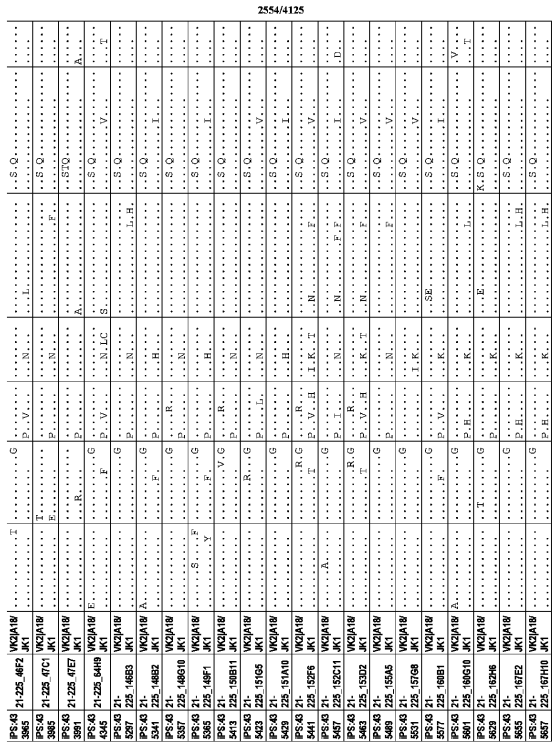
【図５２－３８】



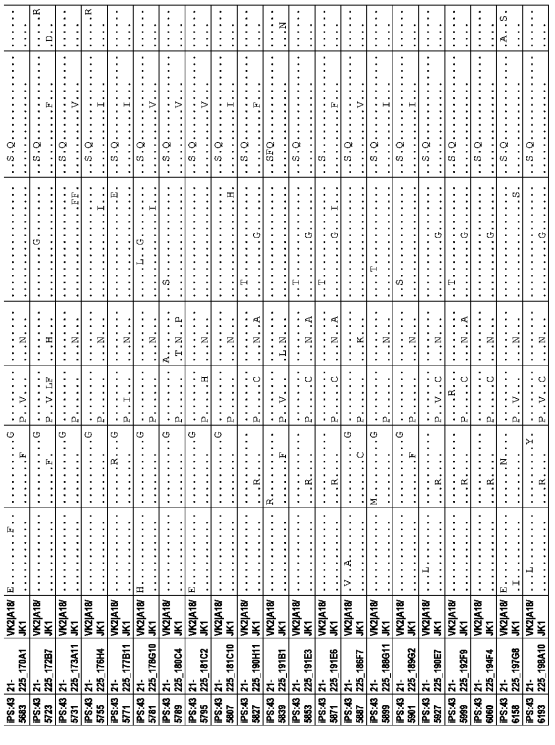
【図５２－３９】



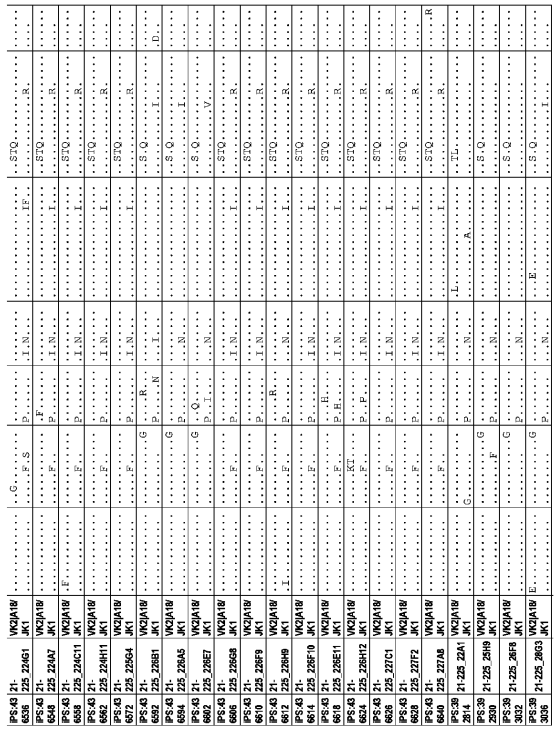
【図５２－４０】



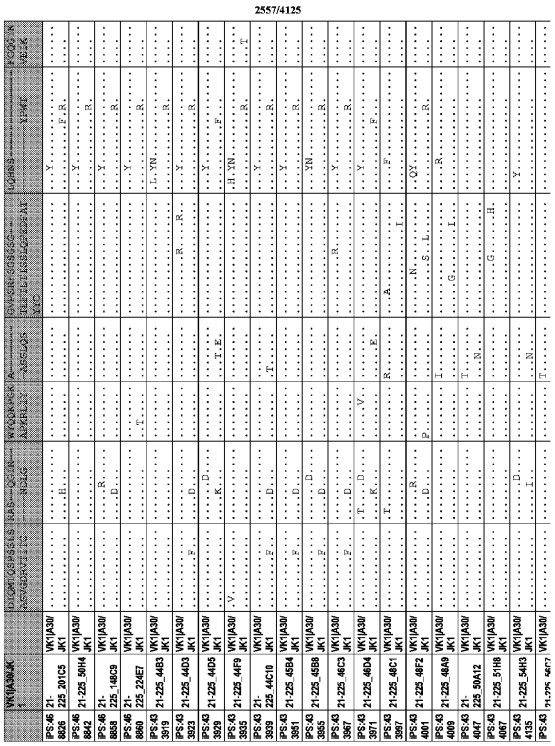
【図５２－４１】



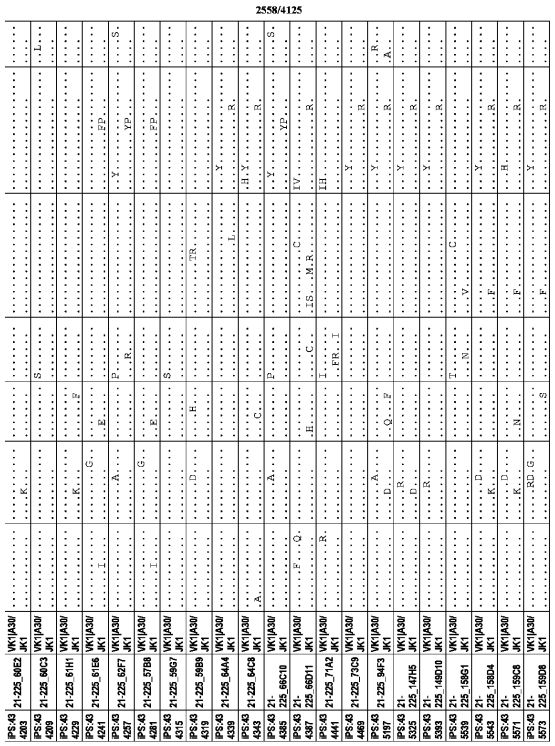
【図５２－４２】



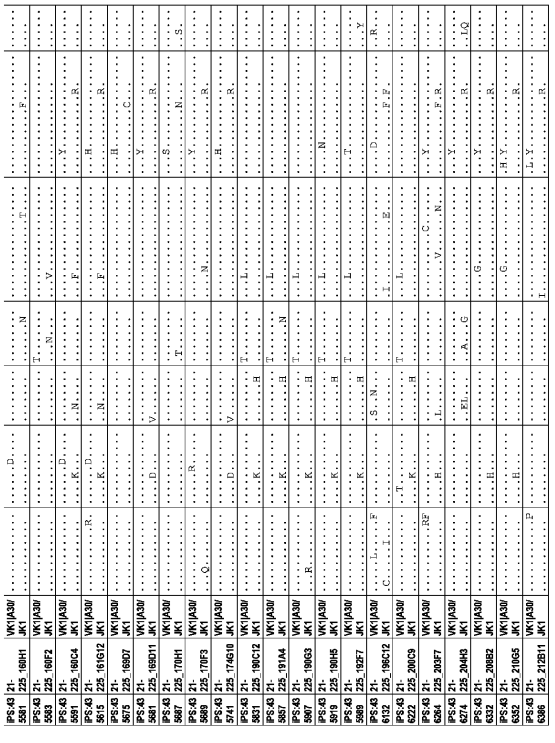
【図５２－４３】



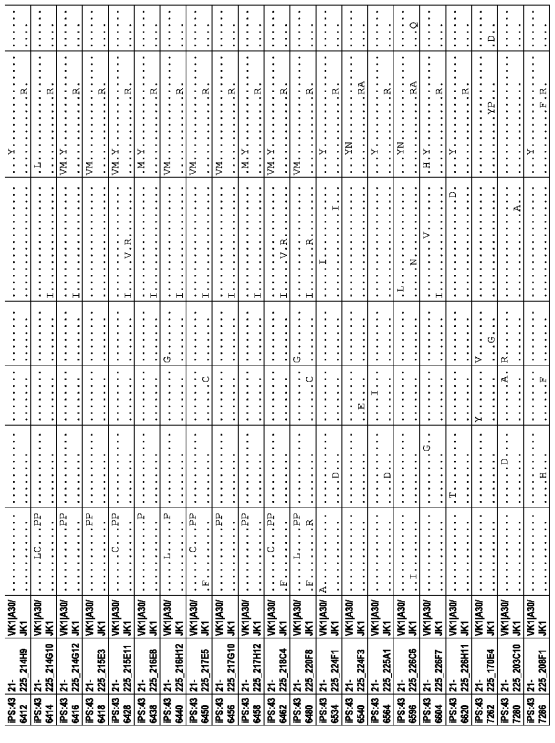
【図５２－４４】



【図５２－４５】



【図５２－４６】



10

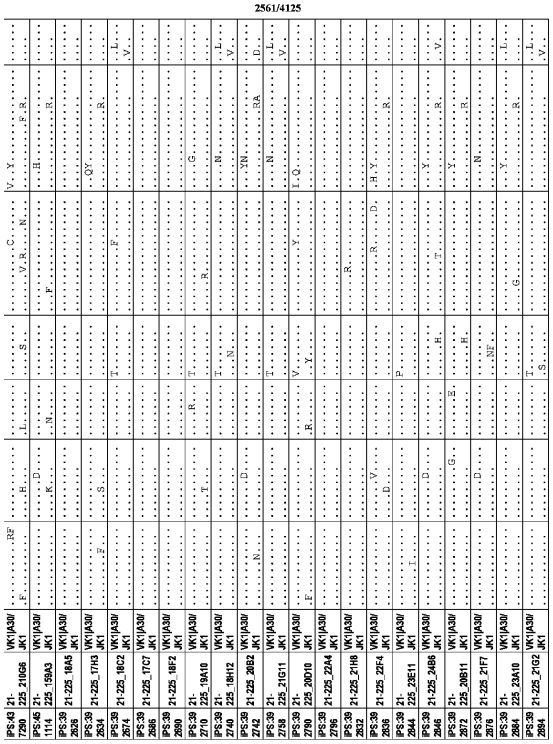
20

30

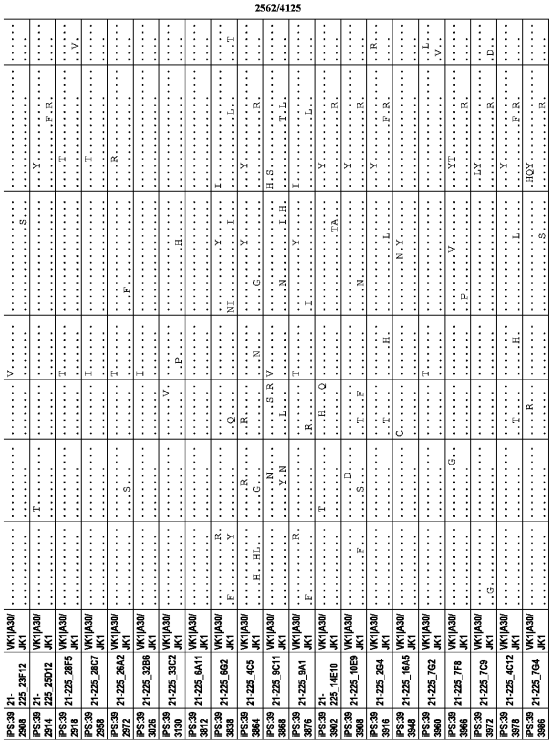
40

50

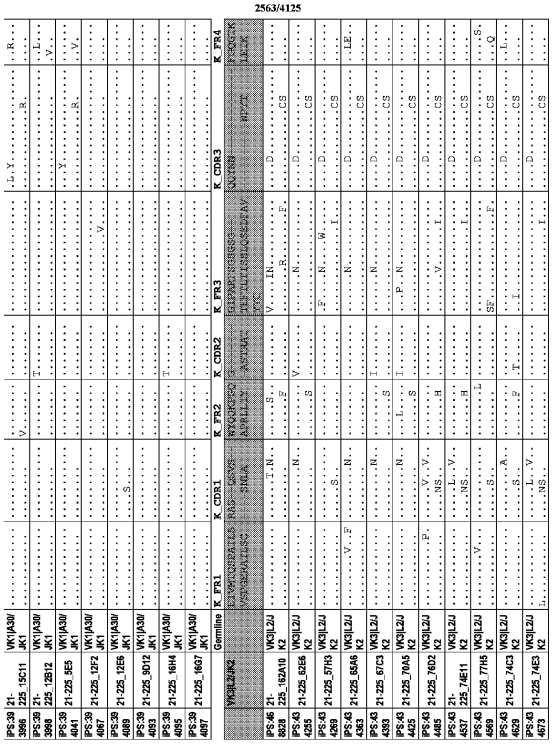
【図５２－４７】



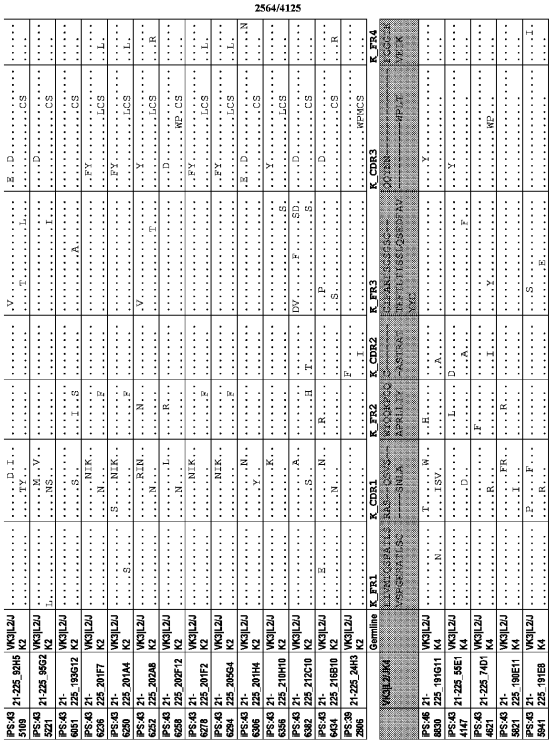
【図５２－４８】



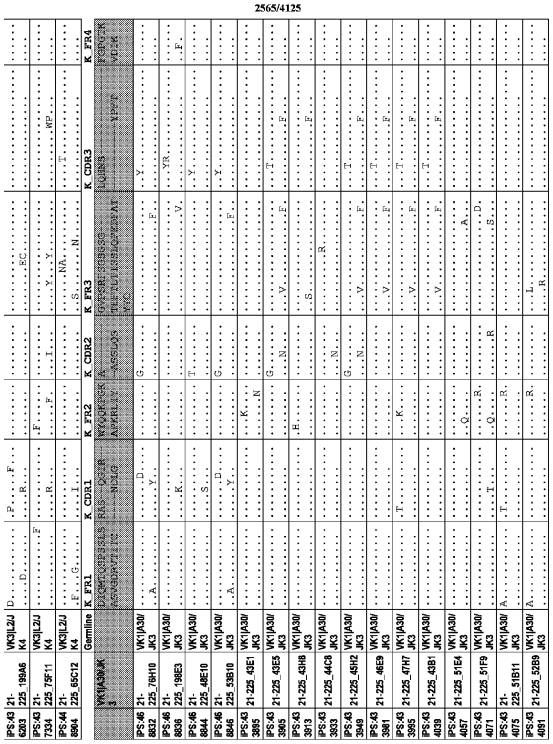
【図５２－４９】



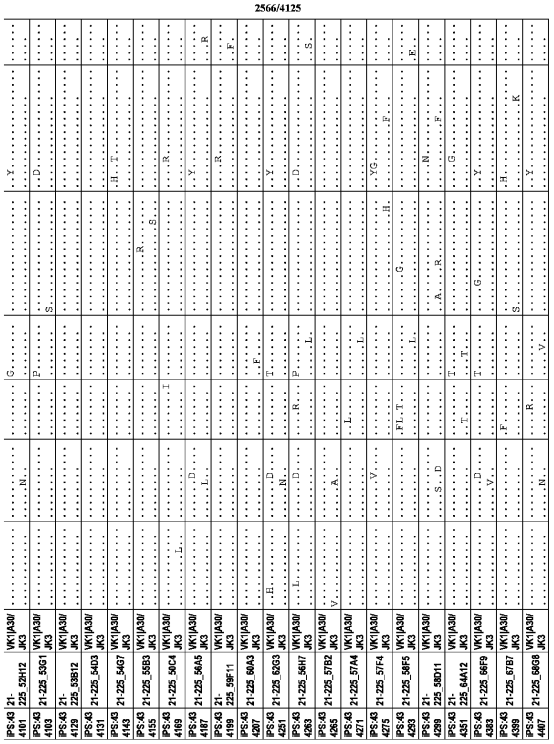
【図５２－５０】



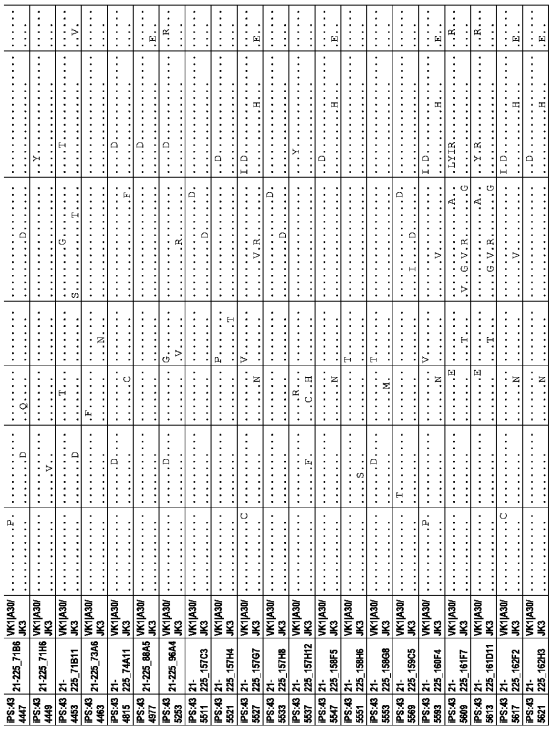
【図５２－５１】



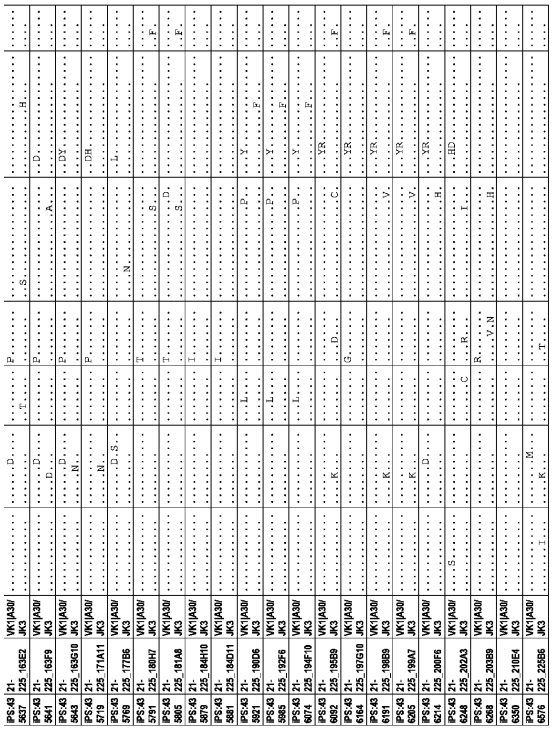
【図５２－５２】



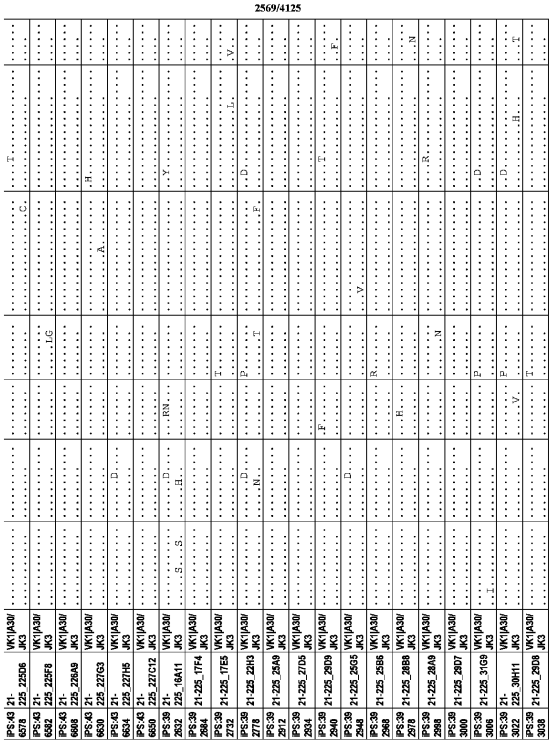
【図５２－５３】



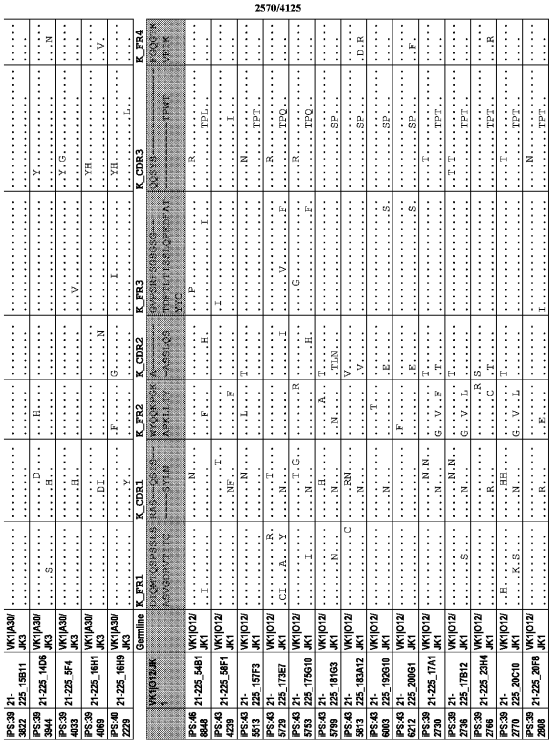
【図５２－５４】



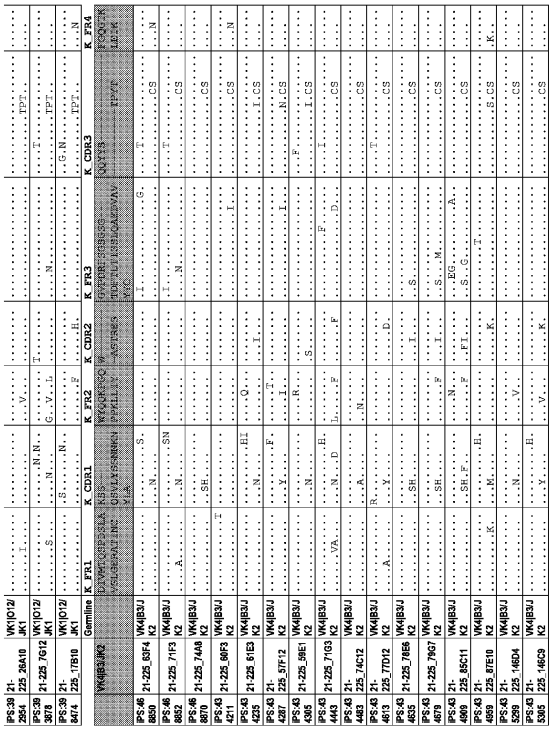
【図５２－５５】



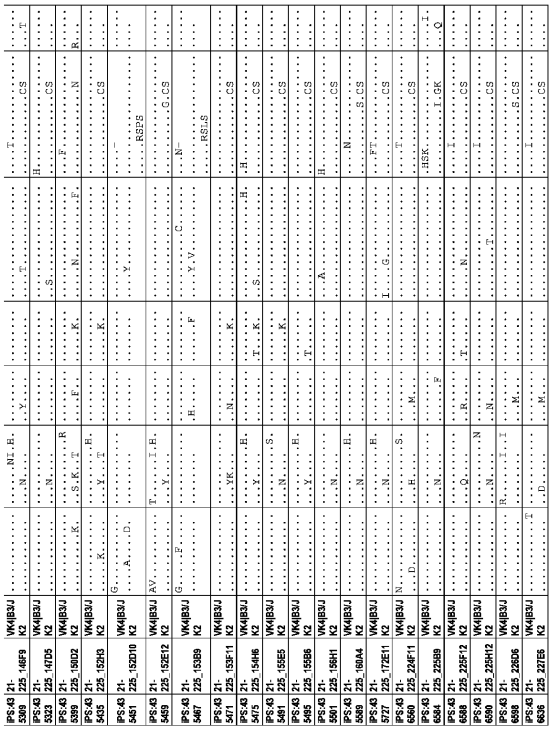
【図５２－５６】



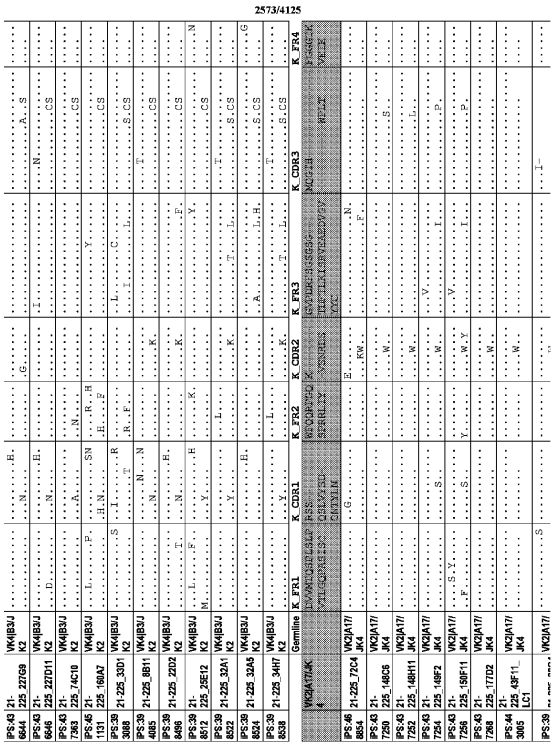
【図５２－５７】



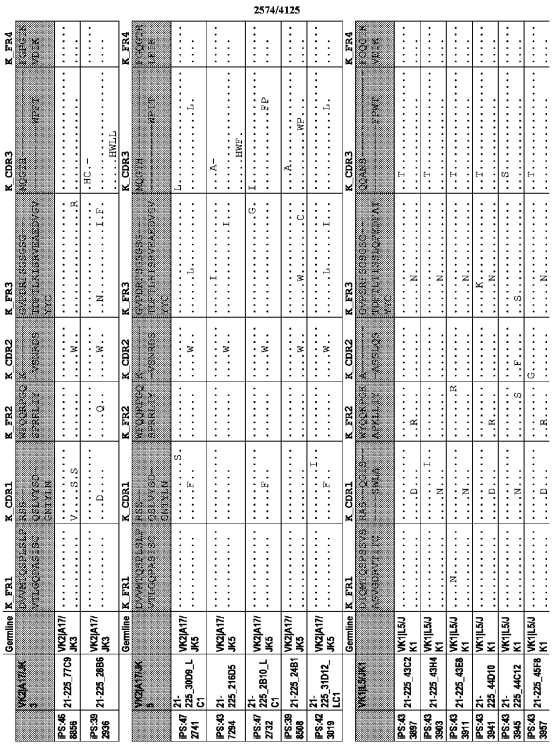
【図５２－５８】



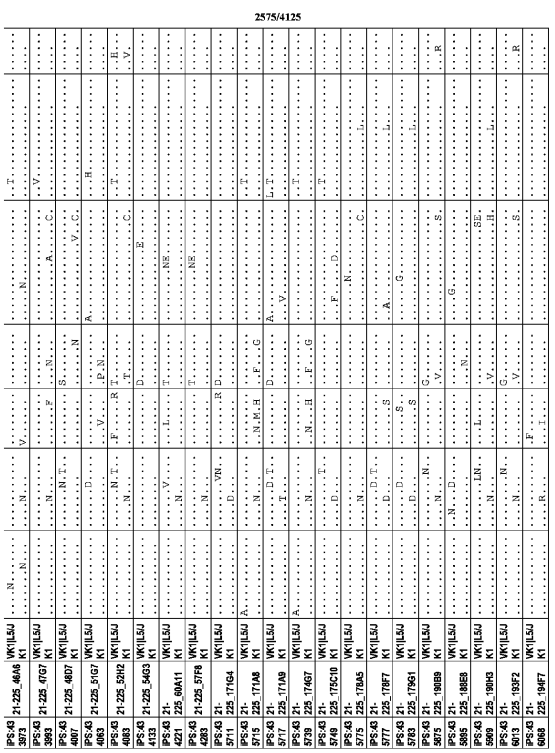
【図５２－５９】



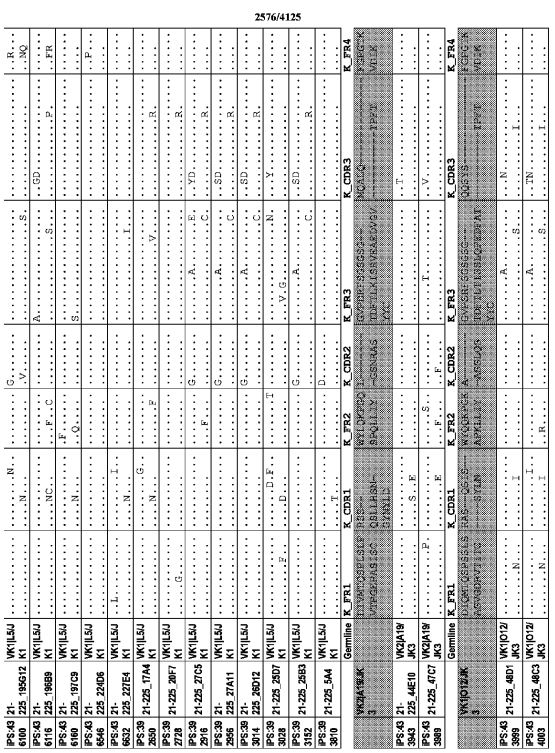
【図５２－６０】



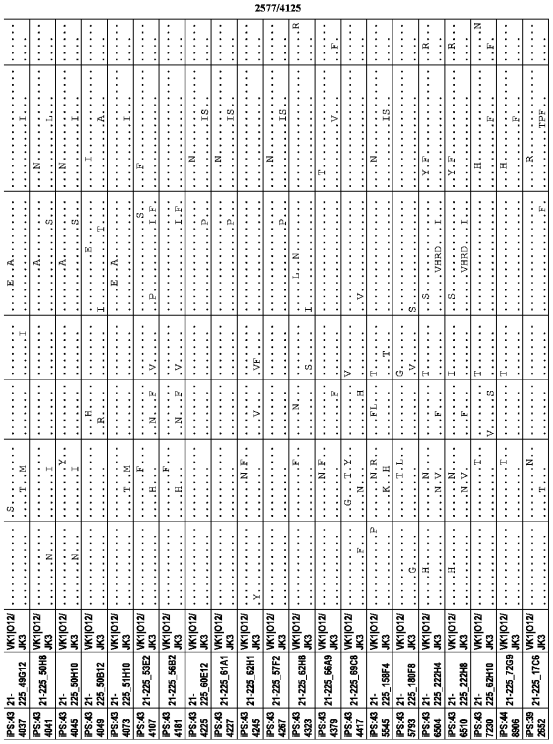
【図５２－６１】



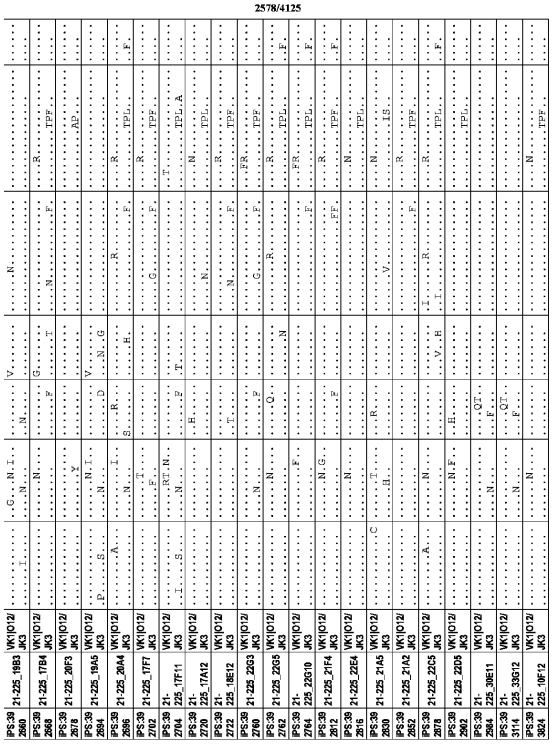
【図５２－６２】



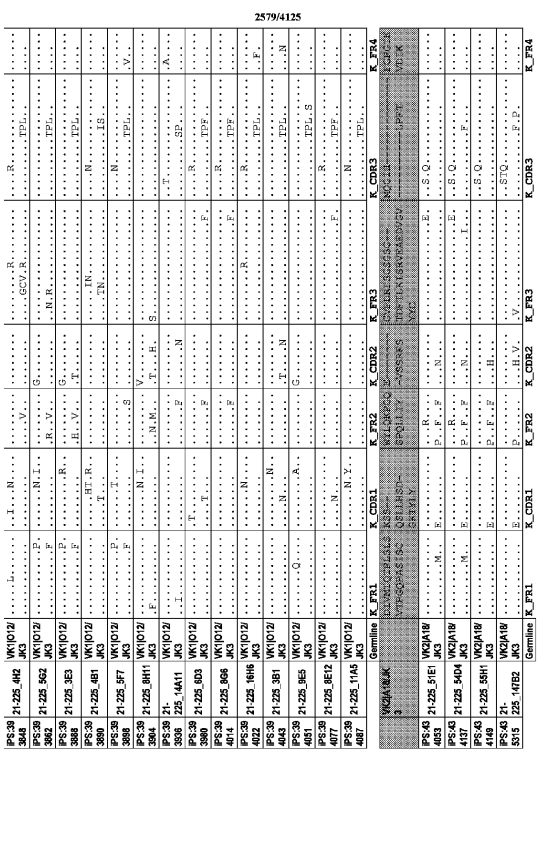
【図５２－６３】



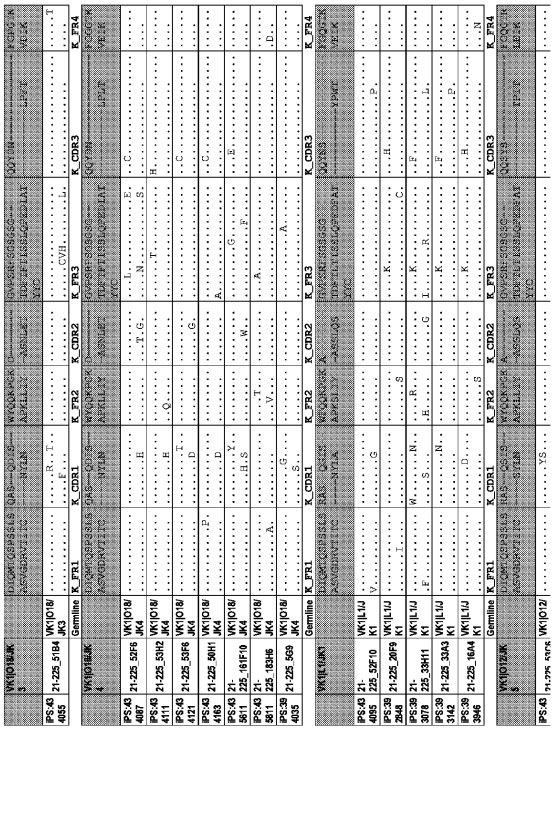
【図５２－６４】



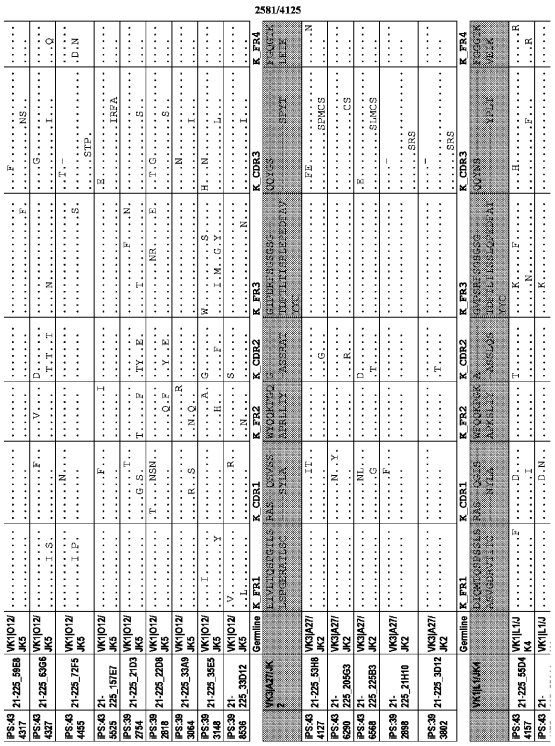
【図５２－６５】



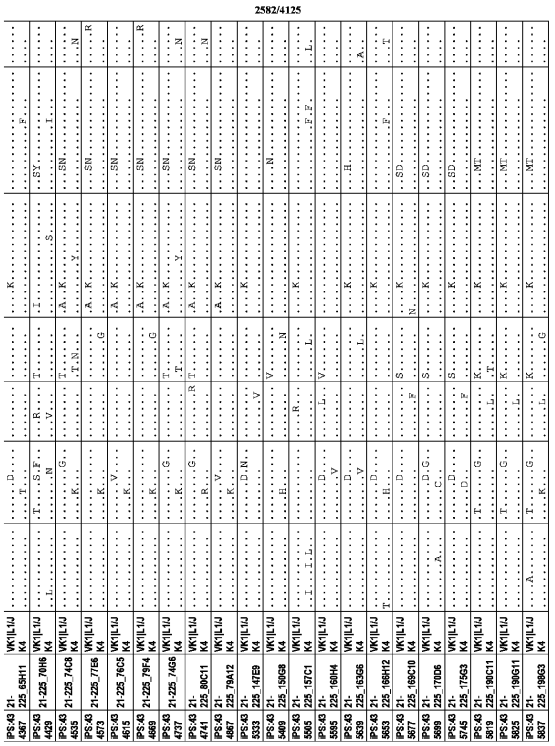
【図５２－６６】



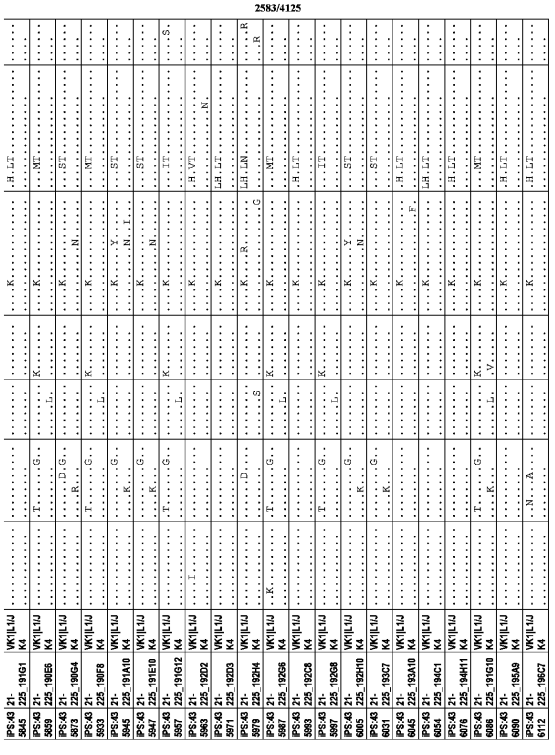
【図５２－６７】



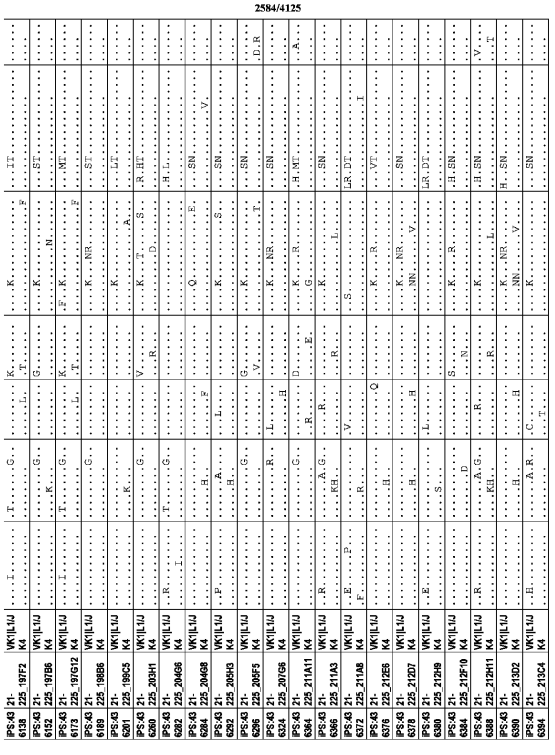
【図５２－６８】



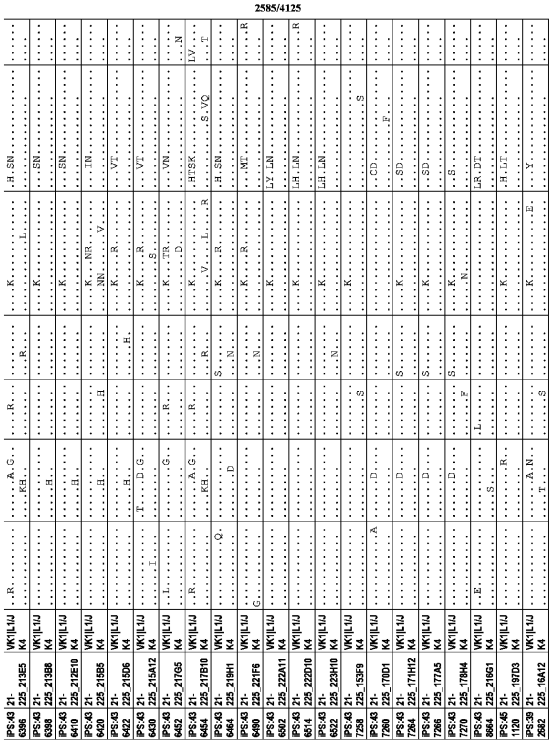
【図５２－６９】



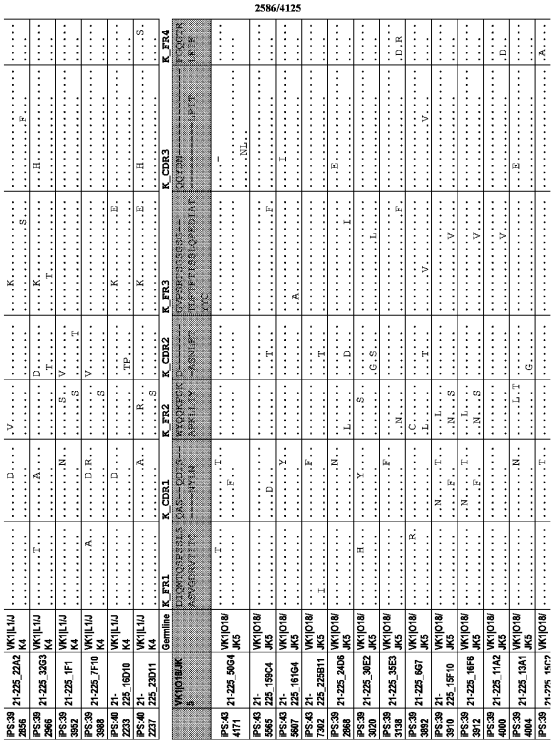
【図５２－７０】



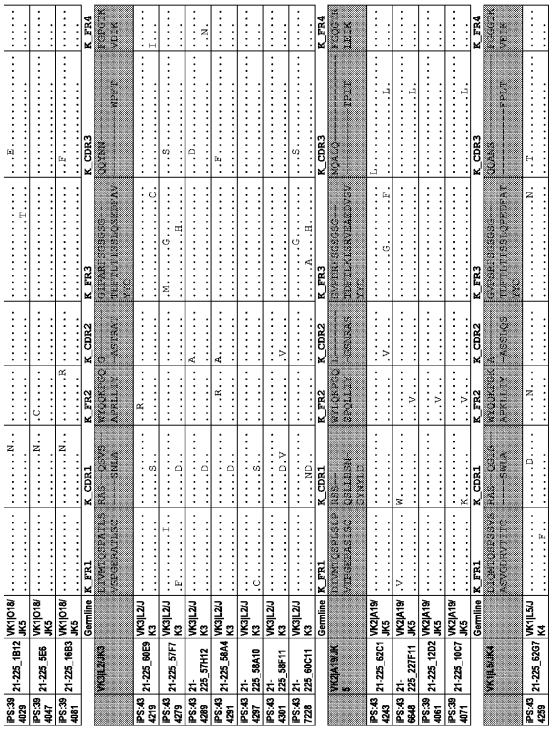
【図５２－７１】



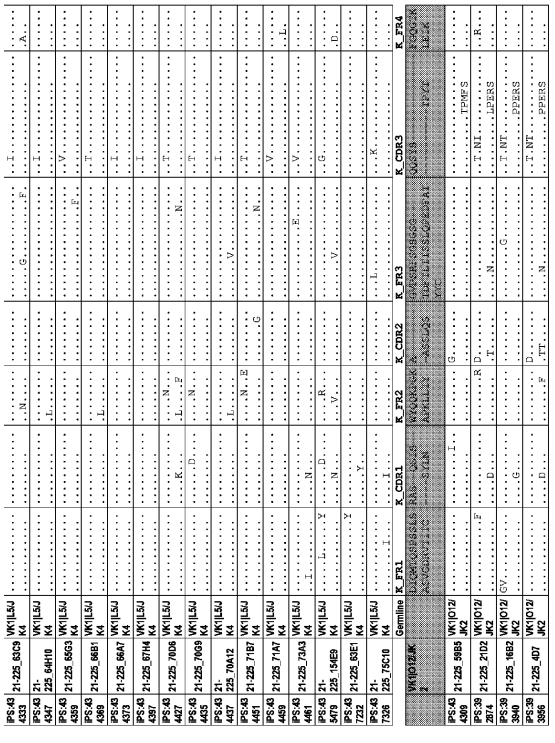
【図５２－７２】



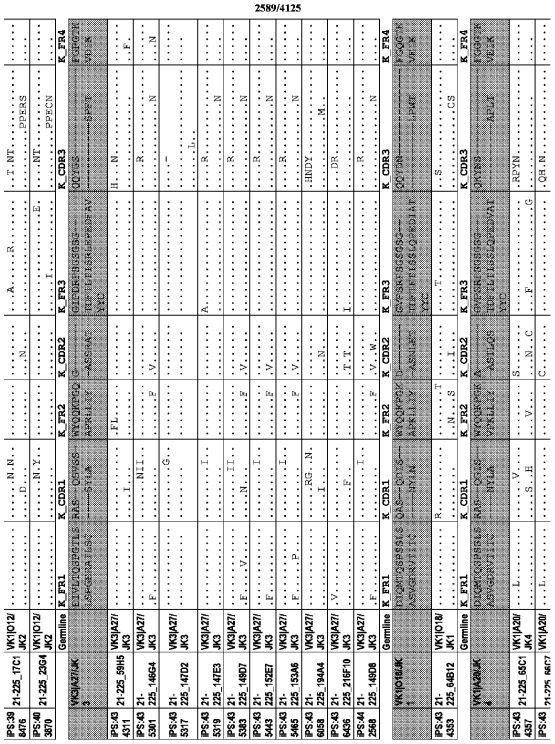
【図５２－７３】



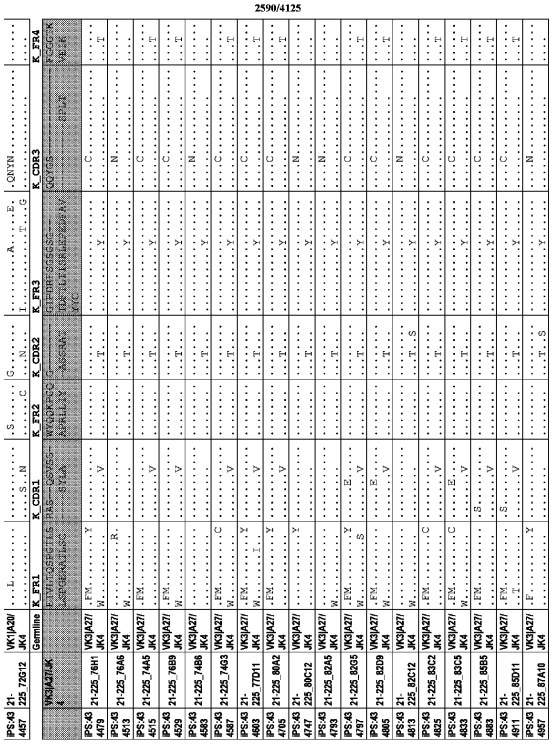
【図５２－７４】



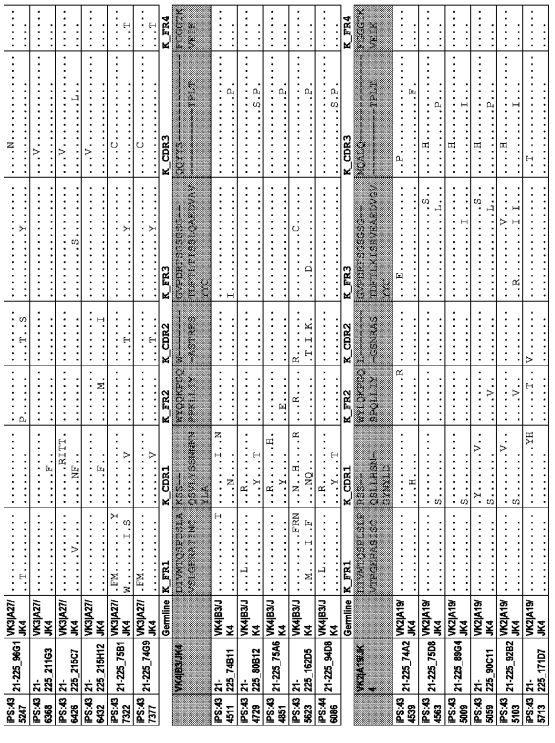
【図５２－７５】



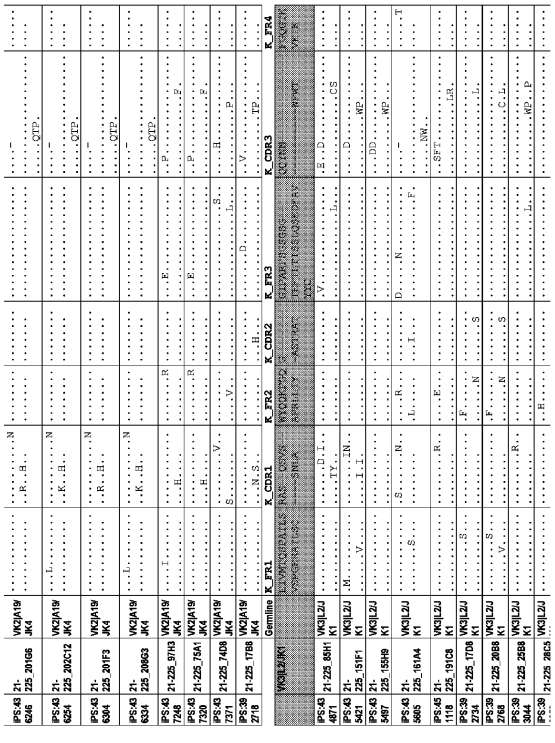
【図５２－７６】



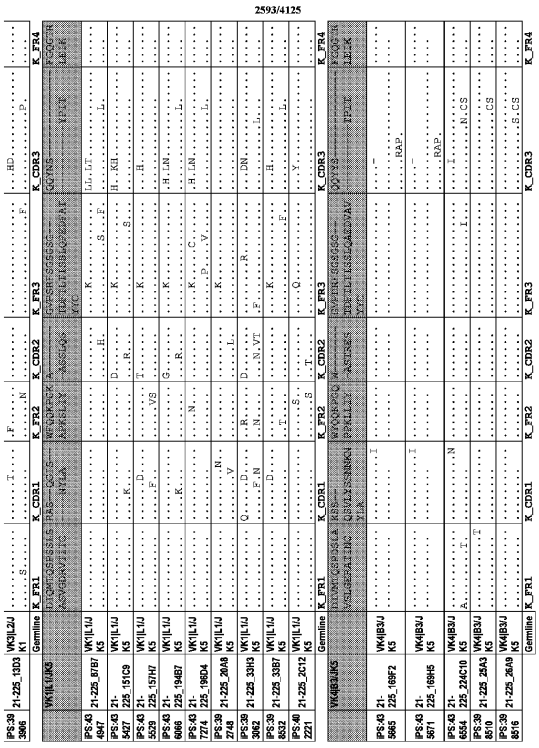
【図５２－７７】



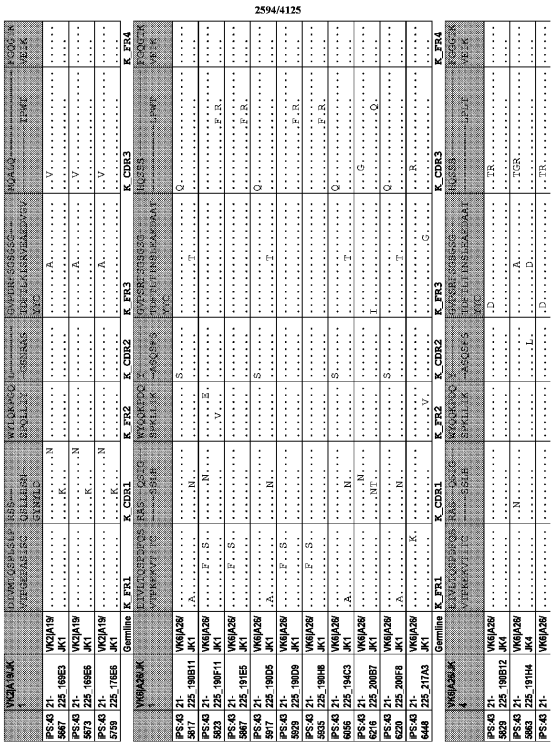
【図５２－７８】



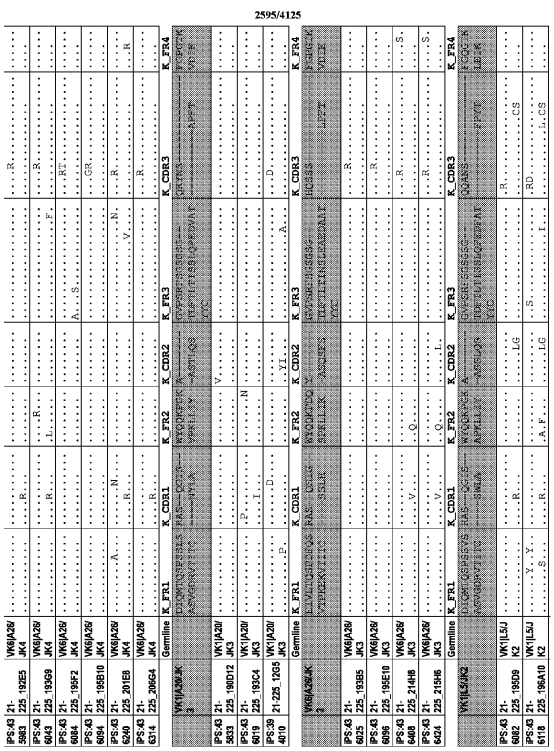
【図５２－７９】



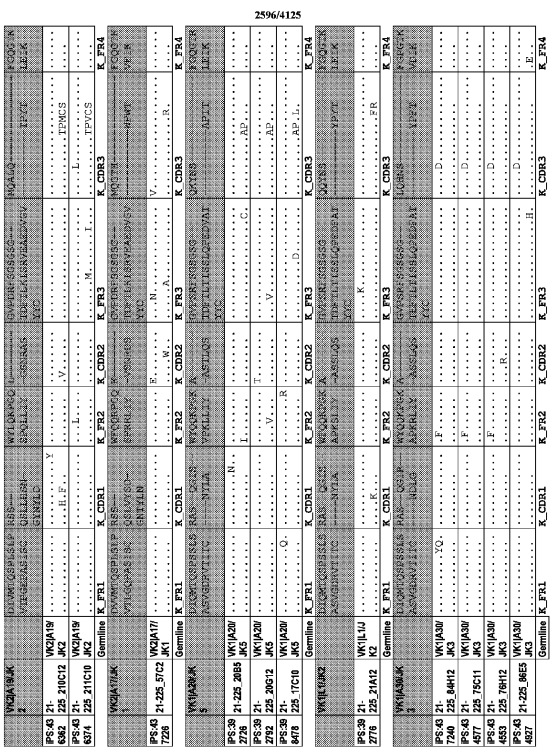
【図５２－８０】



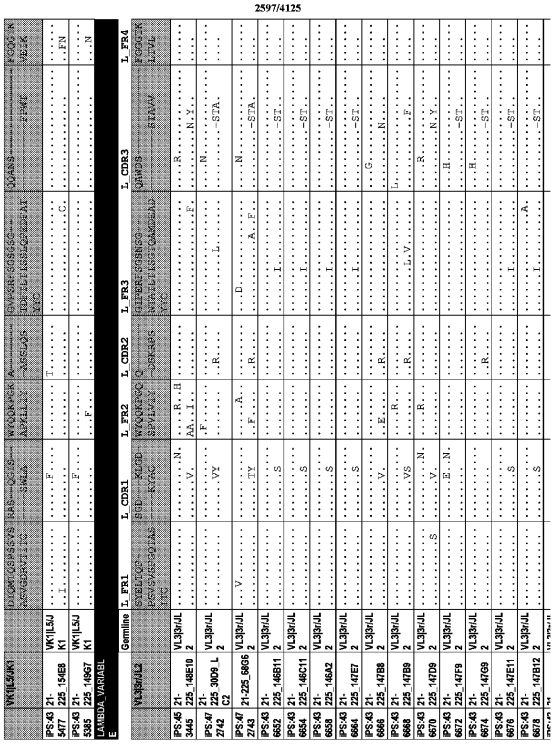
【図５２－８１】



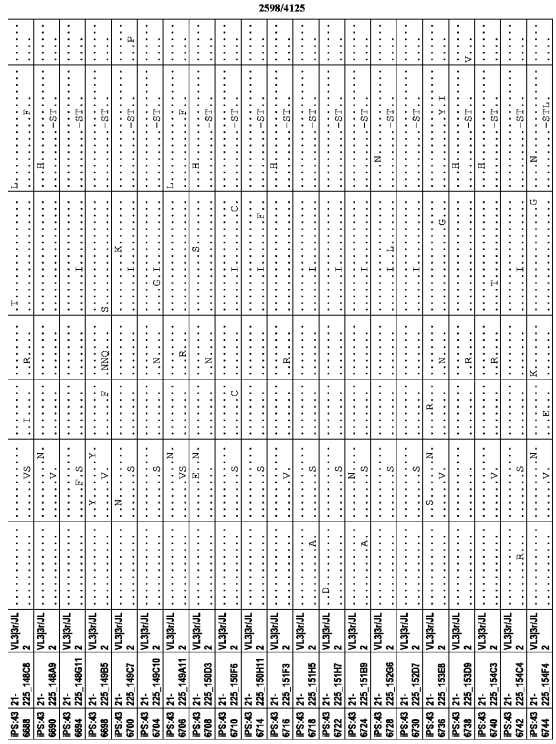
【図５２－８２】



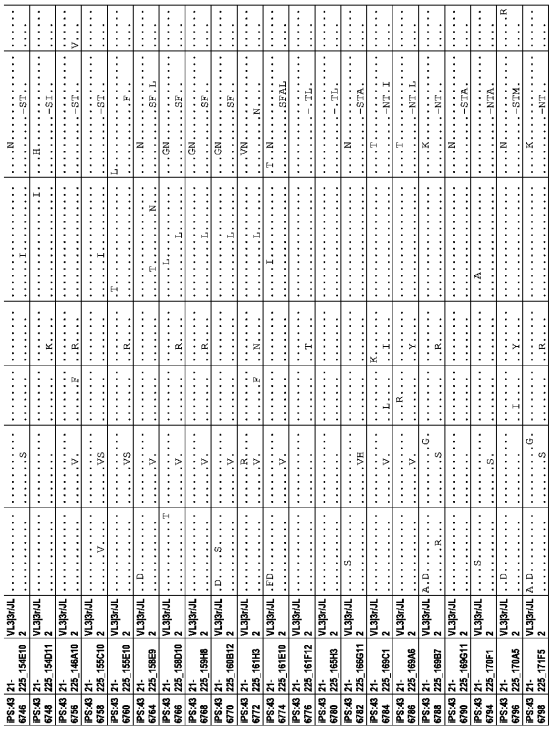
【図５２－８３】



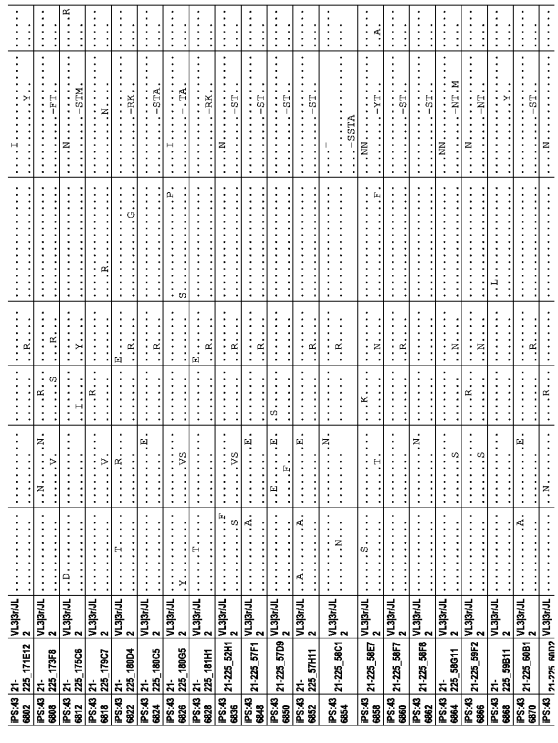
【図５２－８４】



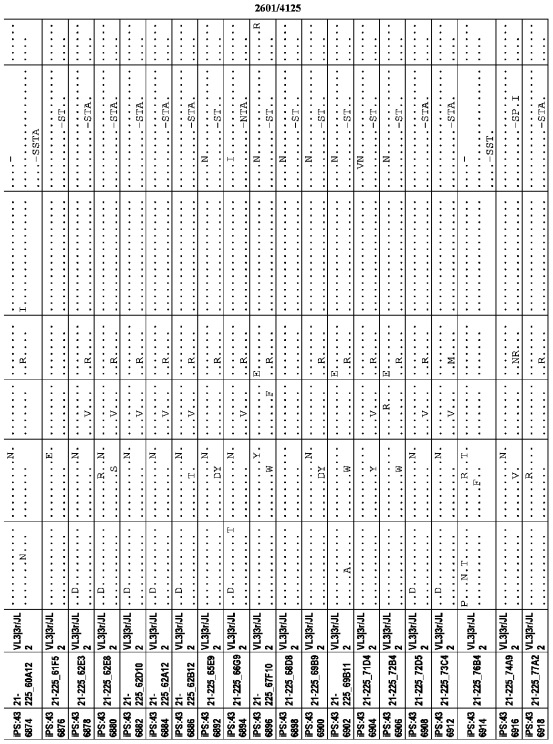
【図５２－８５】



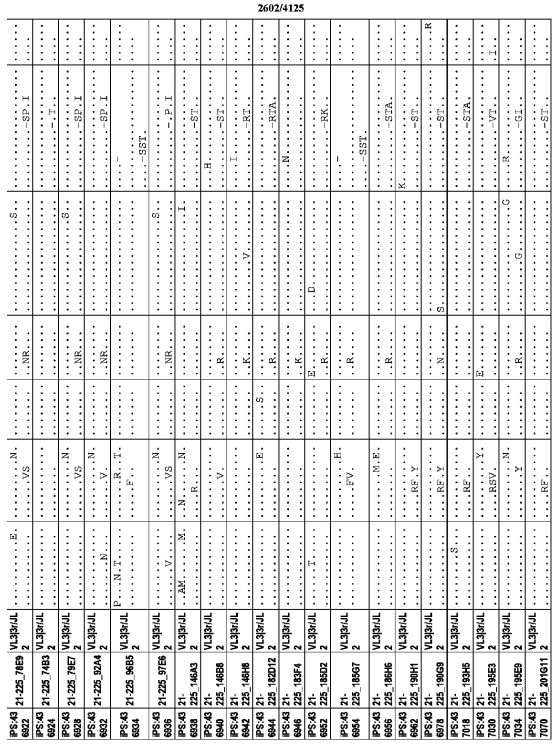
【図５２－８６】



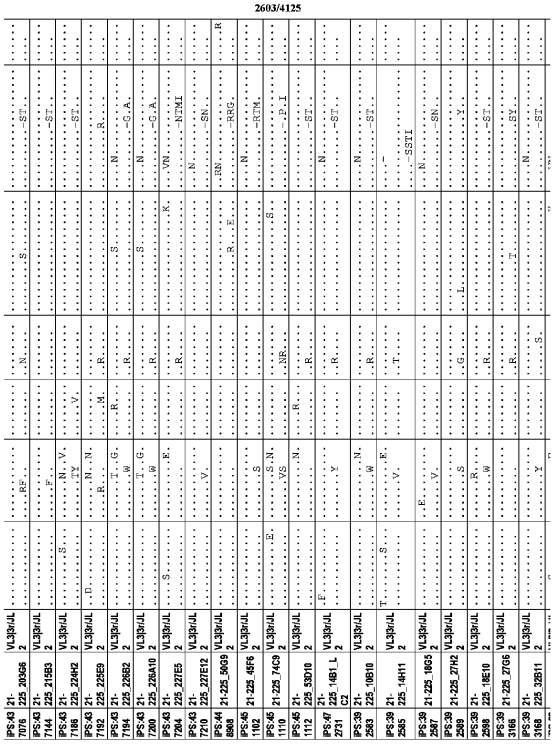
【図５２－８７】



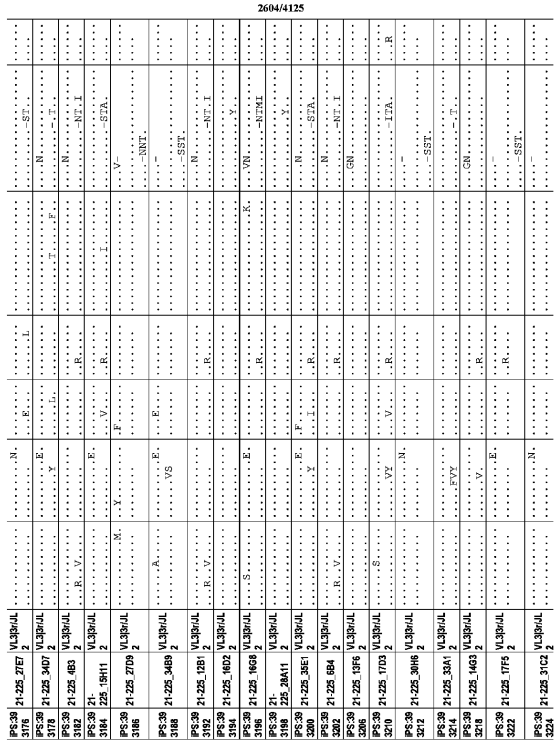
【図５２－８８】



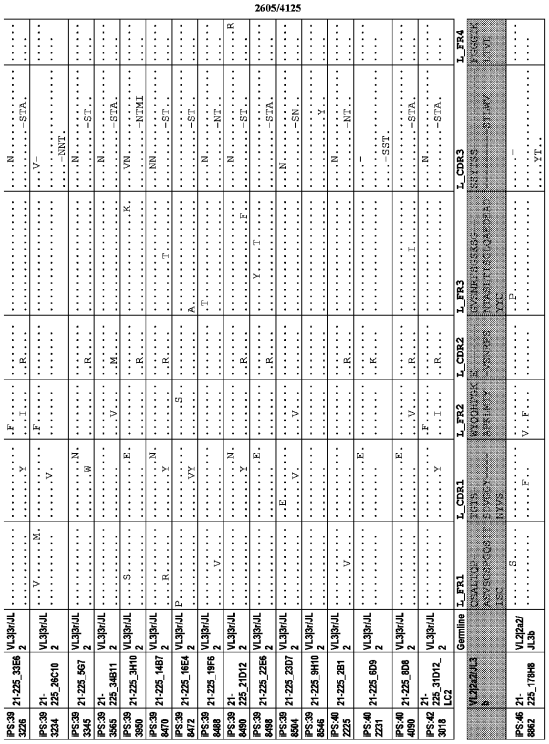
【図５２－８９】



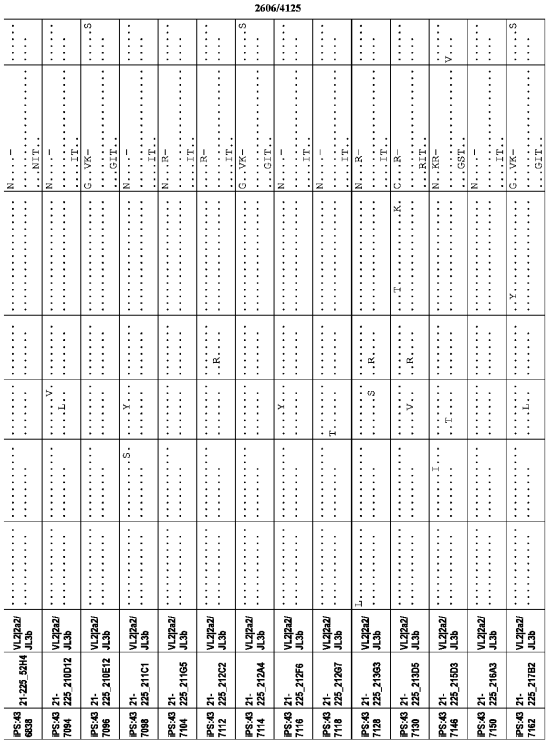
【図５２－９０】



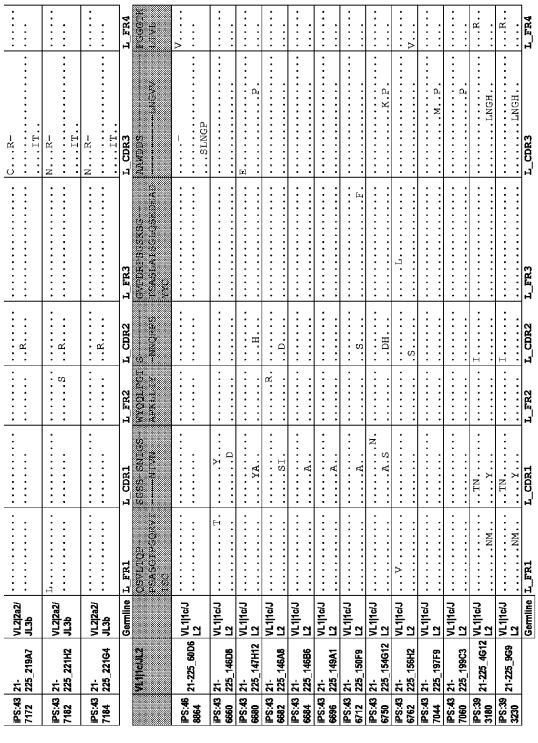
【図５２－９１】



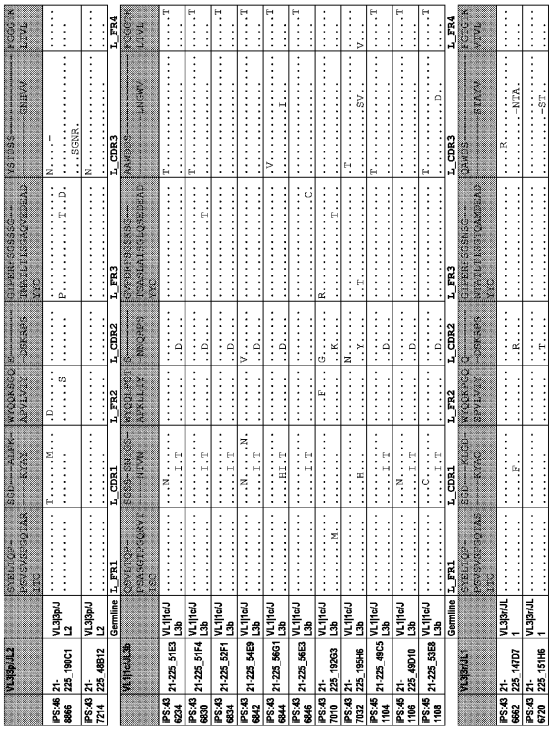
【図５２－９２】



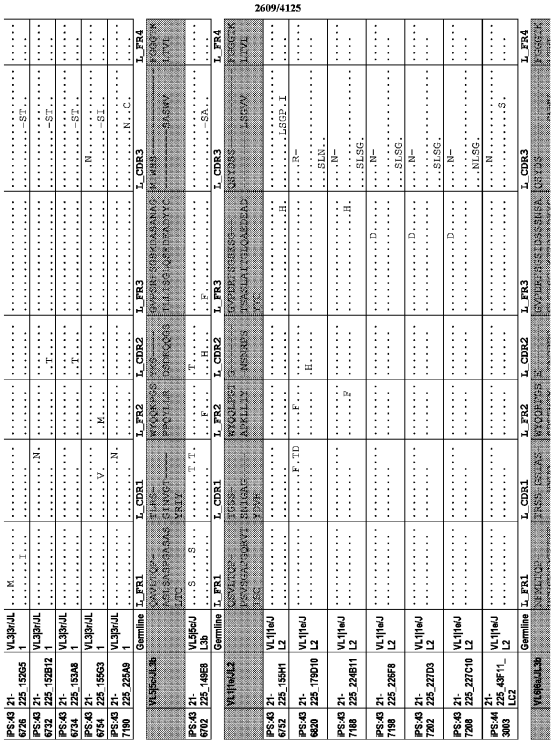
【図５２－９３】



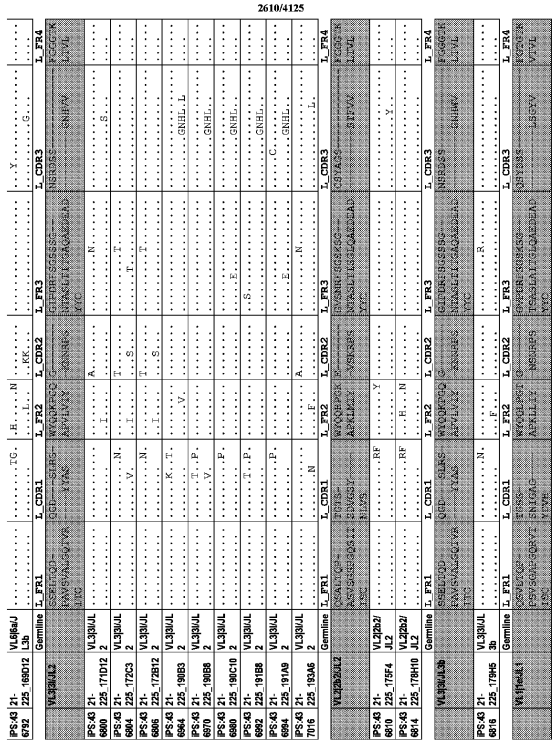
【図５２－９４】



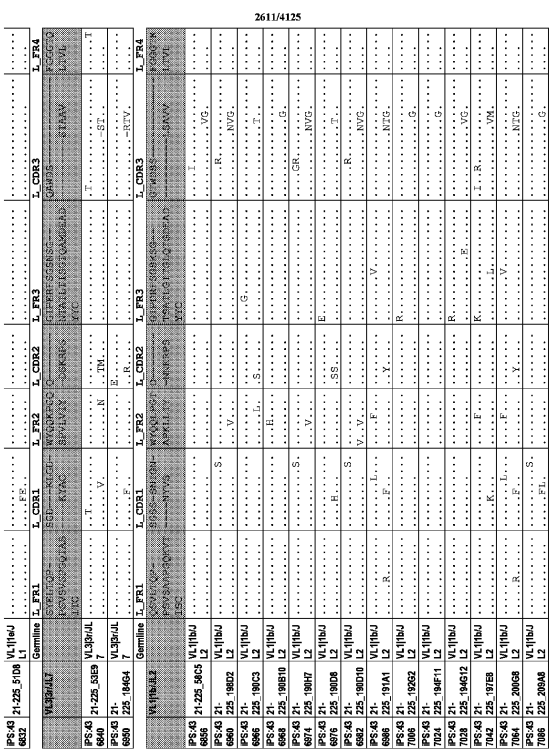
【図５２－９５】



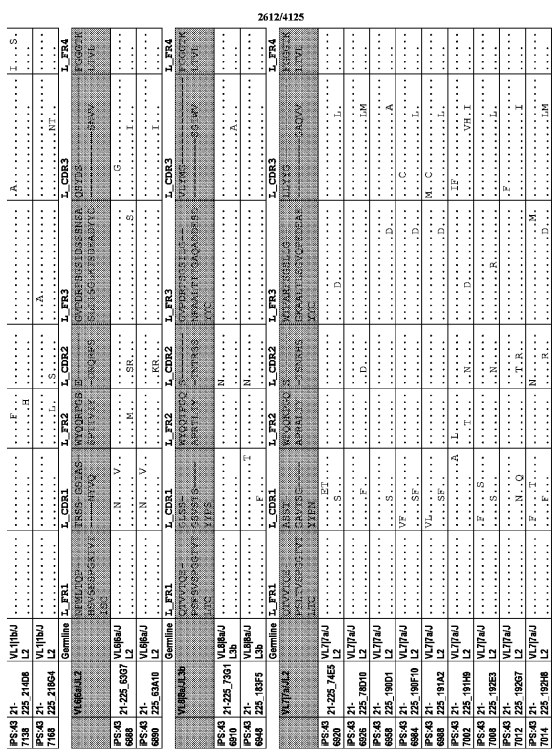
【図５２－９６】



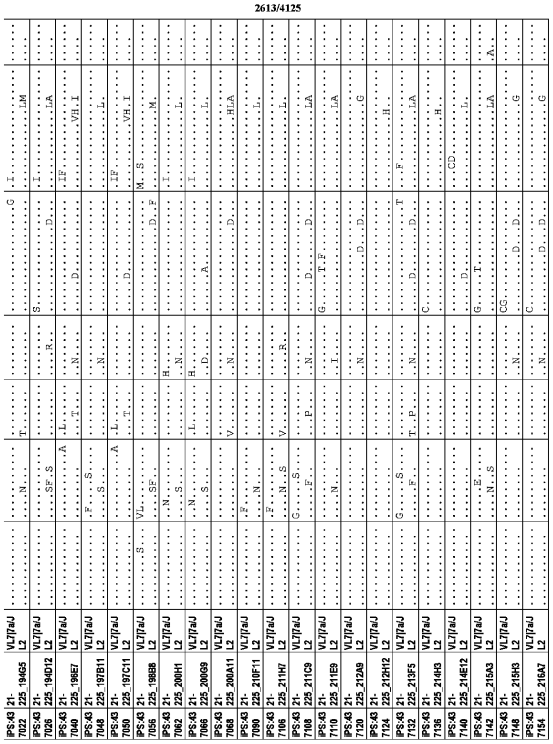
【図５２－９７】



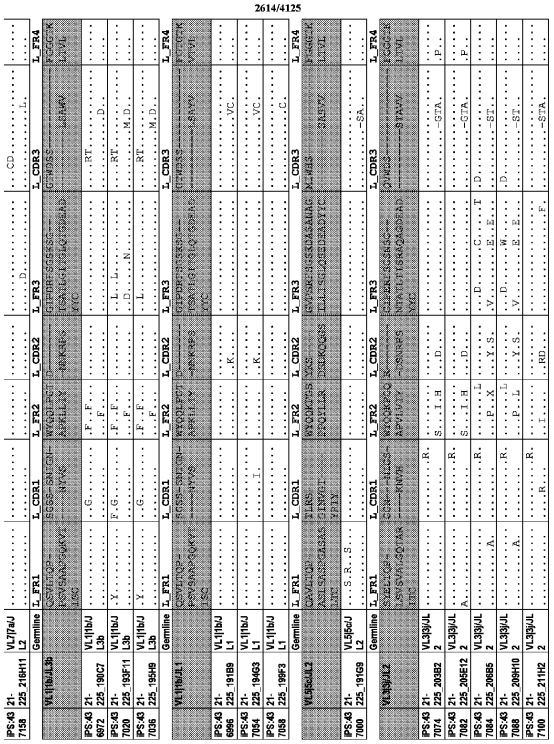
【図５２－９８】



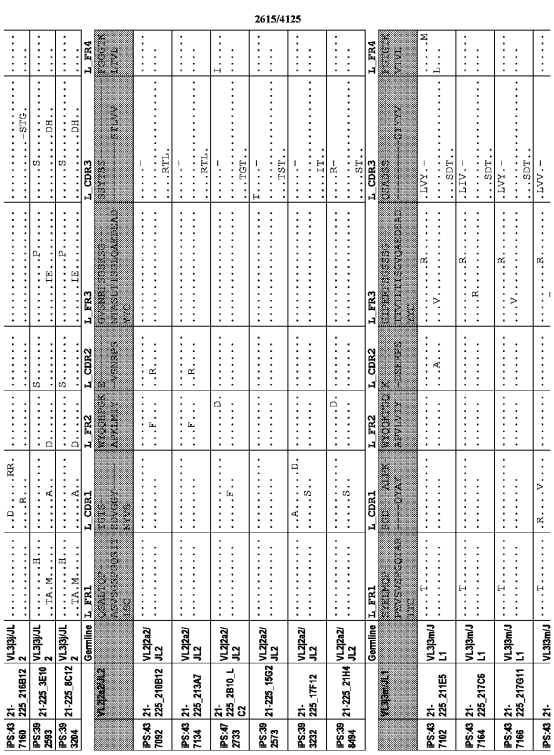
【図５２－９９】



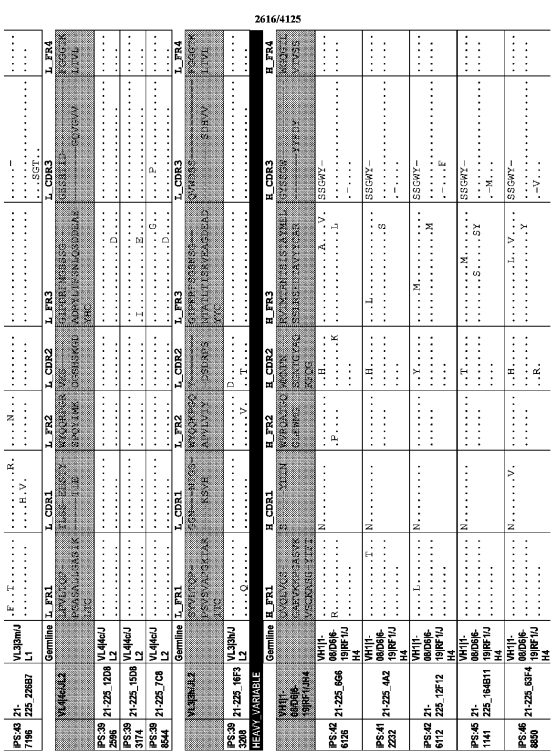
【図５２－１００】



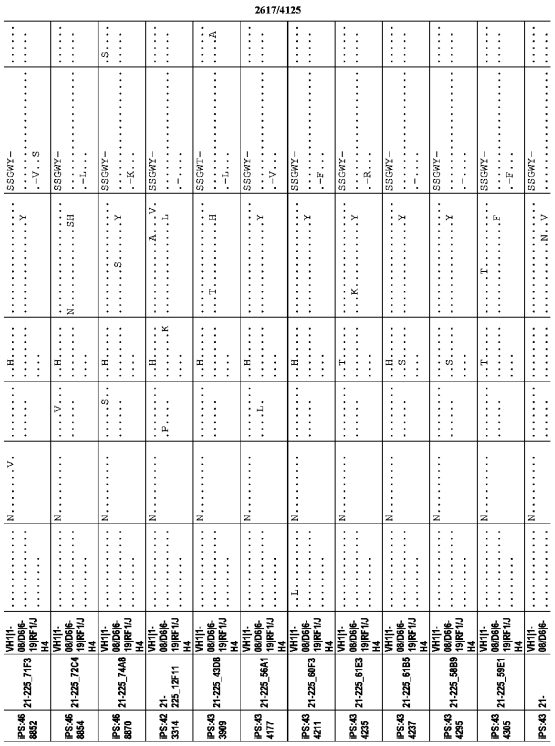
【図５２－１０１】



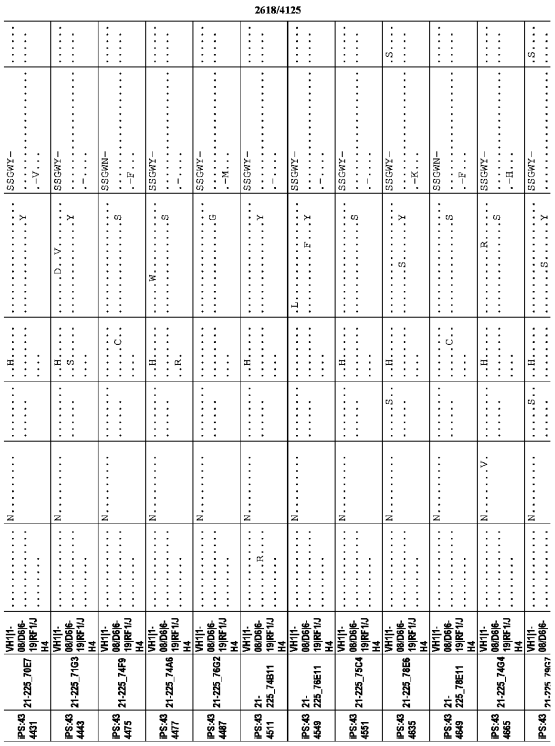
【図５２－１０２】



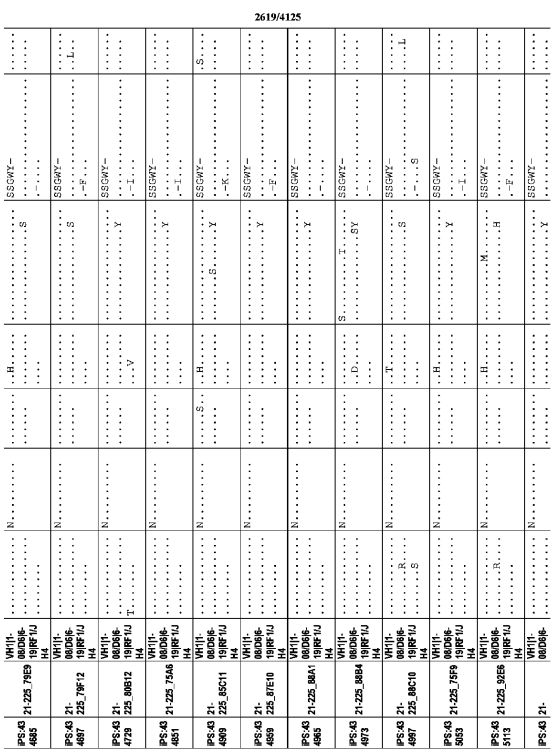
【図５２－１０３】



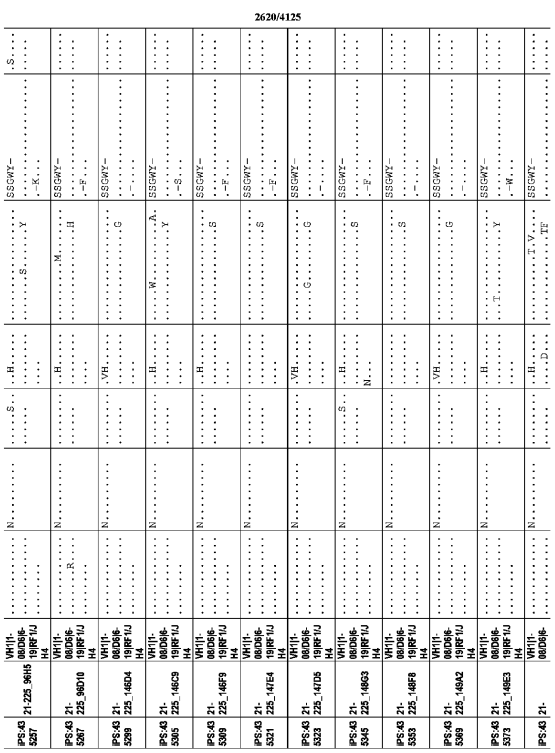
【図５２－１０４】



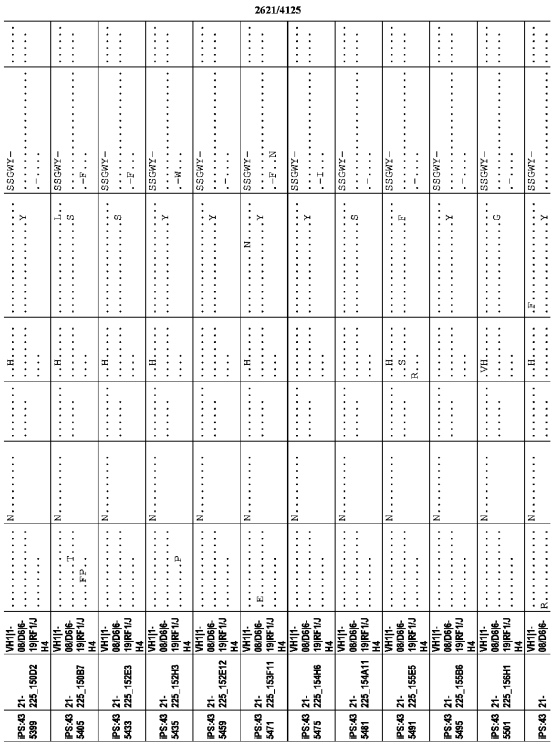
【図５２－１０５】



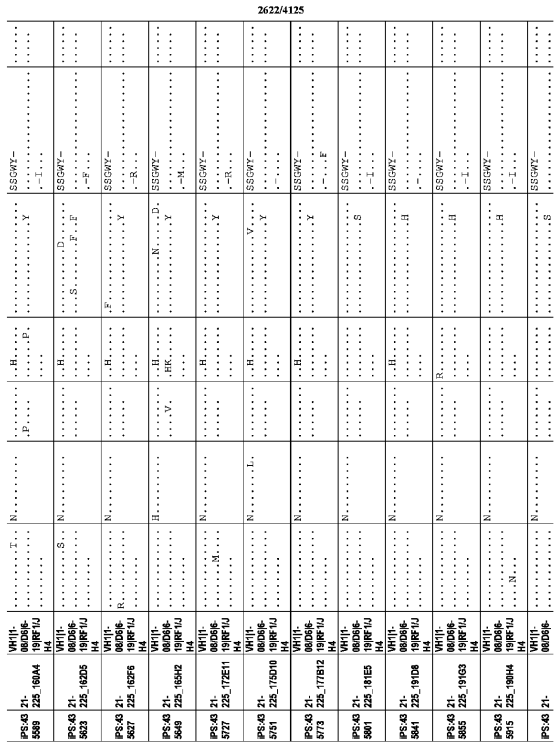
【図５２－１０６】



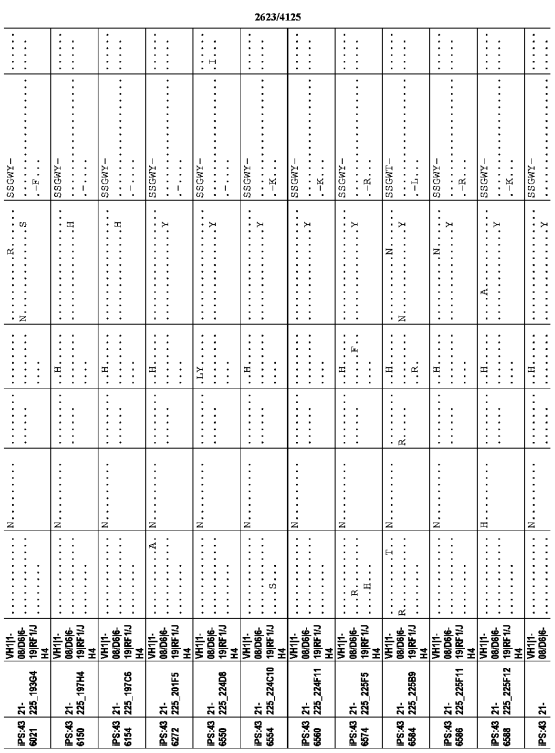
【図５２－１０７】



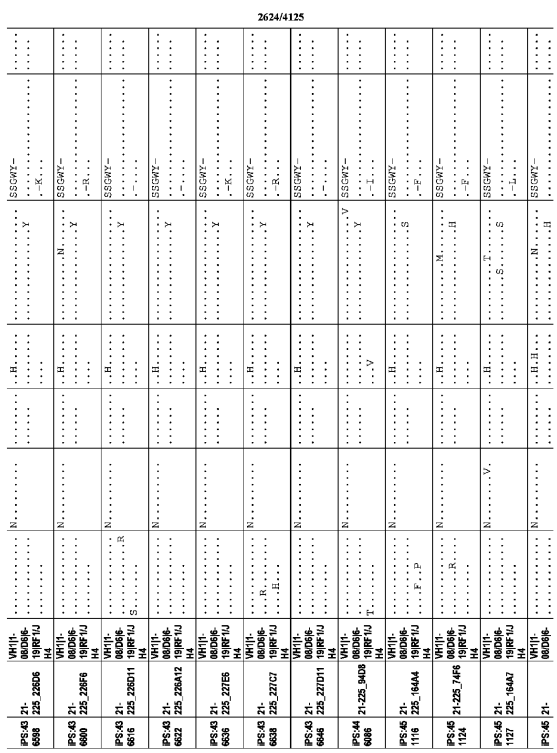
【図５２－１０８】



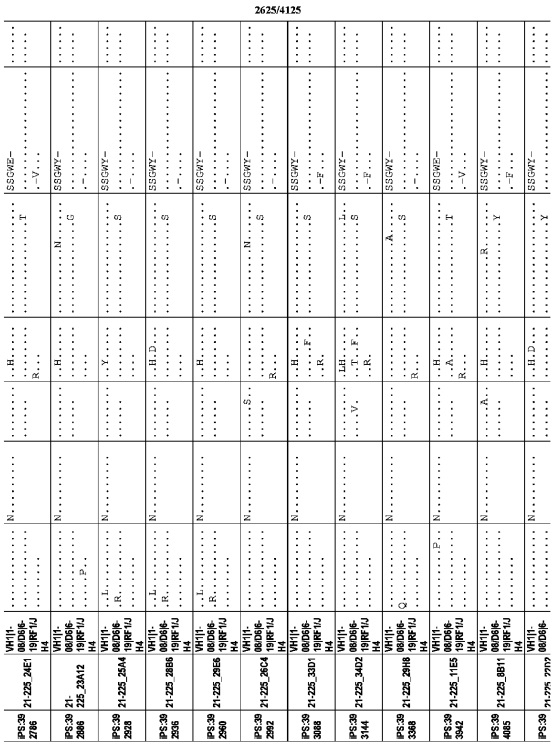
【図５２－１０９】



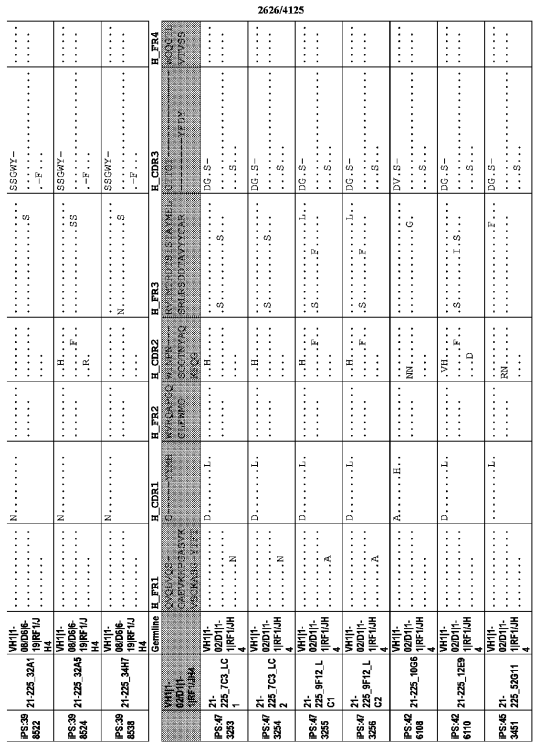
【図５２－１１０】



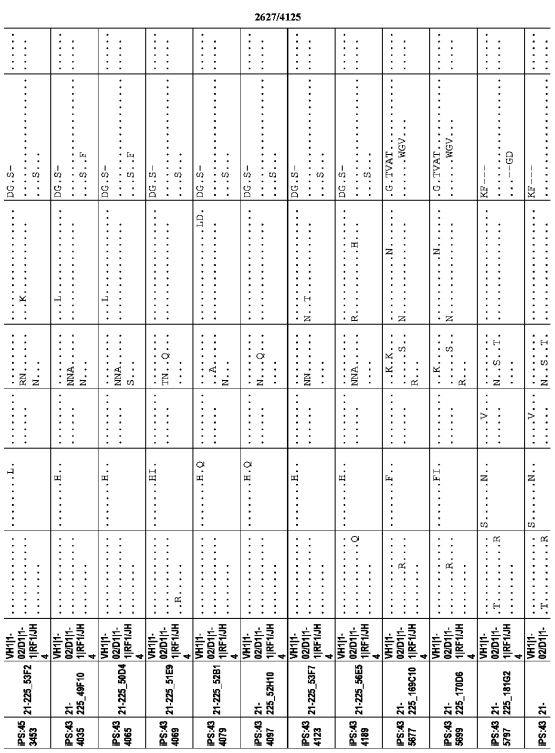
【図５２－１１１】



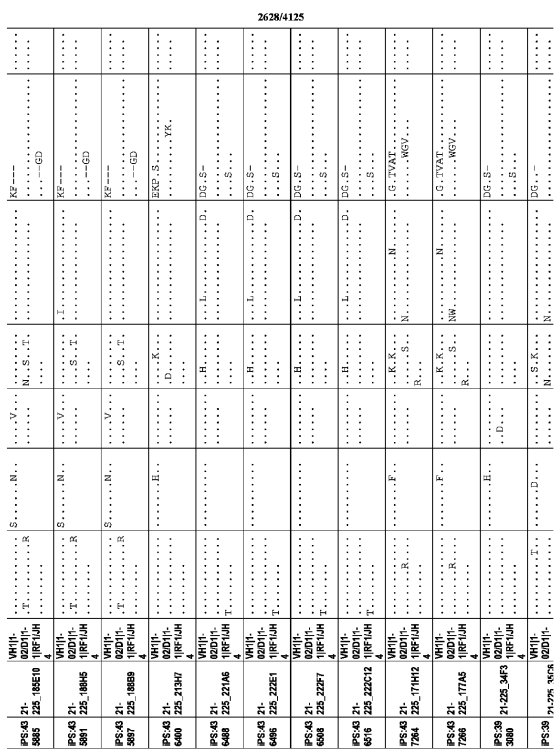
【図５２－１１２】



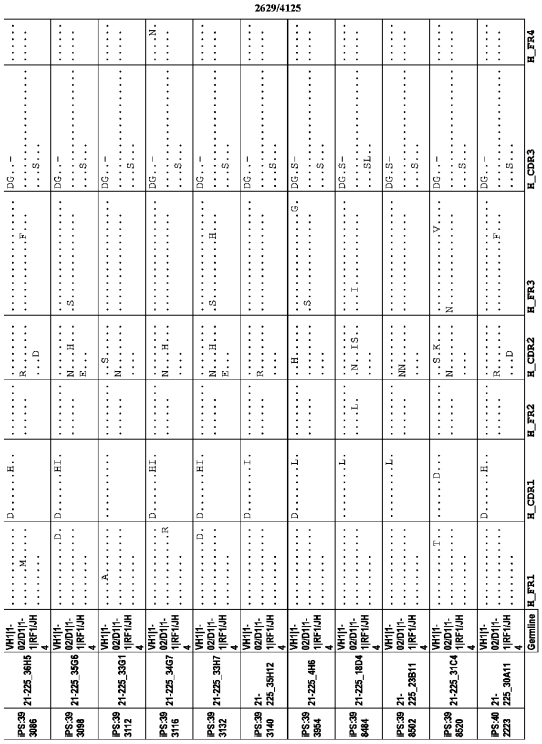
【図５２－１１３】



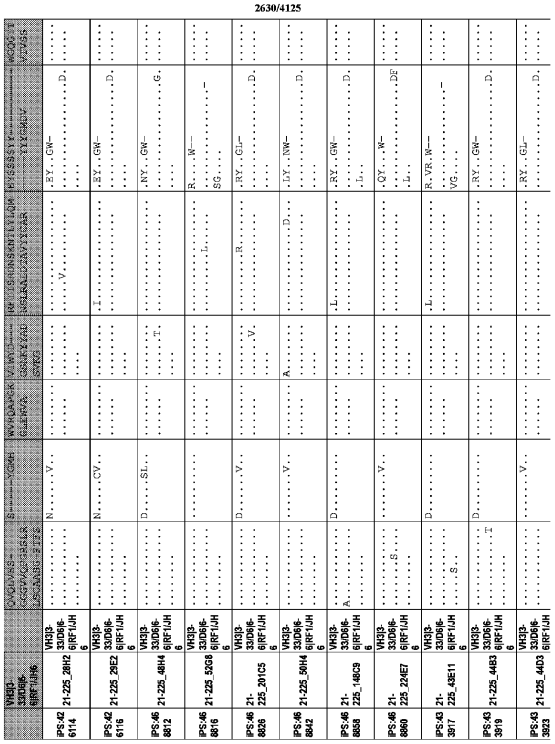
【図５２－１１４】



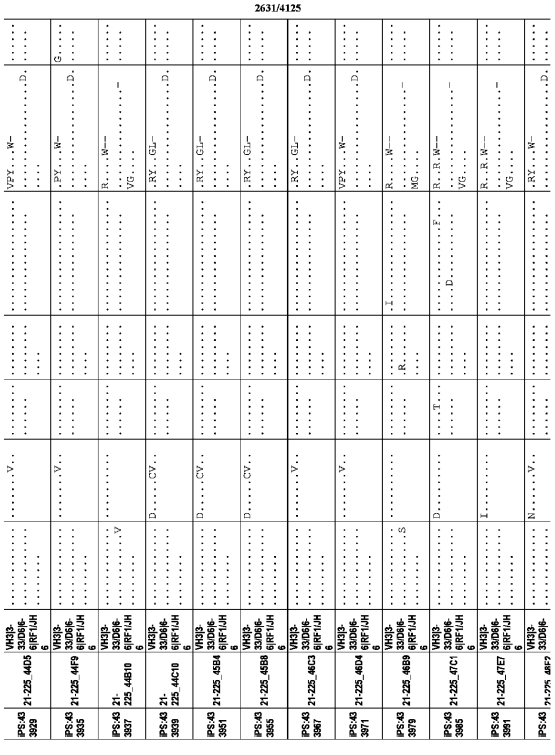
【図５２－１１５】



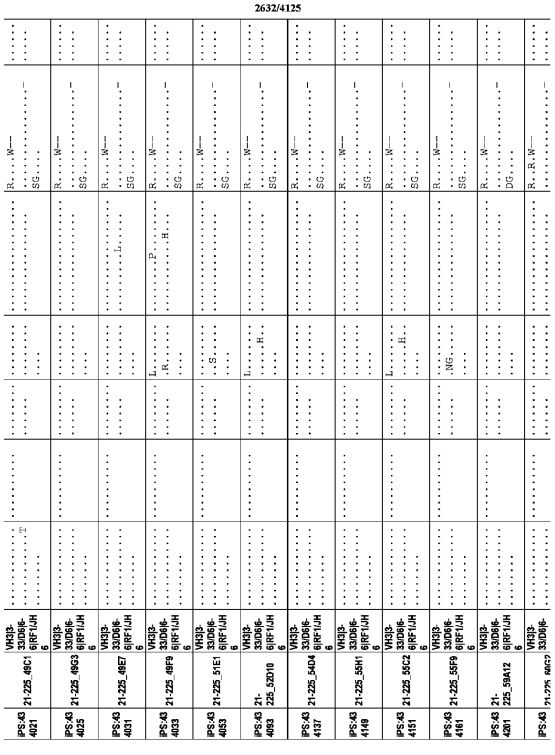
【図５２－１１６】



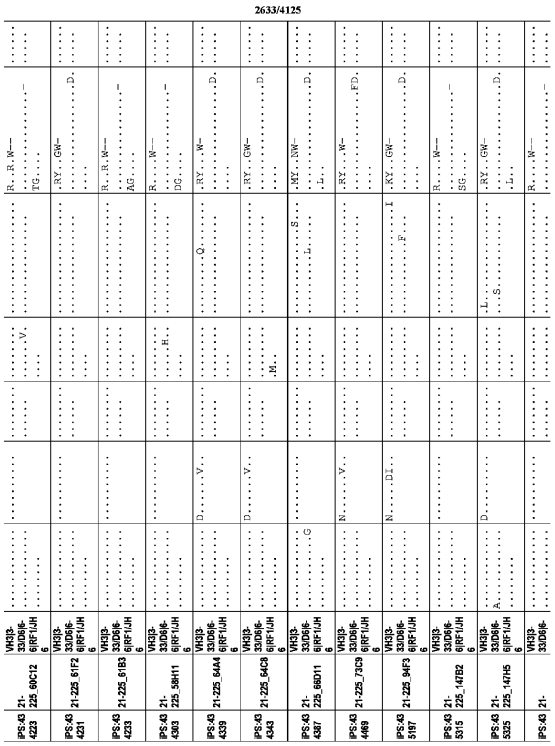
【図５２－１１７】



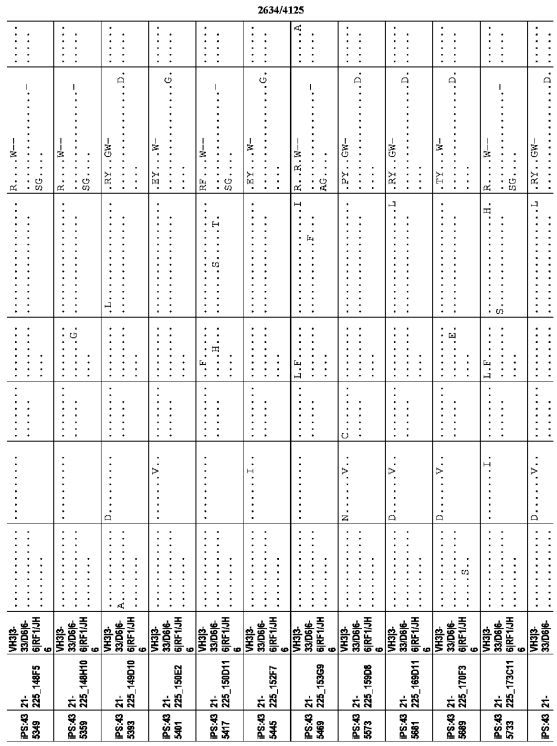
【図５２－１１８】



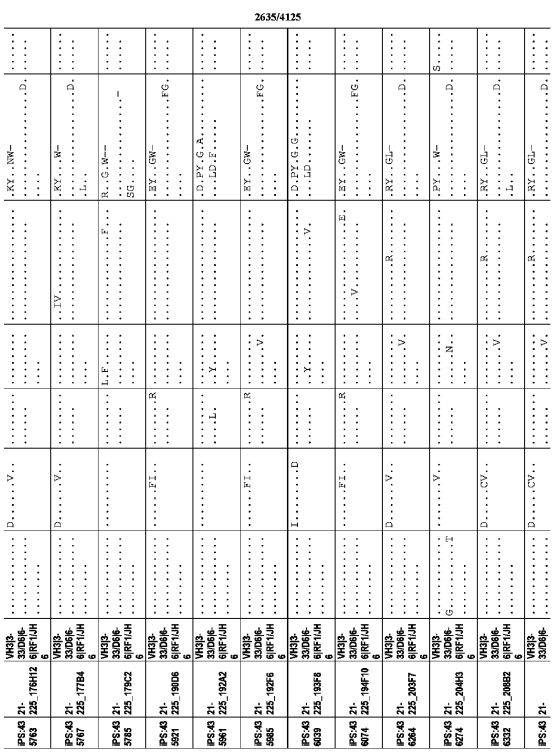
【図５２－１１９】



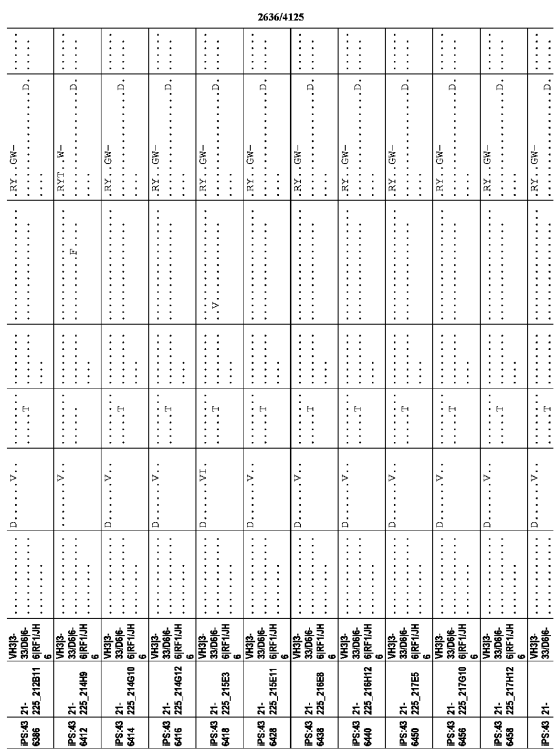
【図５２－１２０】



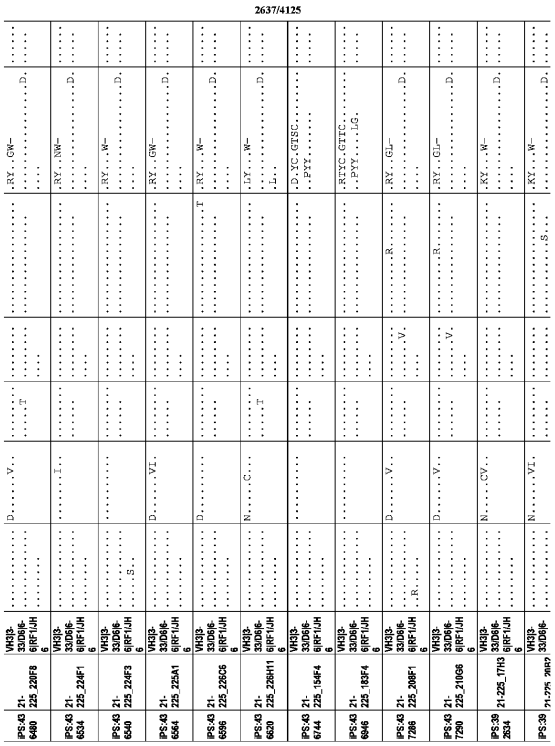
【図５２－１２１】



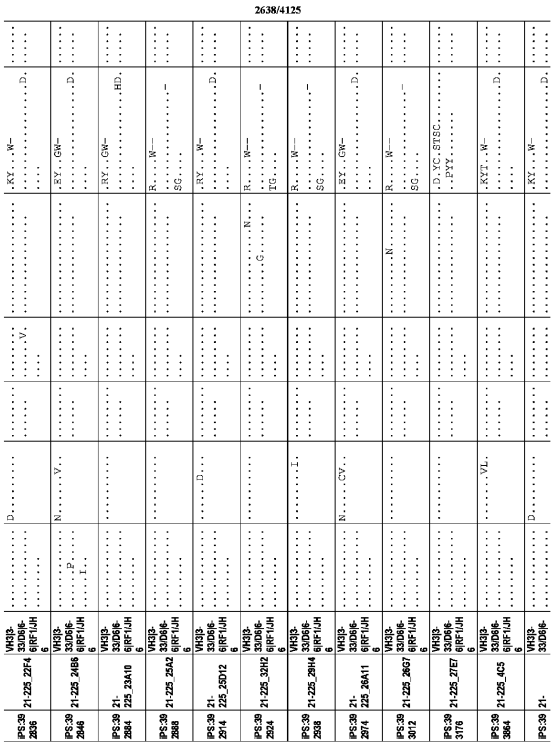
【図５２－１２２】



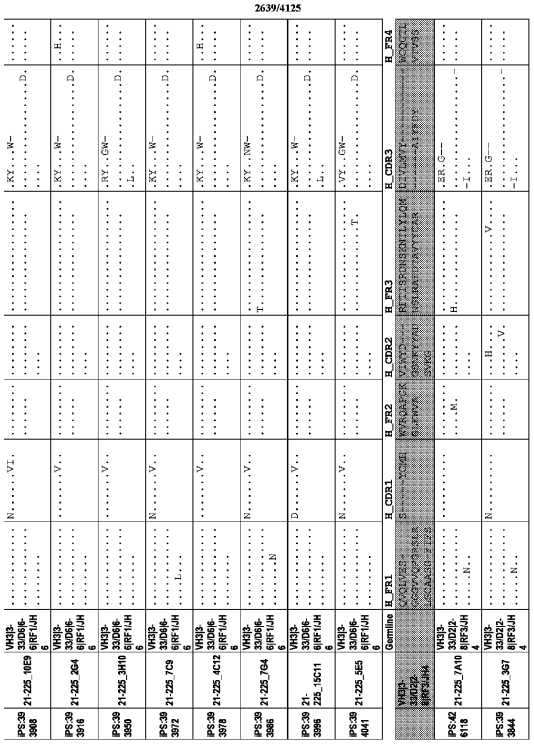
【図５２－１２３】



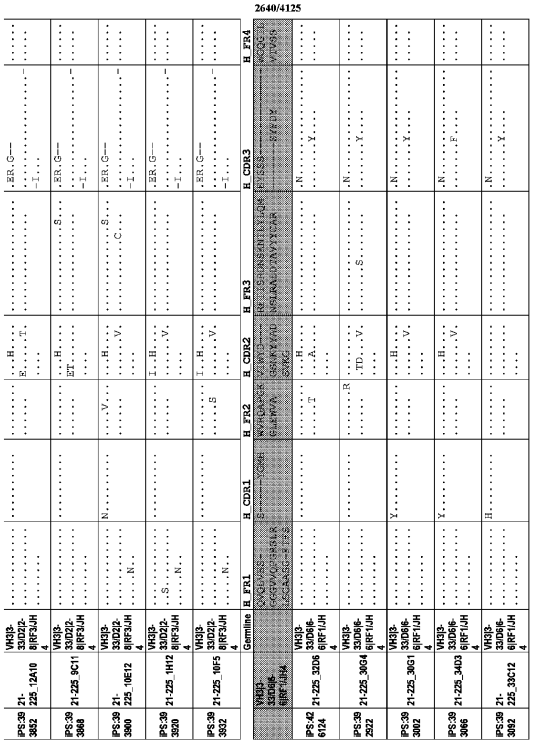
【図５２－１２４】



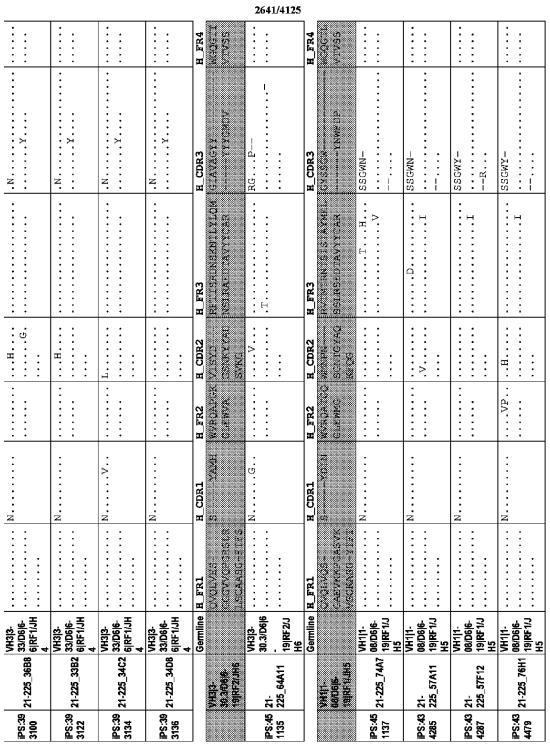
【図５２－１２５】



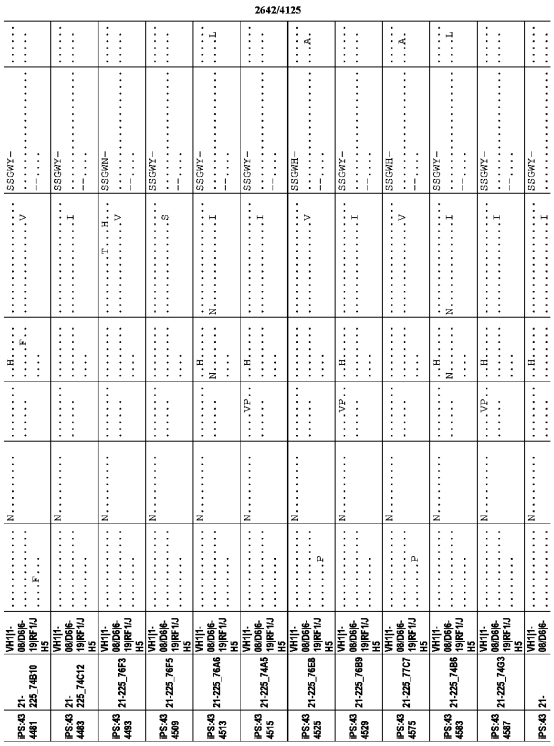
【図５２－１２６】



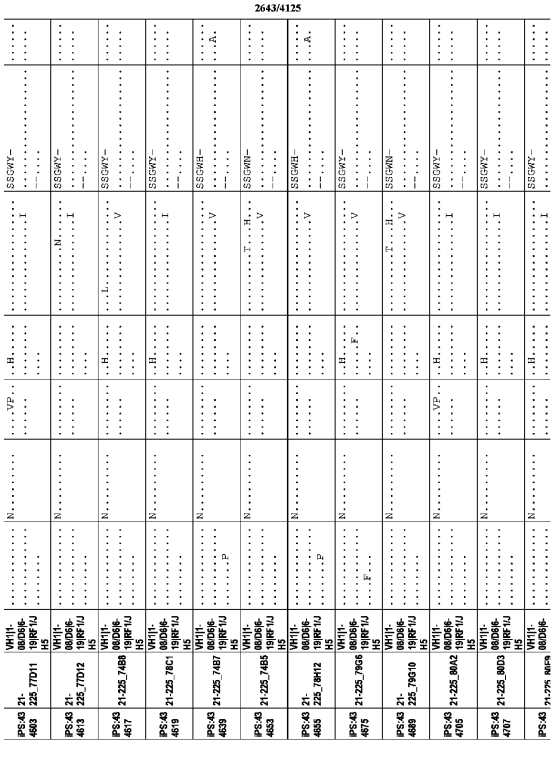
【図５２－１２７】



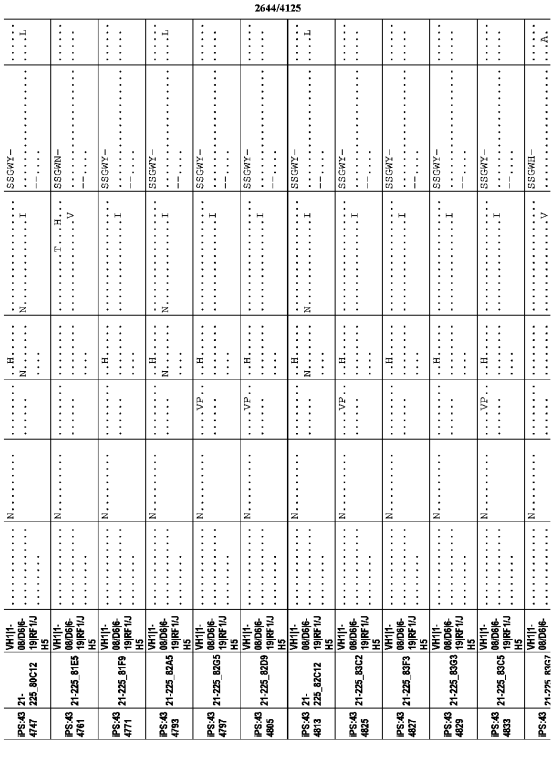
【図５２－１２８】



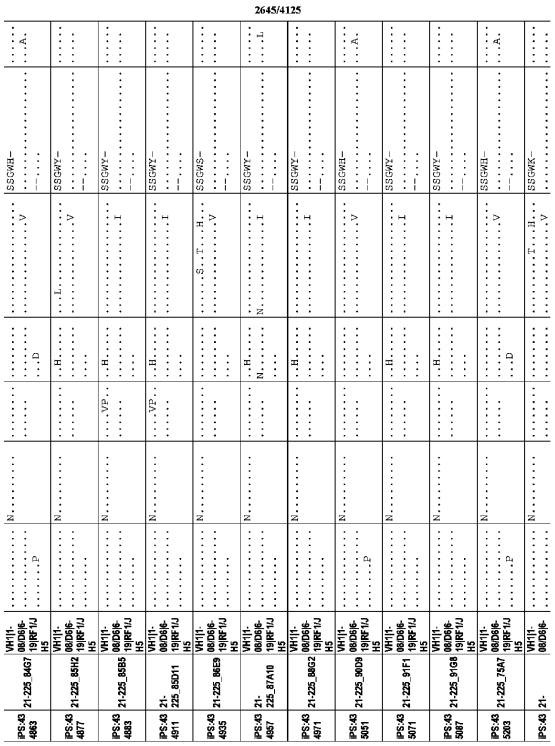
【図５２－１２９】



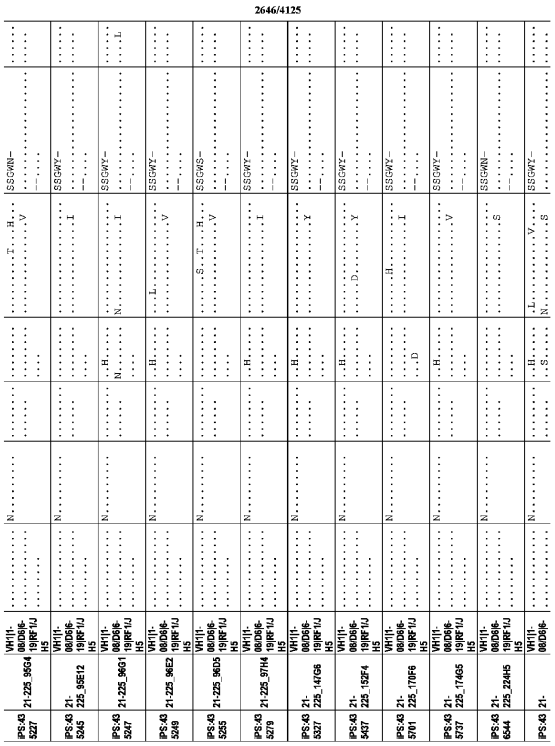
【図５２－１３０】



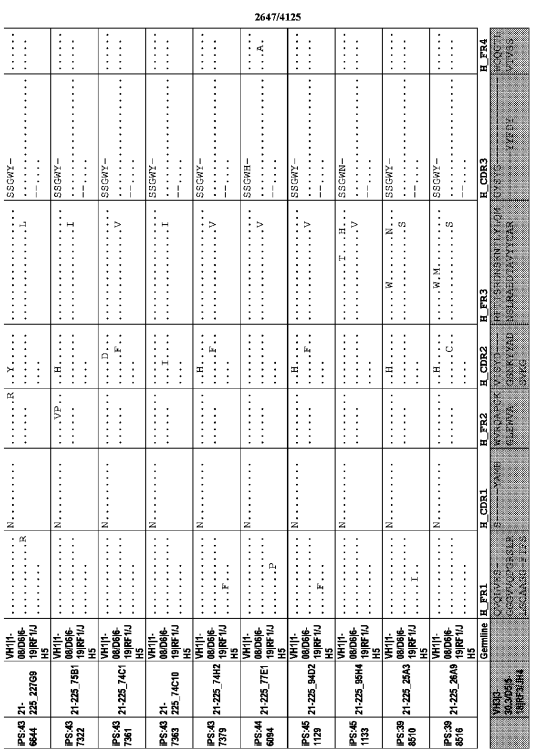
【図５２－１３１】



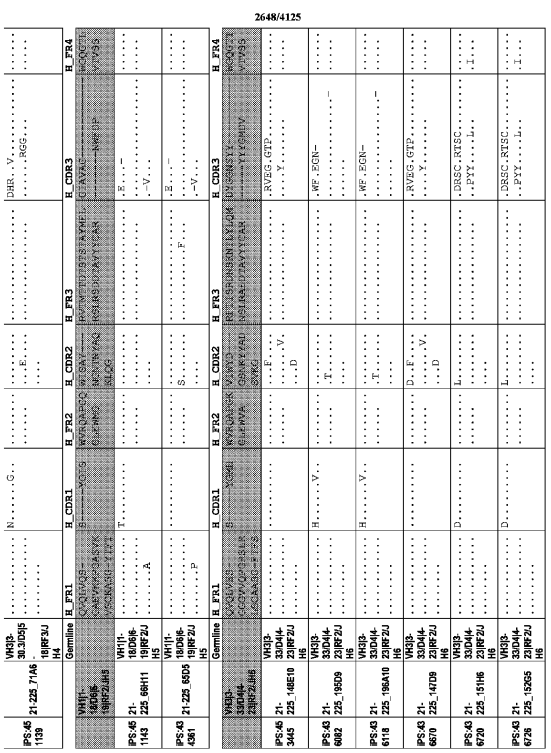
【図５２－１３２】



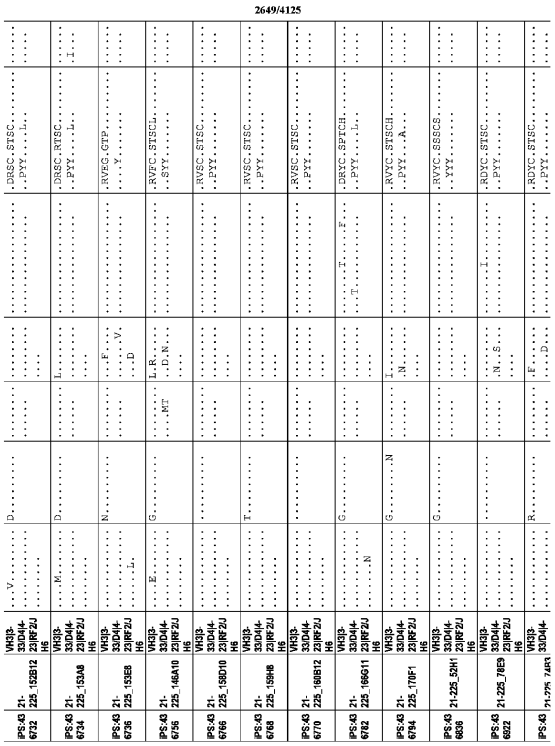
【図５２－１３３】



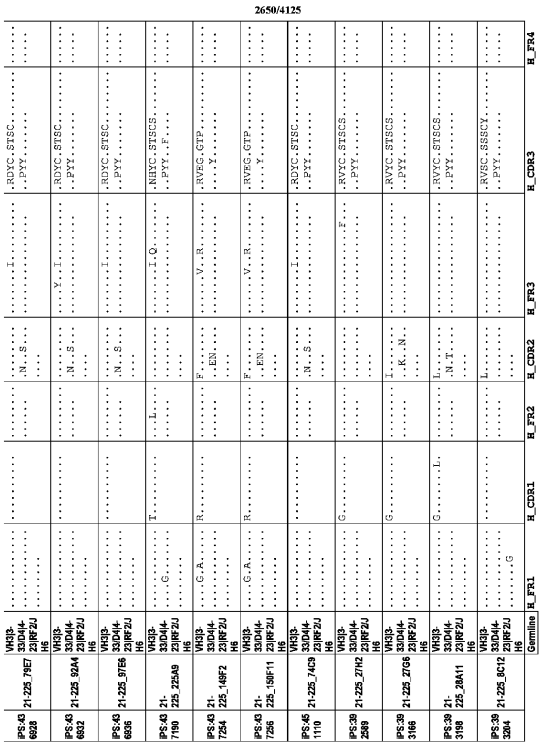
【図５２－１３４】



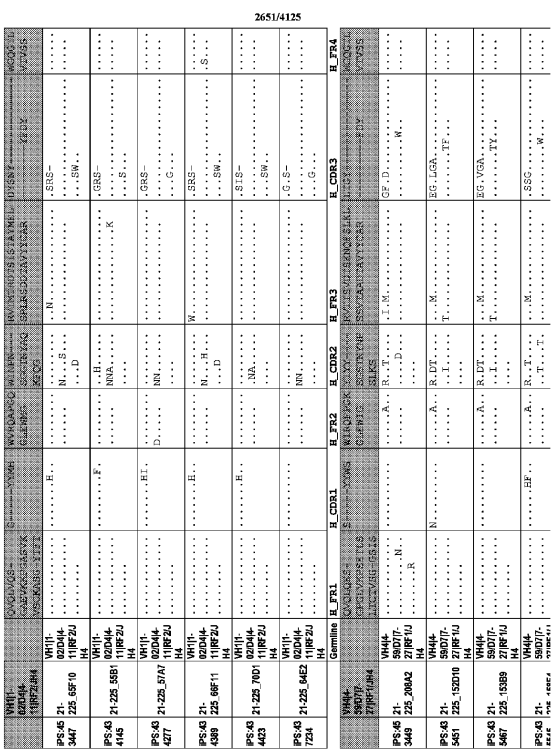
【図５２－１３５】



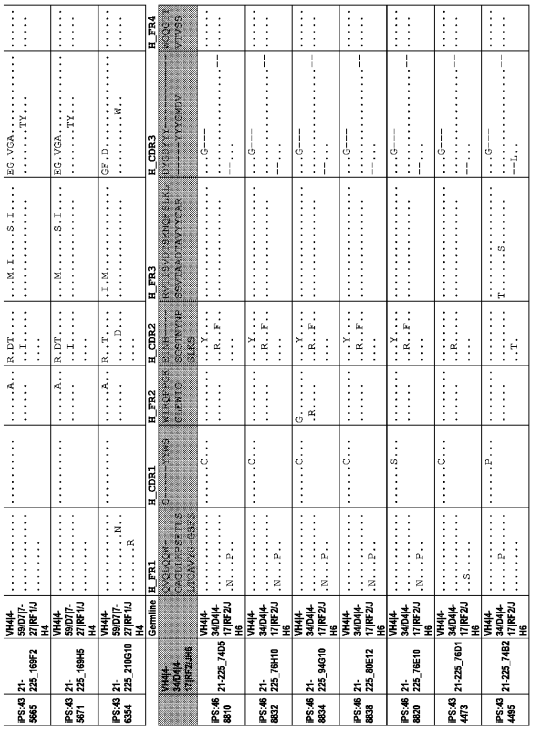
【図５２－１３６】



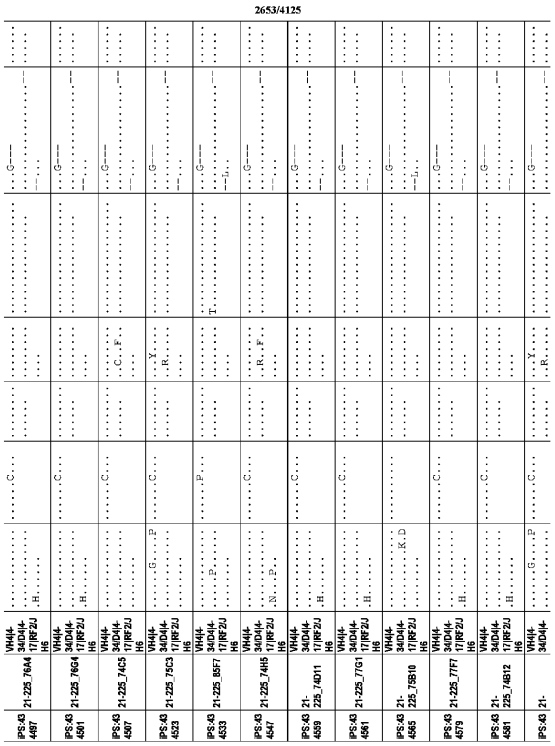
【図５２－１３７】



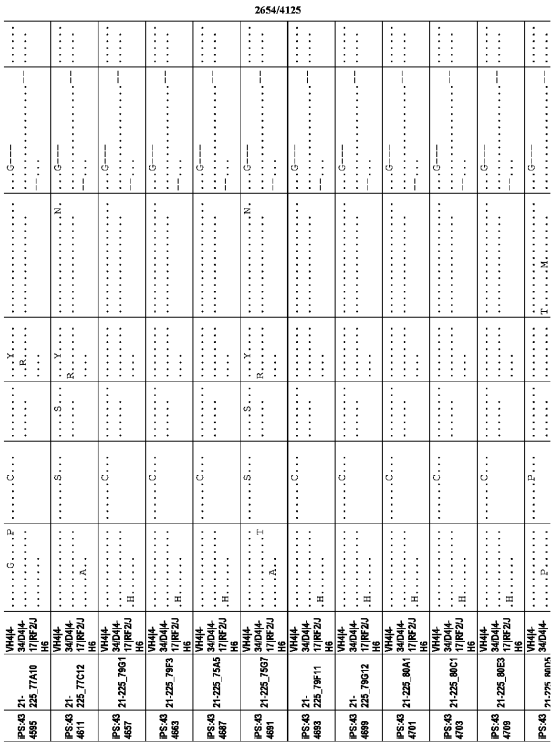
【図５２－１３８】



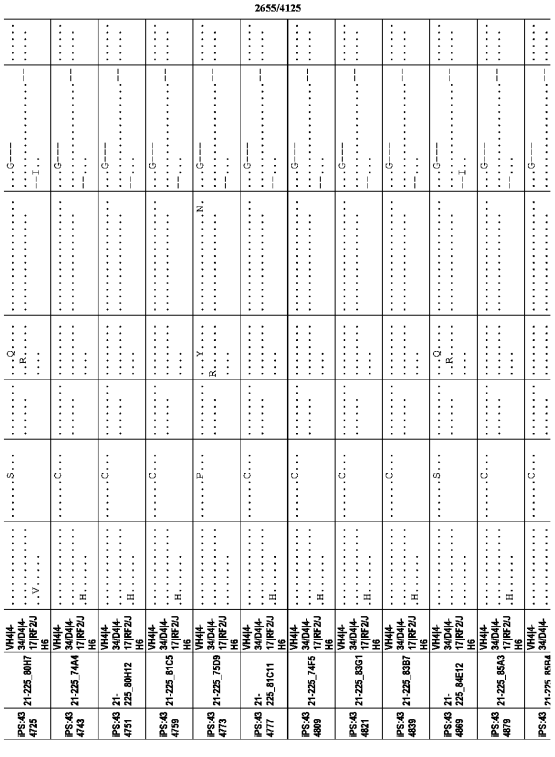
【図５２－１３９】



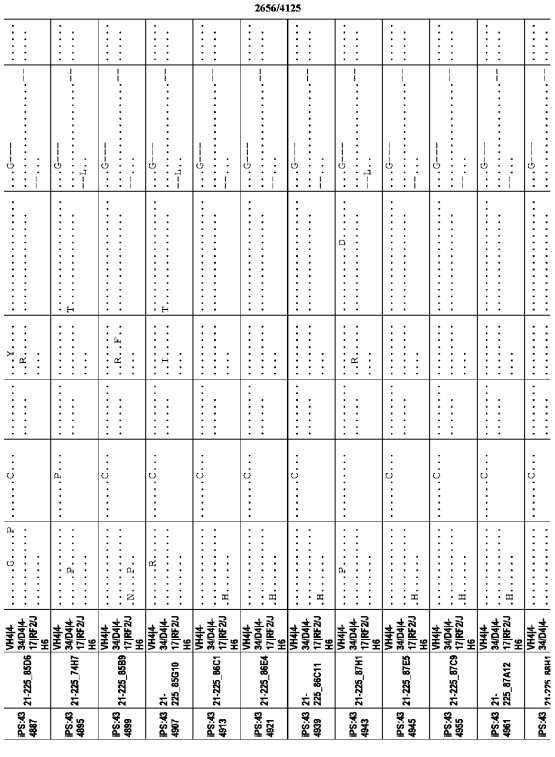
【図５２－１４０】



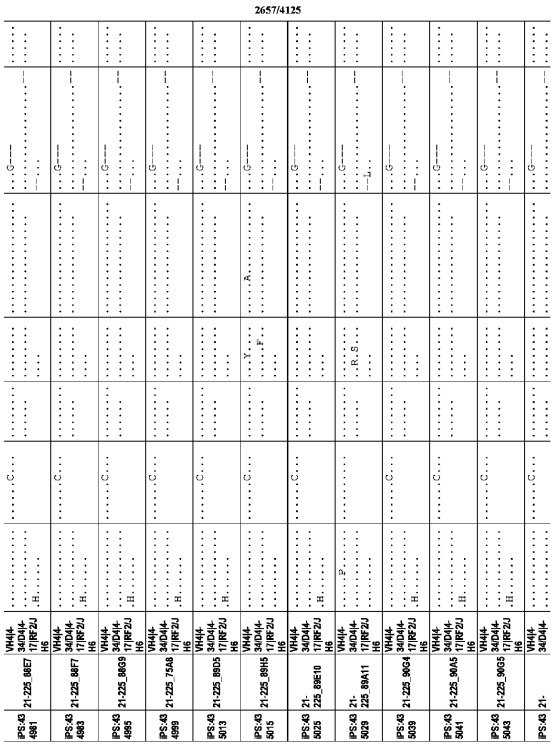
【図５２－１４１】



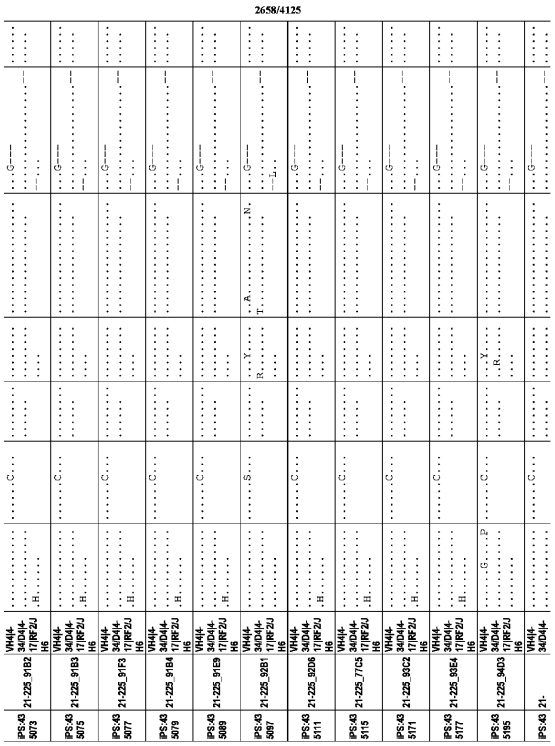
【図５２－１４２】



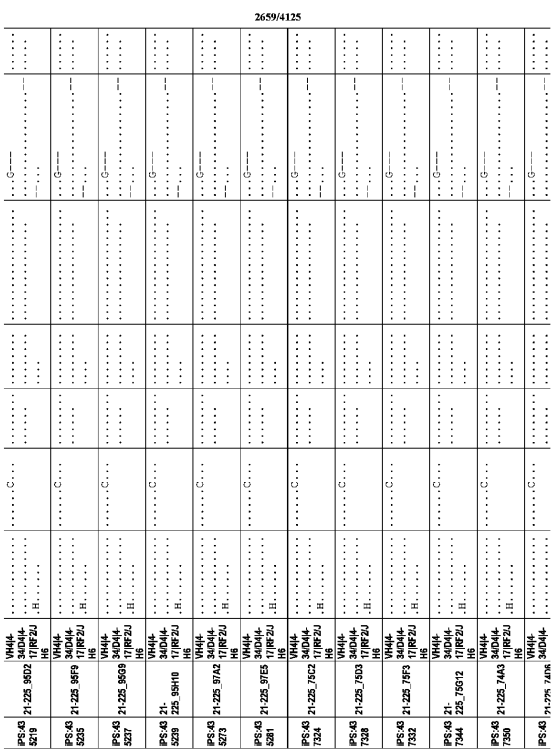
【図５２－１４３】



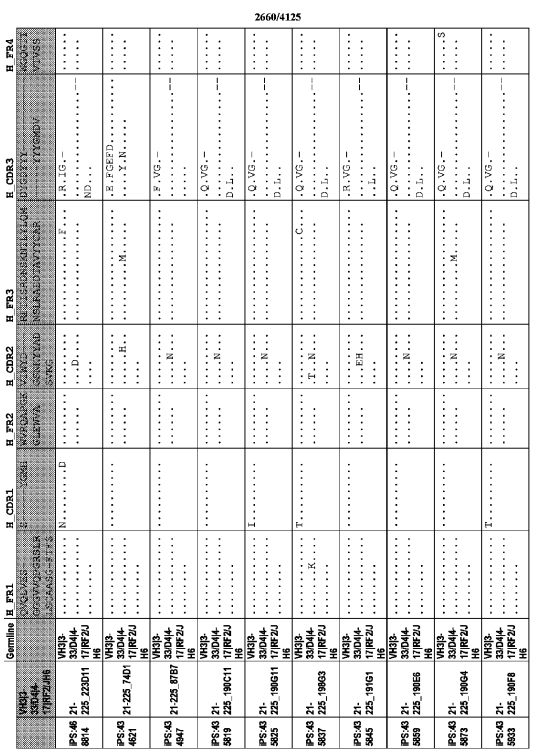
【図５２－１４４】



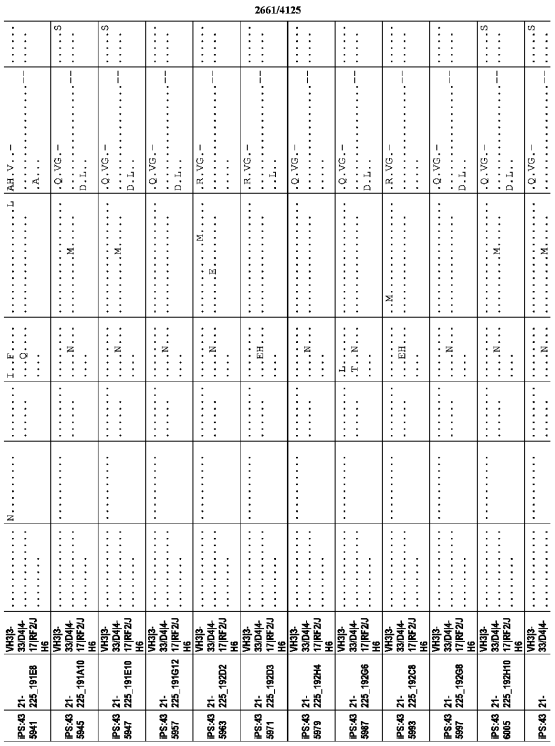
【図５２－１４５】



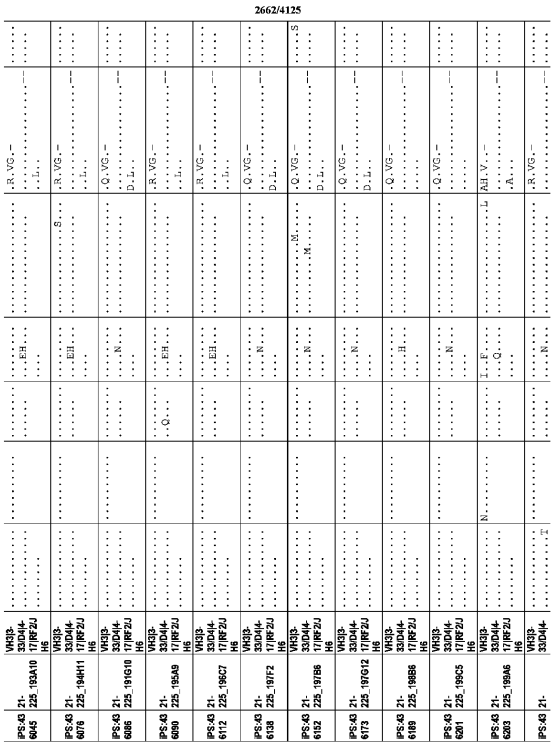
【図５２－１４６】



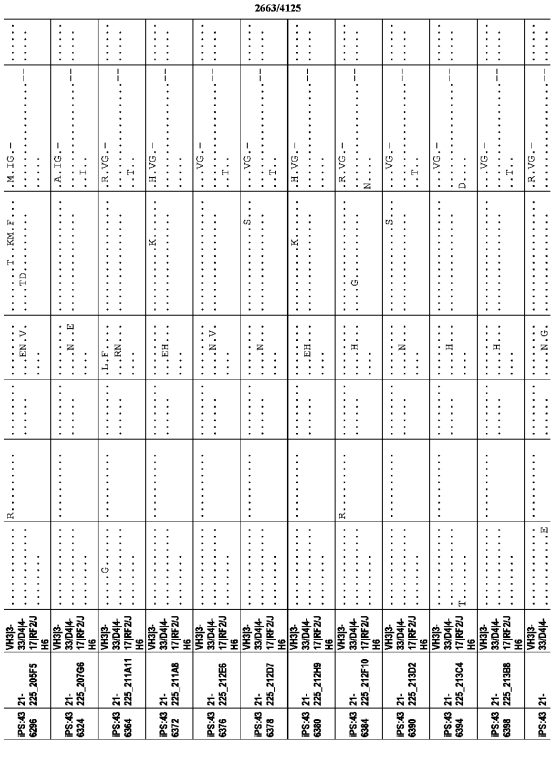
【図５２－１４７】



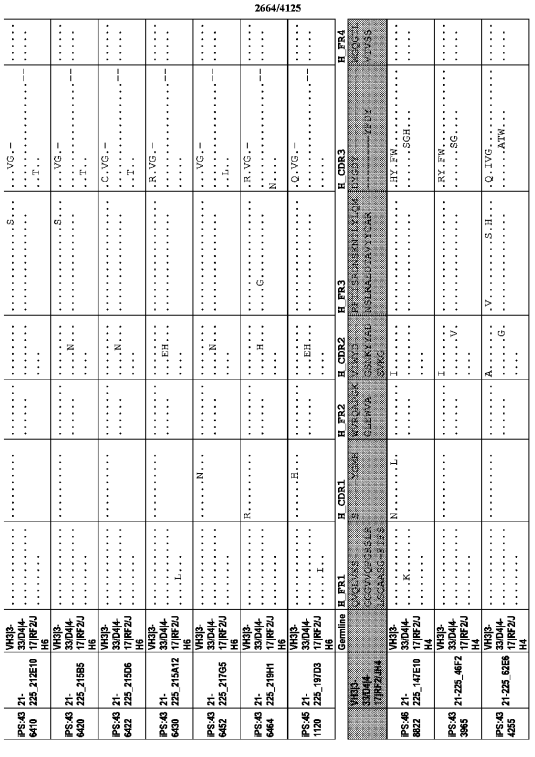
【図５２－１４８】



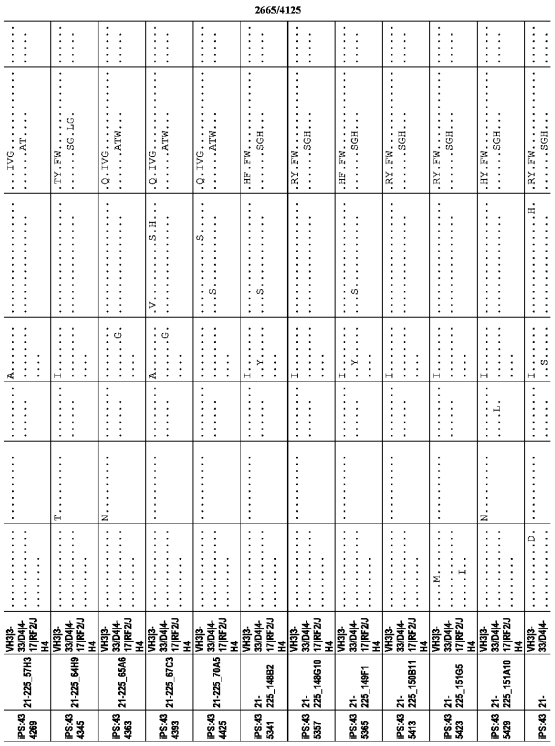
【図５２－１４９】



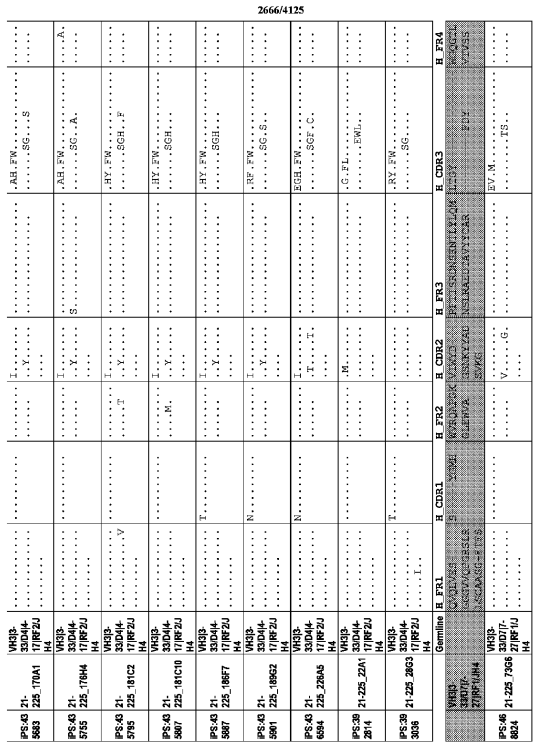
【図５２－１５０】



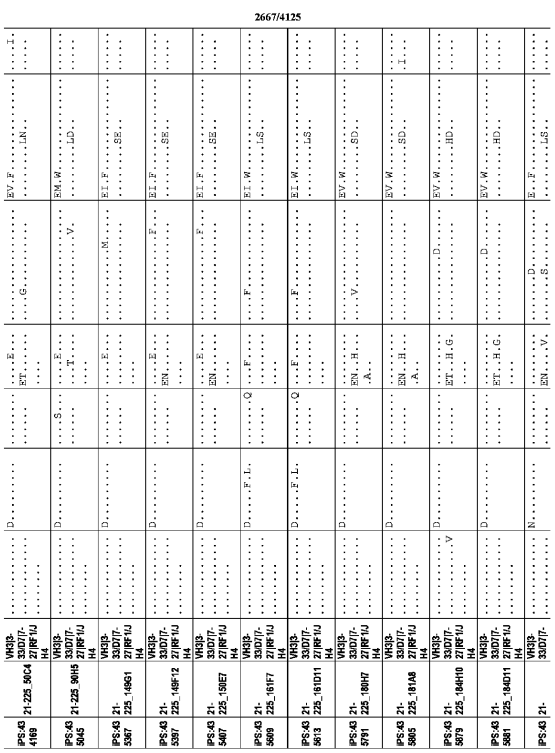
【図５２－１５１】



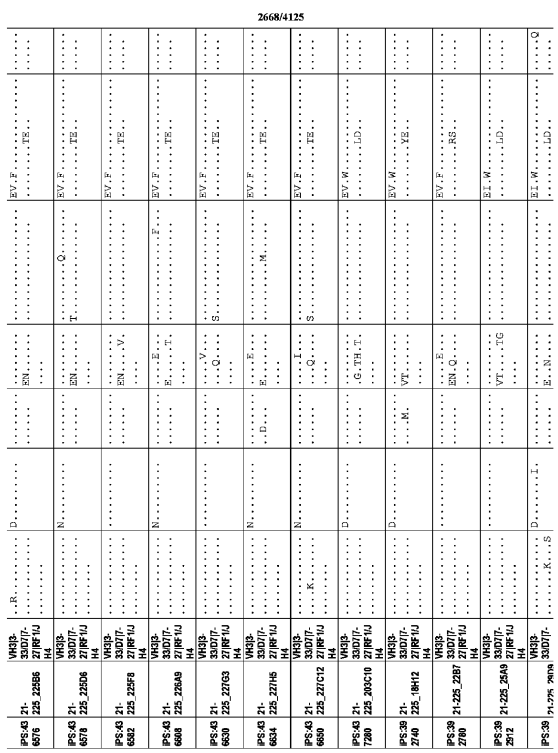
【図５２－１５２】



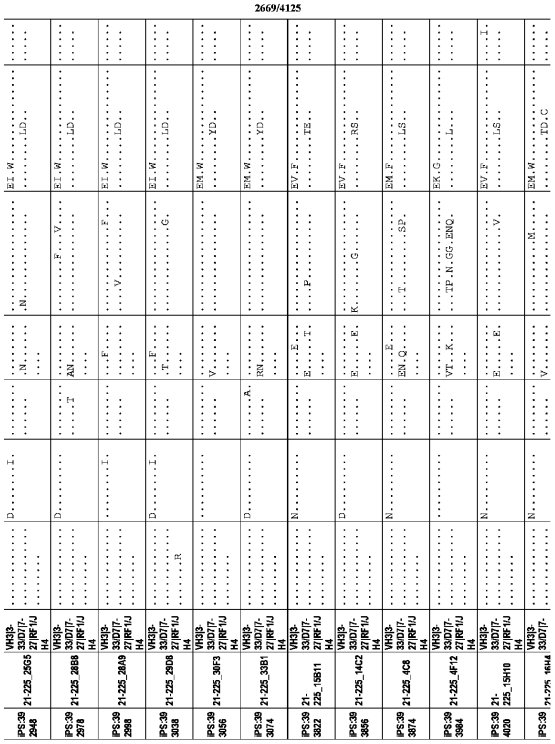
【図５２－１５３】



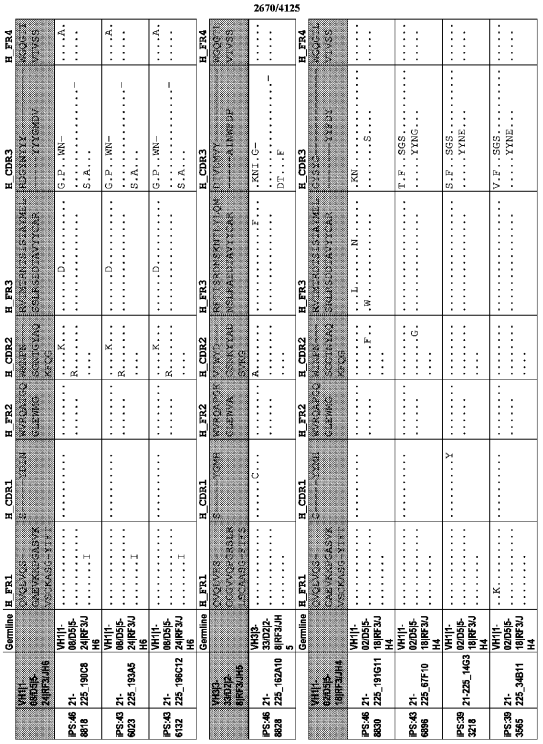
【図５２－１５４】



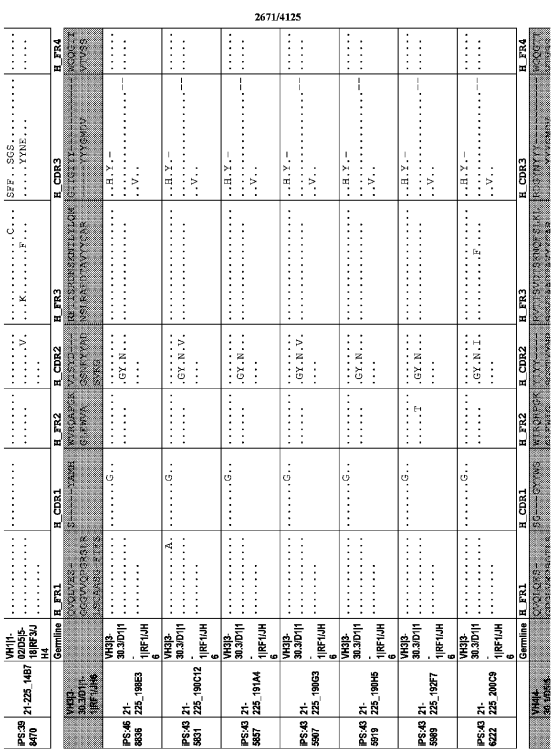
【図５２－１５５】



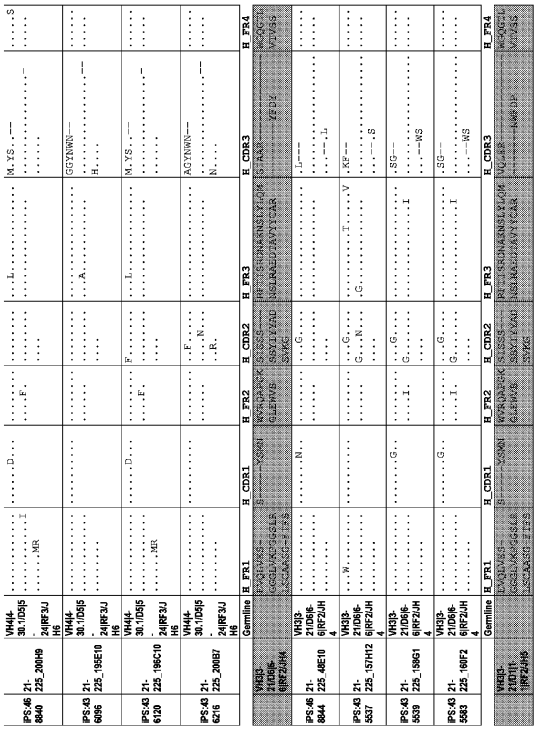
【図５２－１５６】



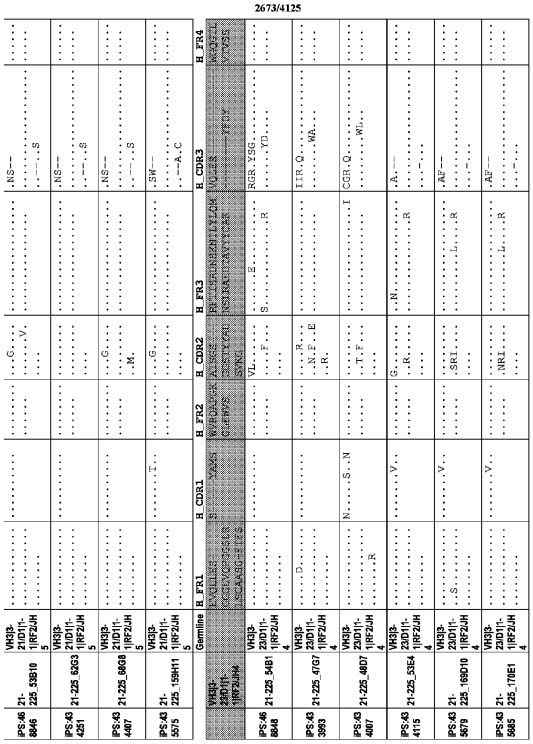
【図５２－１５７】



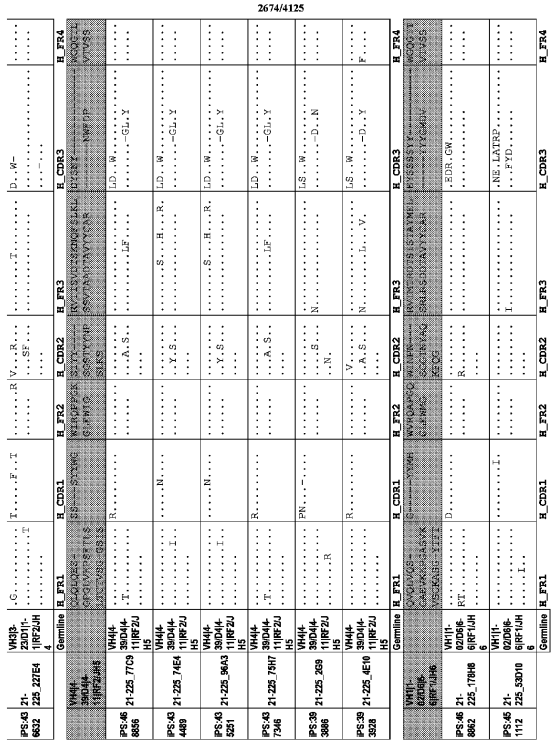
【図５２－１５８】



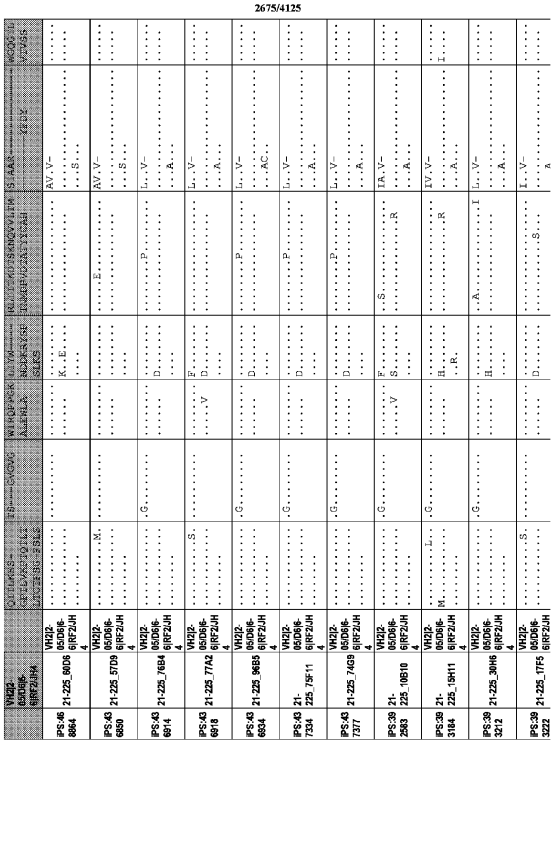
【図５２－１５９】



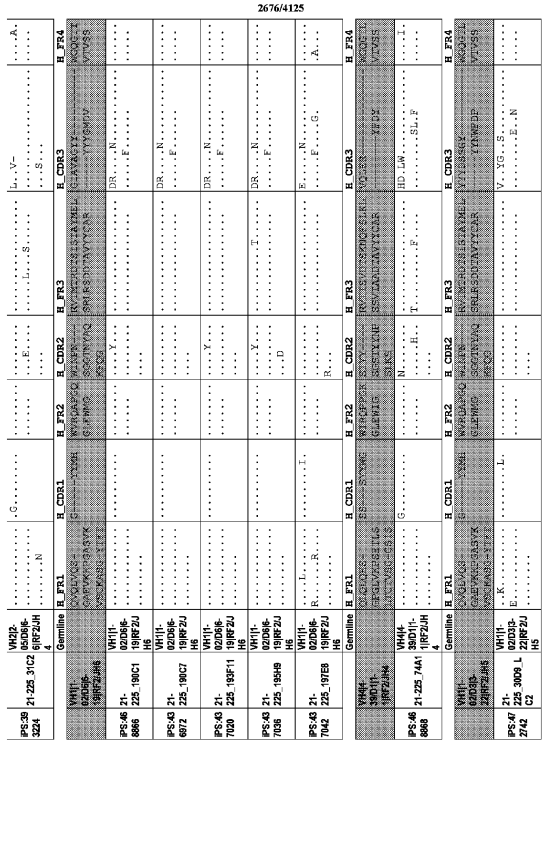
【図５２－１６０】



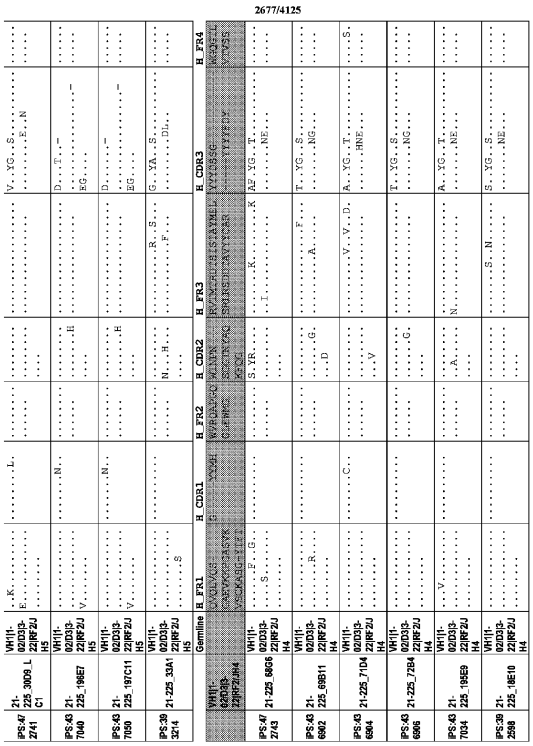
【図５２－１６１】



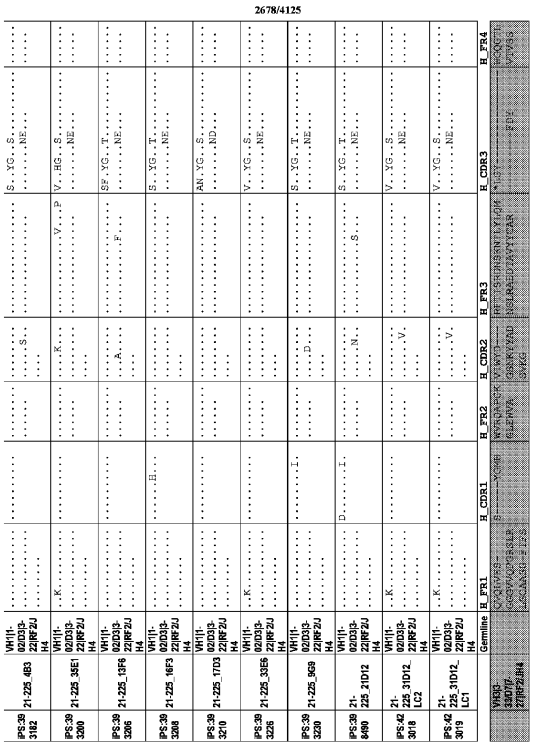
【図５２－１６２】



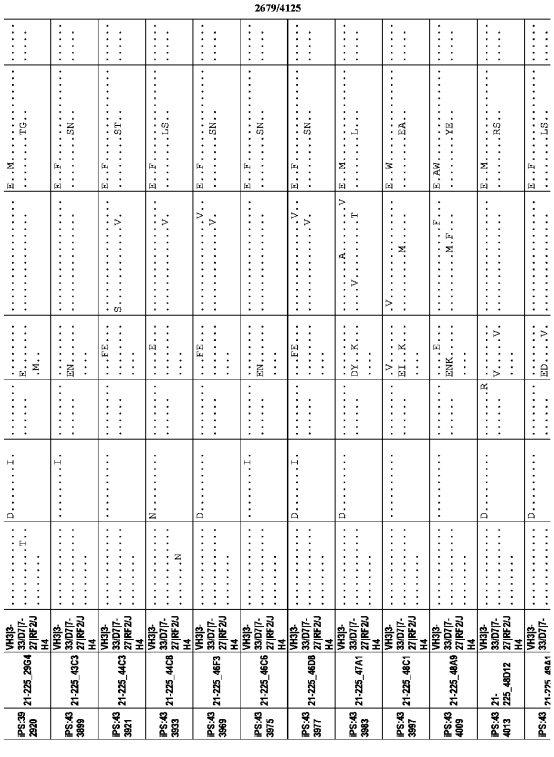
【図５２－１６３】



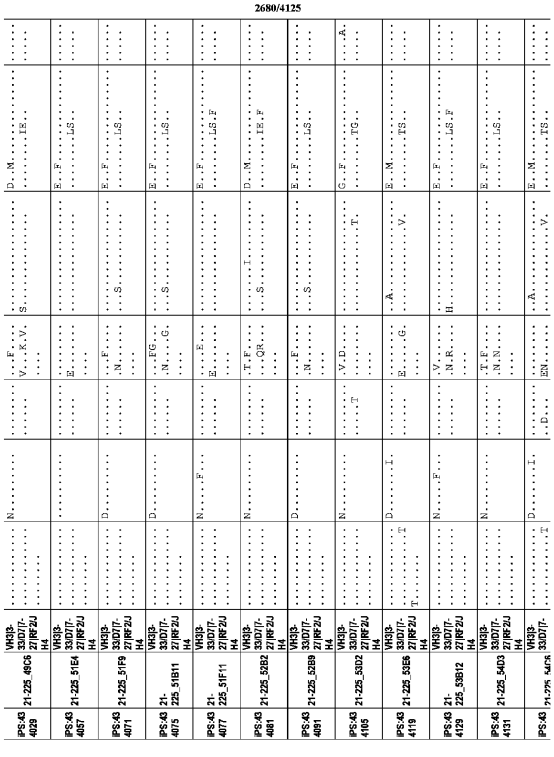
【図５２－１６４】



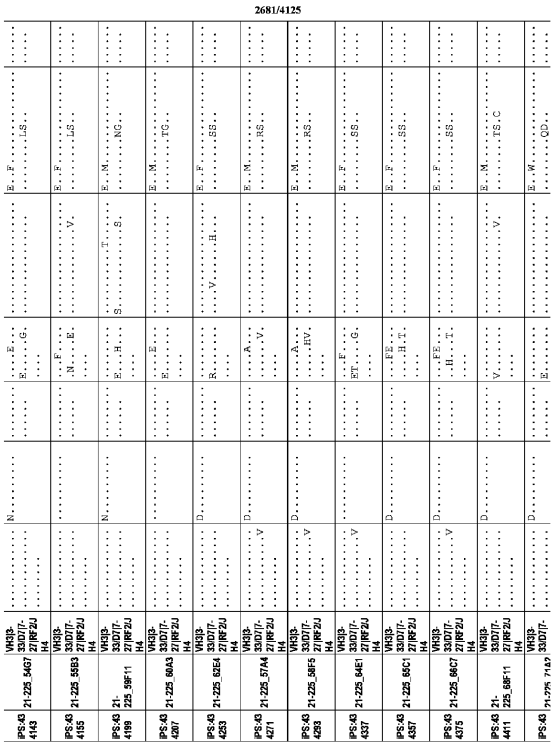
【図５２－１６５】



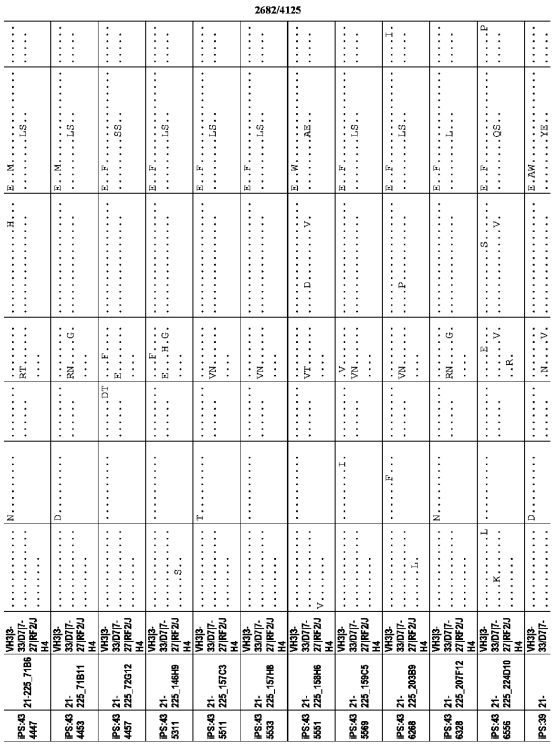
【図５２－１６６】



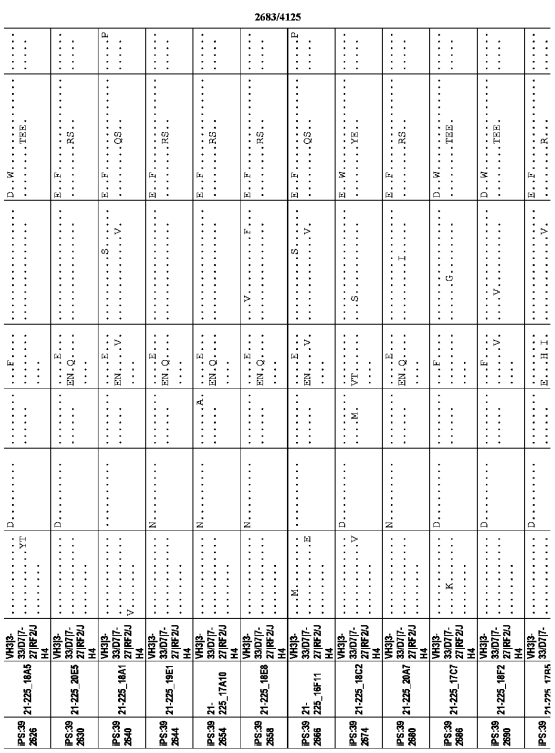
【図５２－１６７】



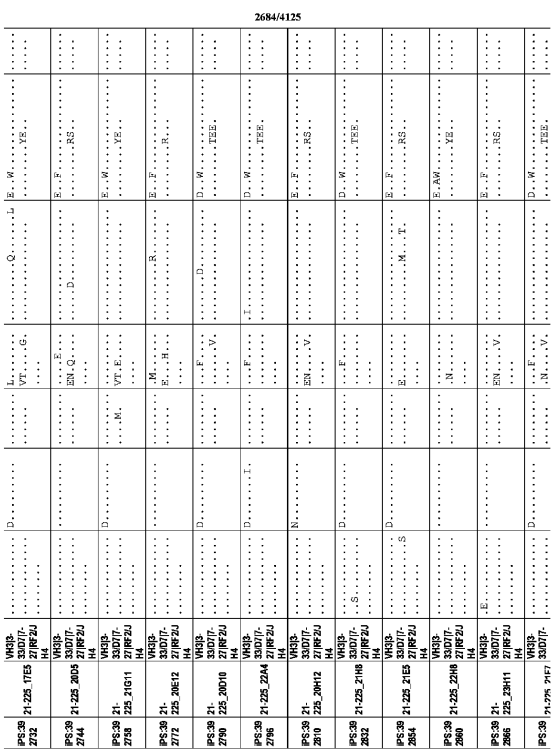
【図５２－１６８】



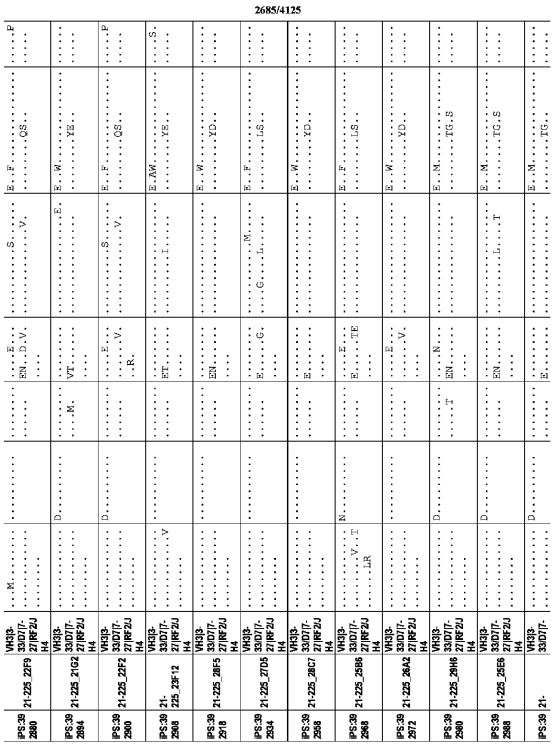
【図５２－１６９】



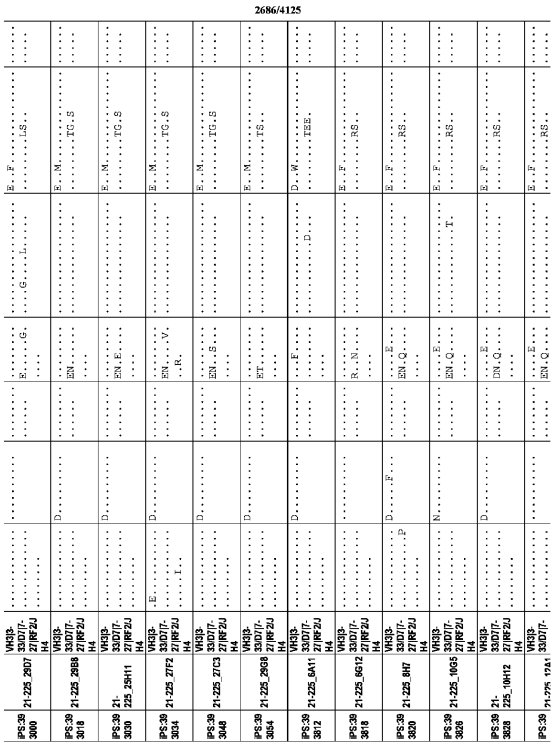
【図５２－１７０】



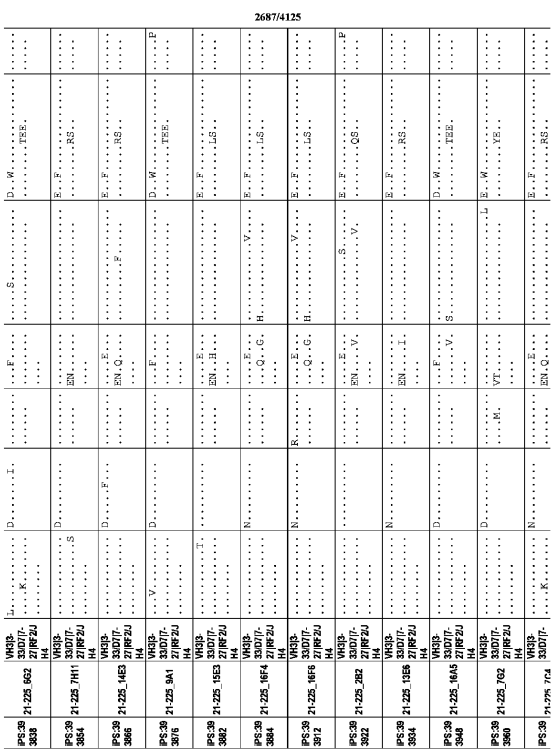
【図５２－１７１】



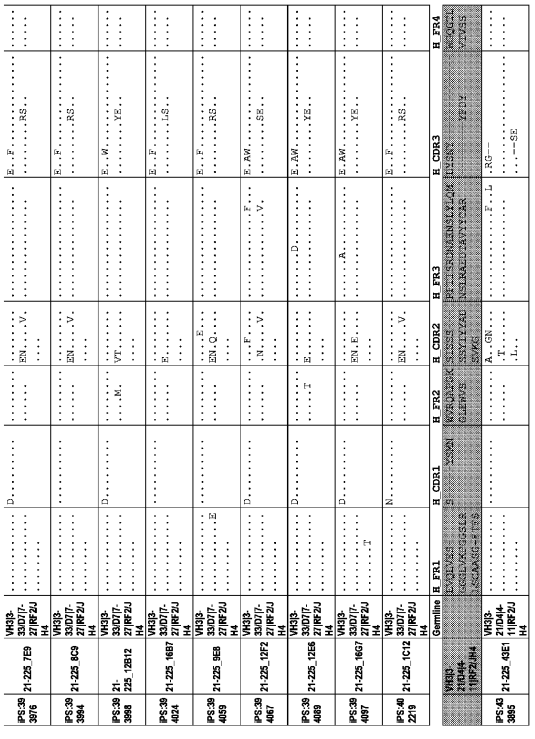
【図５２－１７２】



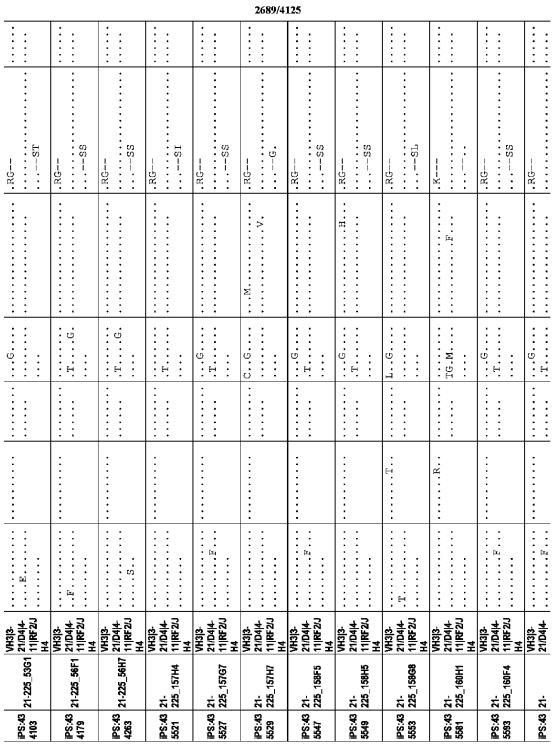
【図５２－１７３】



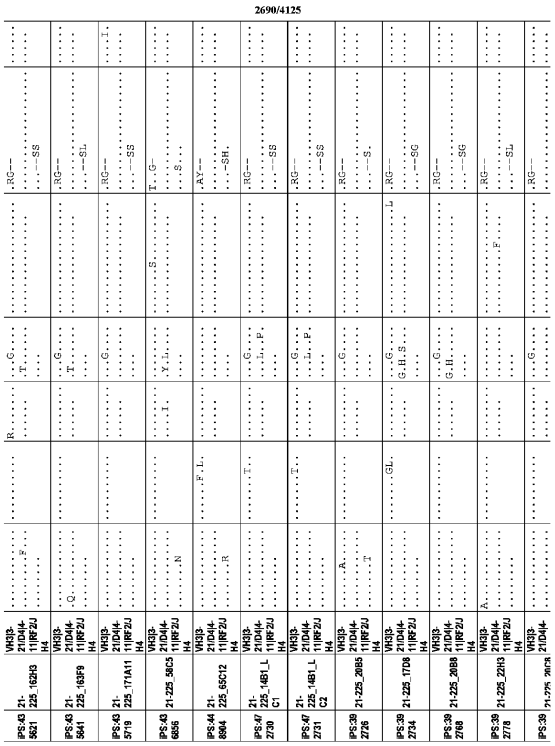
【図５２－１７４】



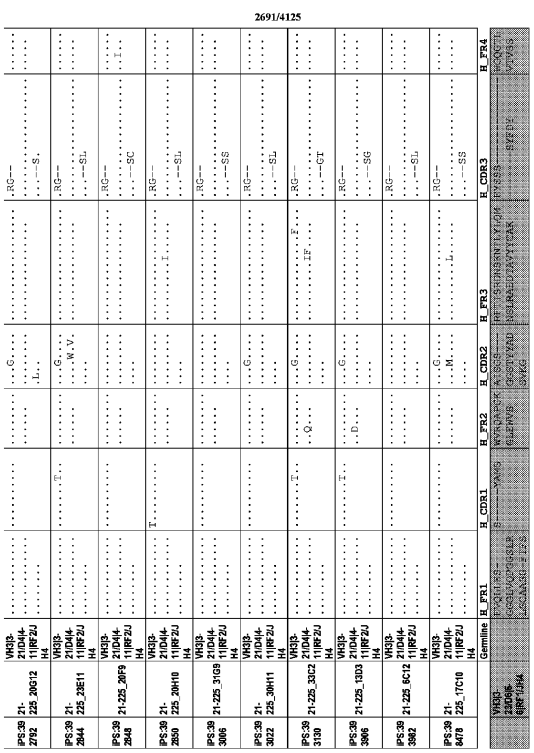
【図５２－１７５】



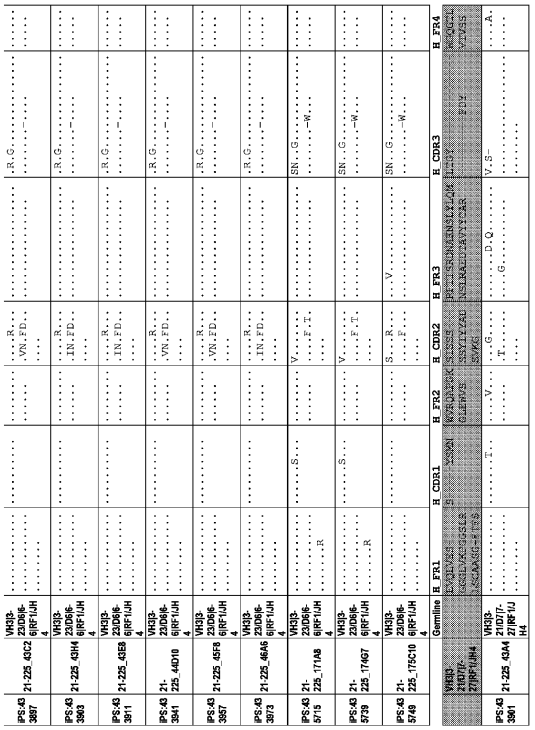
【図５２－１７６】



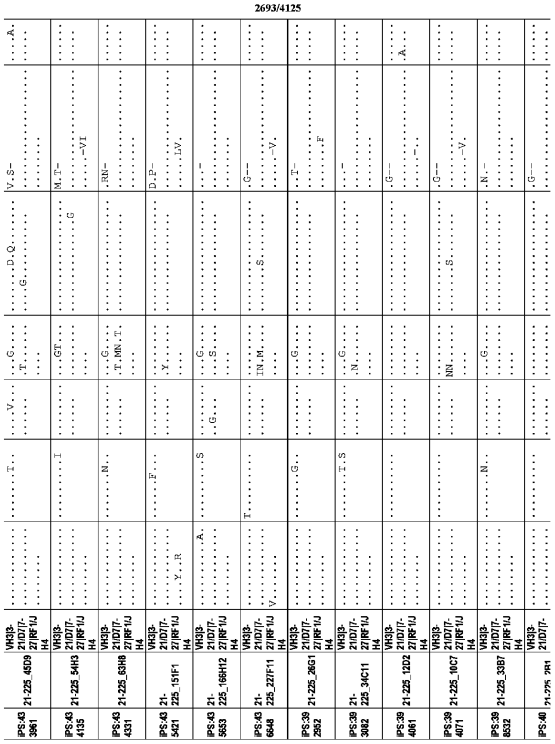
【図５２－１７７】



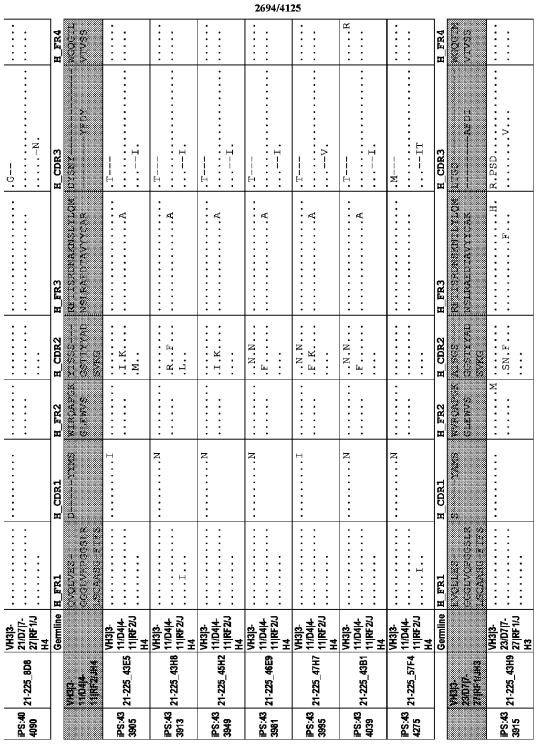
【図５２－１７８】



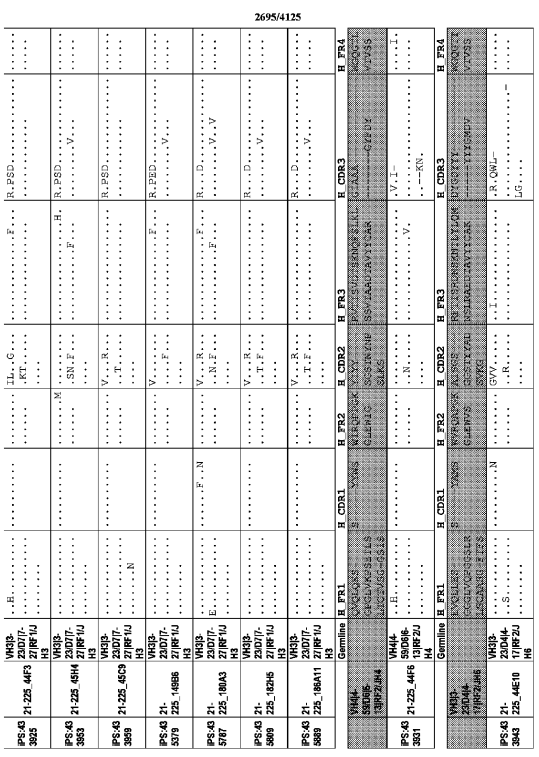
【図５２－１７９】



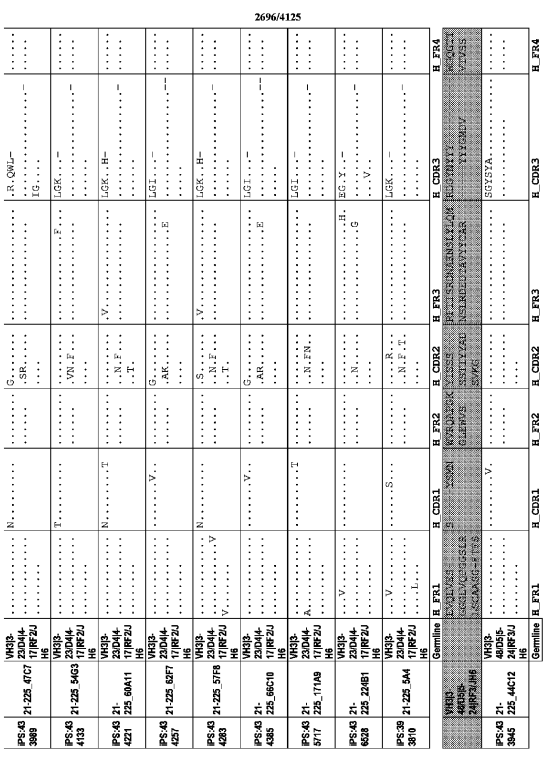
【図５２－１８０】



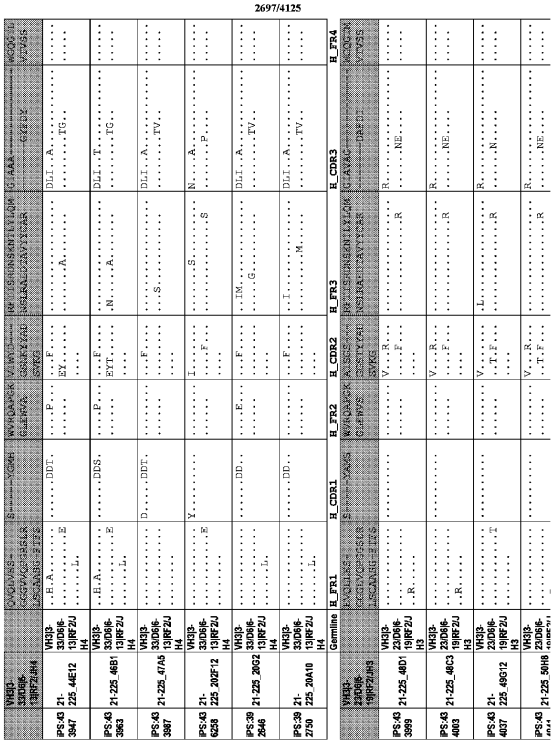
【図５２－１８１】



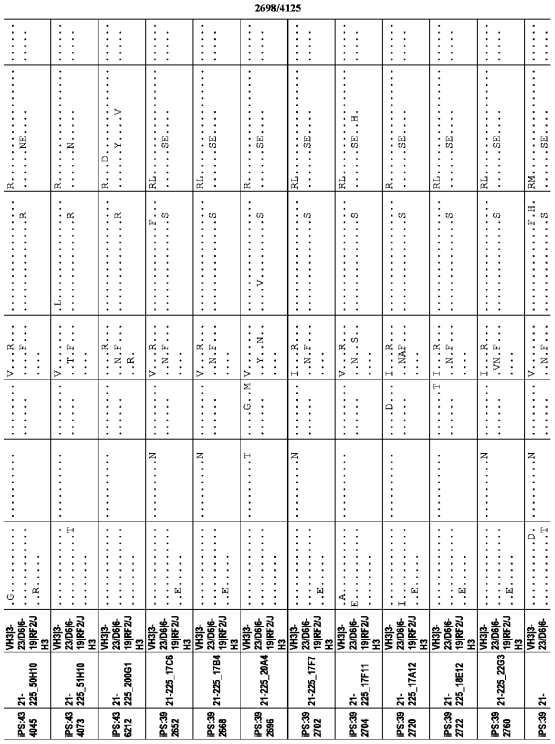
【図５２－１８２】



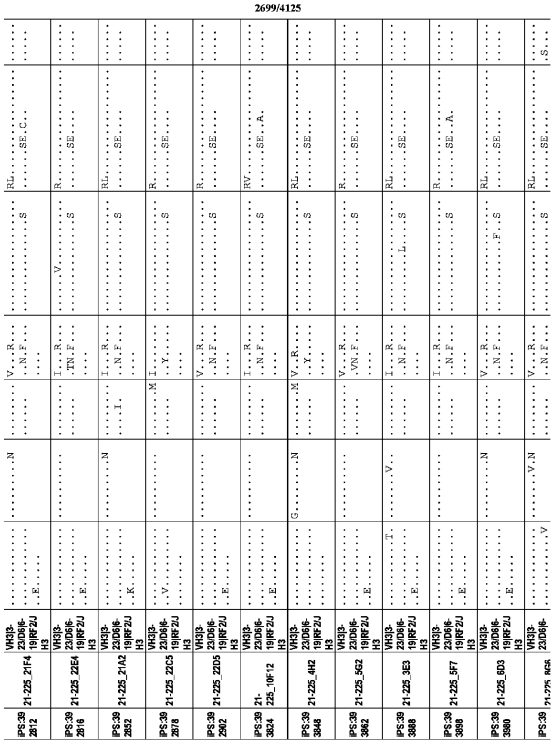
【図５２－１８３】



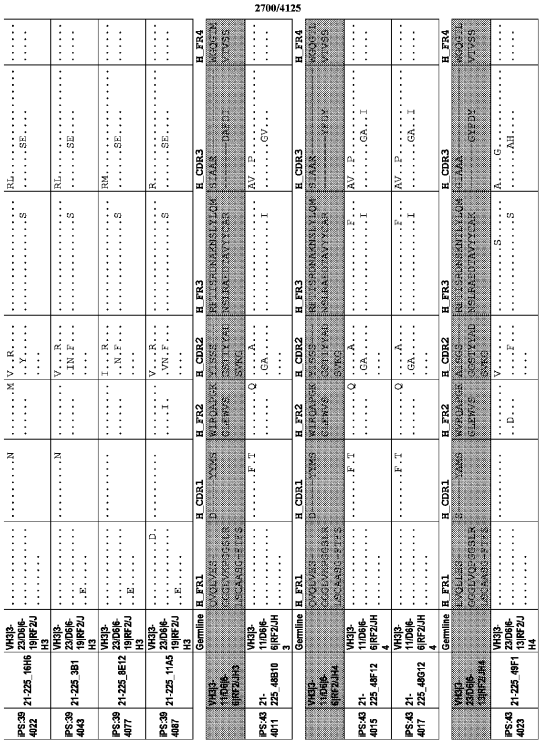
【図５２－１８４】



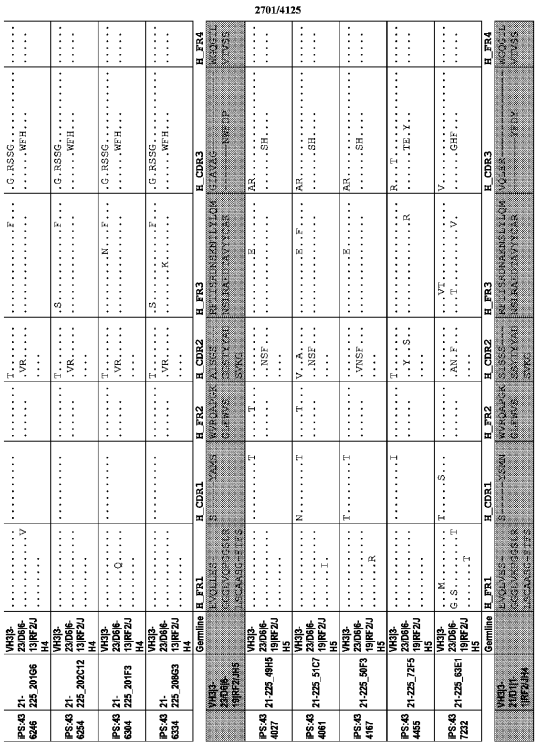
【図５２－１８５】



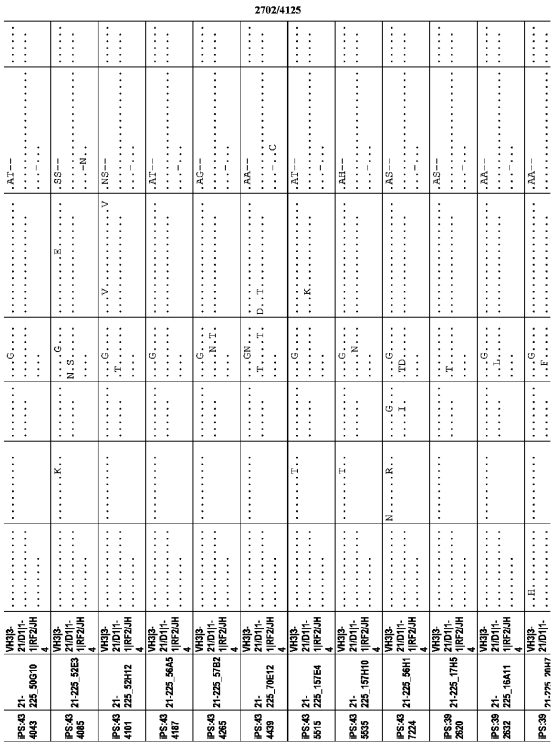
【図５２－１８６】



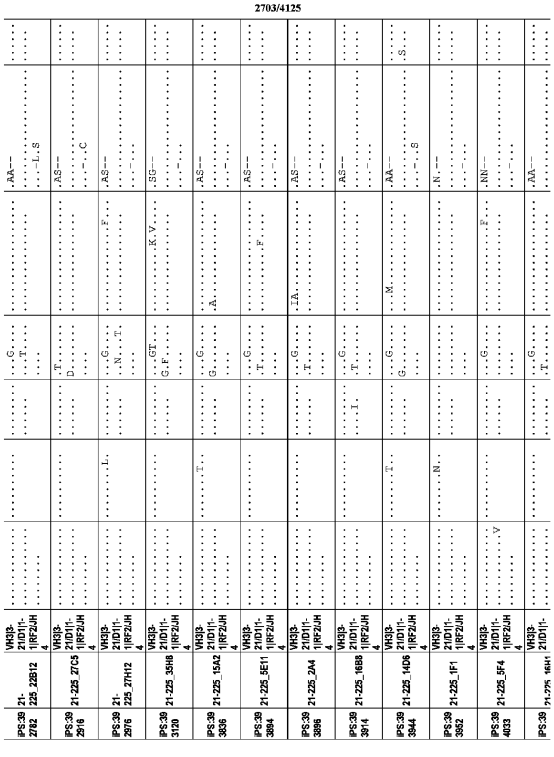
【図５２－１８７】



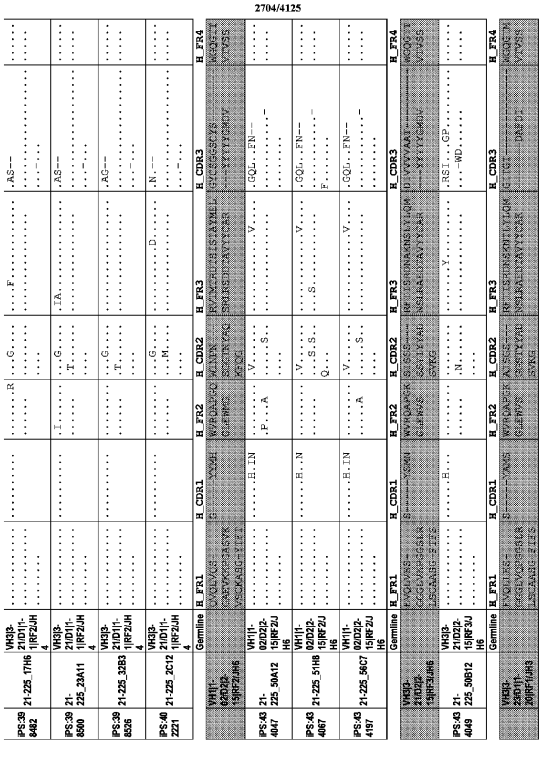
【図５２－１８８】



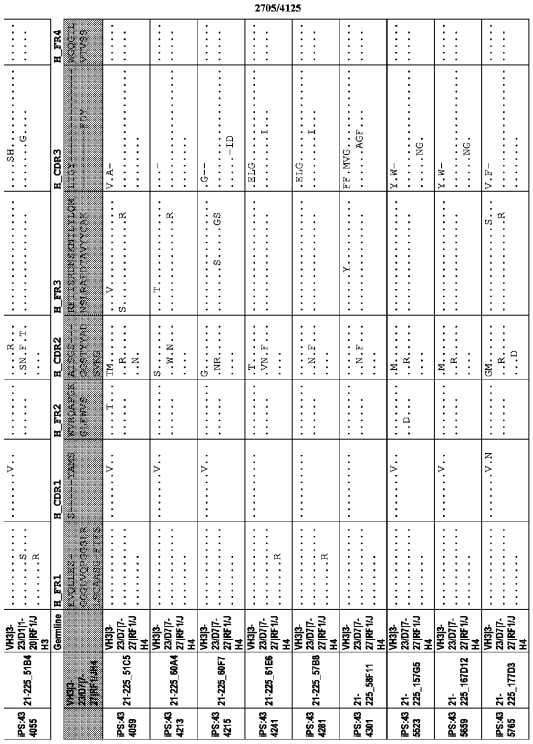
【図５２－１８９】



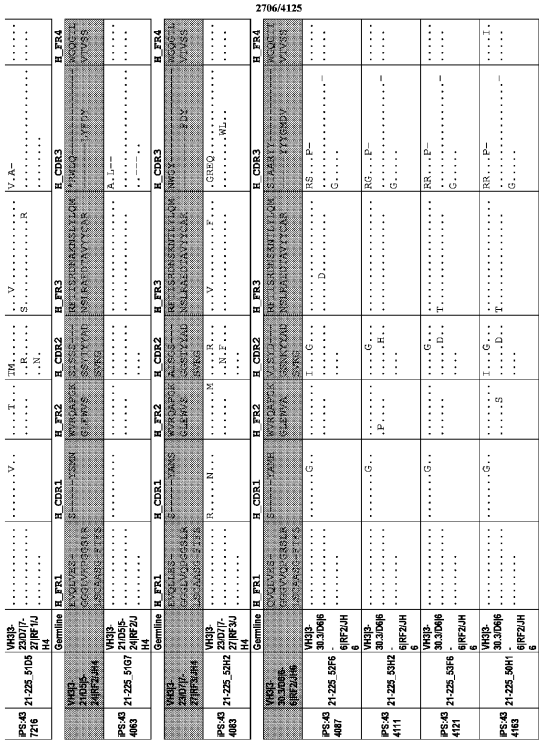
【図５２－１９０】



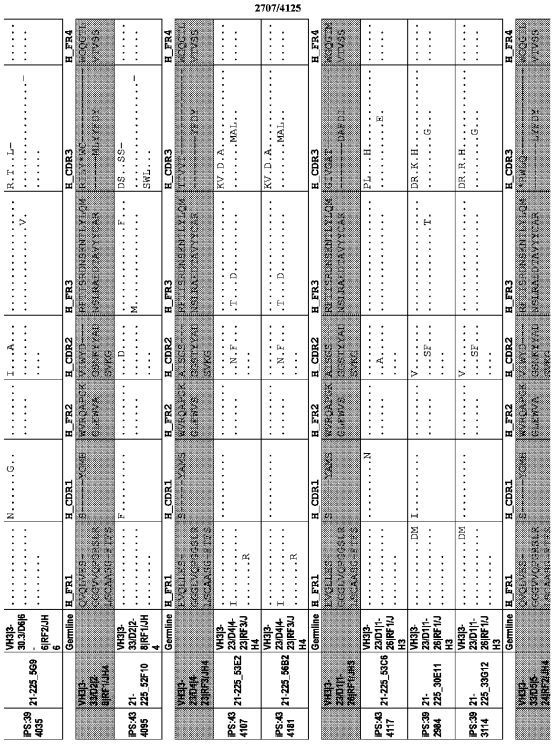
【図５２－１９１】



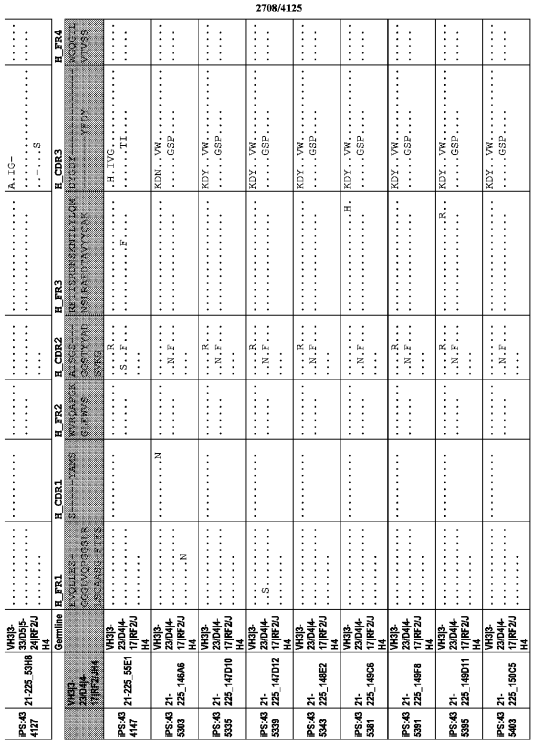
【図５２－１９２】



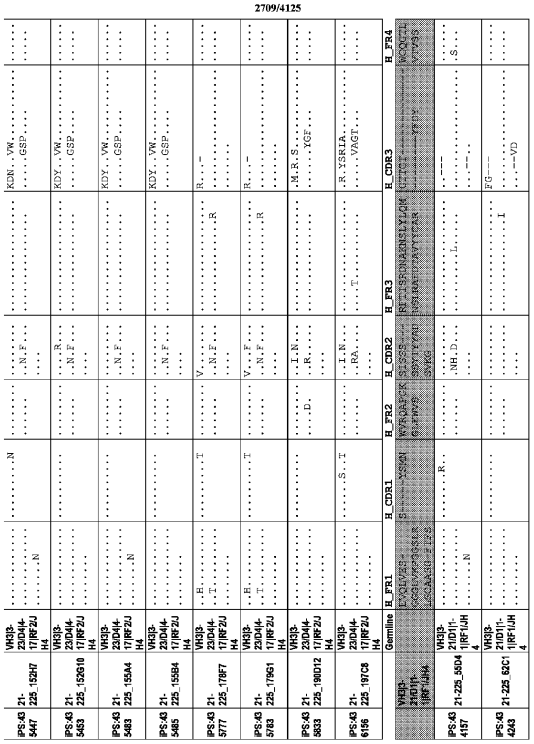
【図５２－１９３】



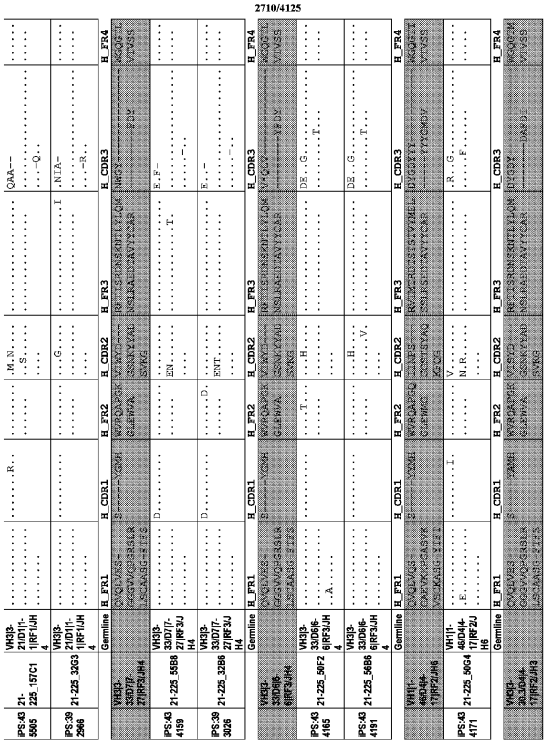
【図５２－１９４】



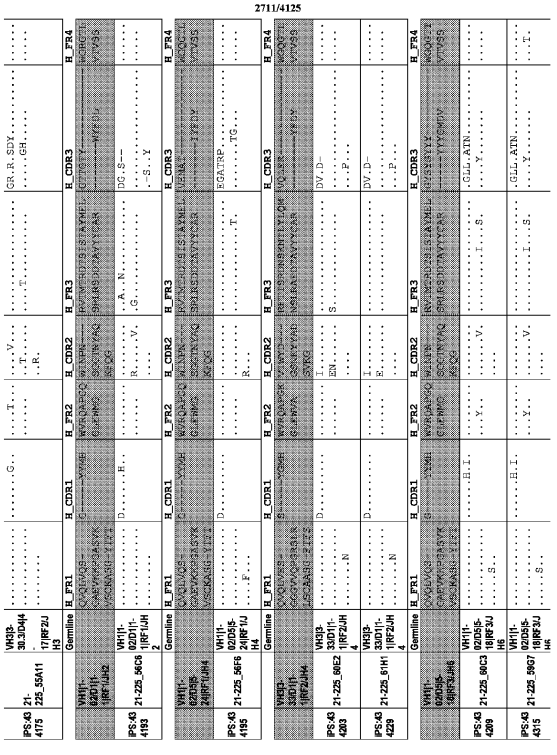
【図５２－１９５】



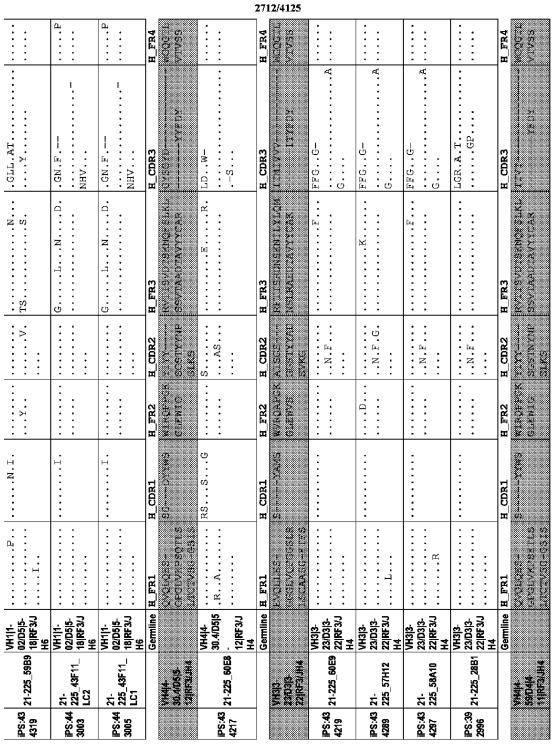
【図５２－１９６】



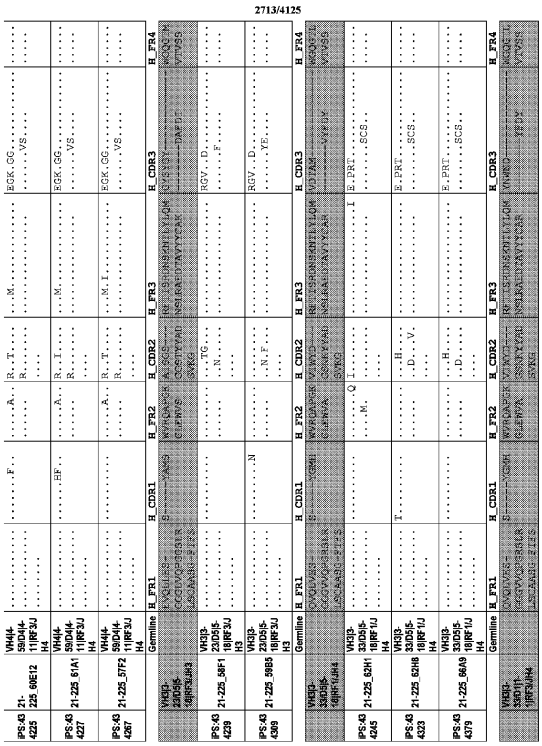
【図５２－１９７】



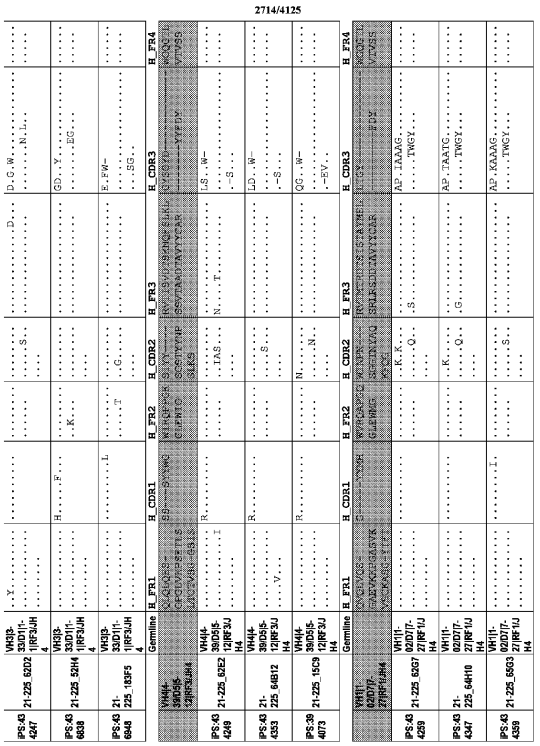
【図５２－１９８】



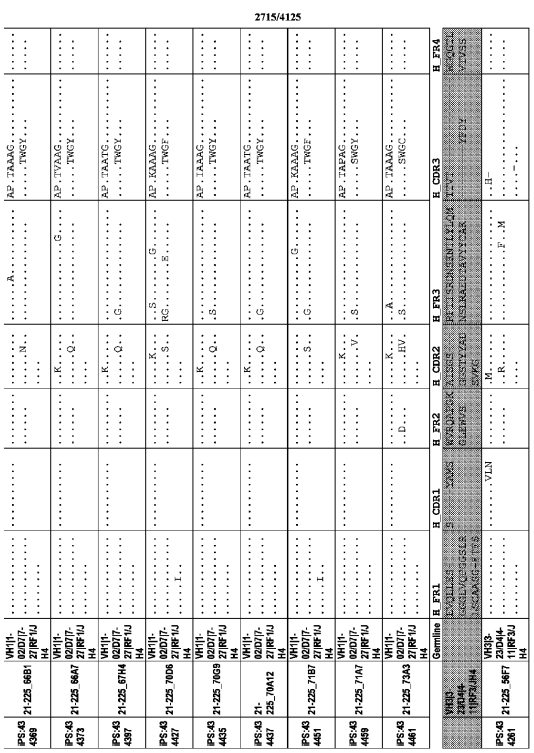
【図５２－１９９】



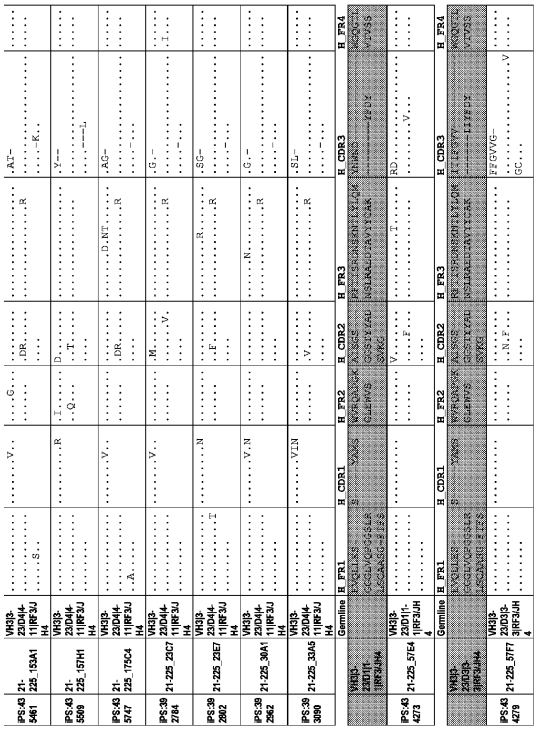
【図５２－２００】



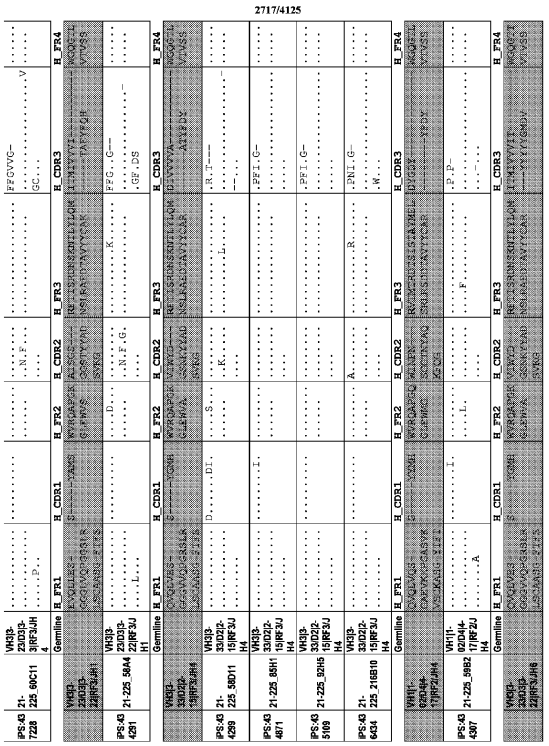
【図５２－２０１】



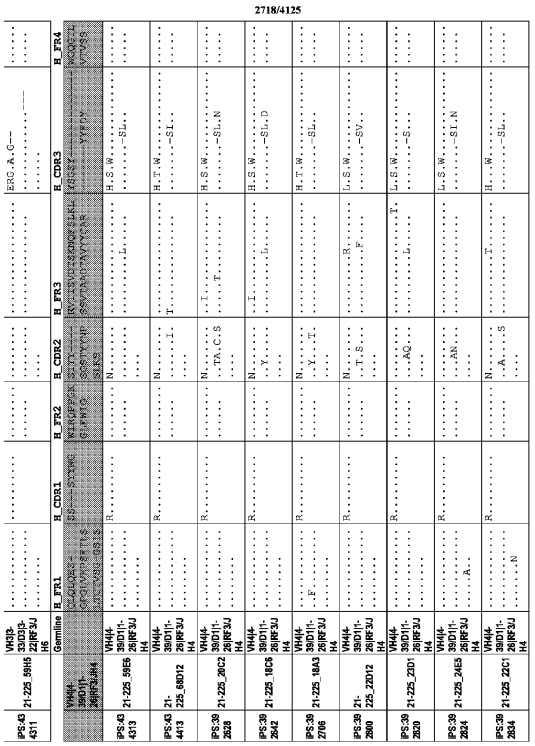
【図５２－２０２】



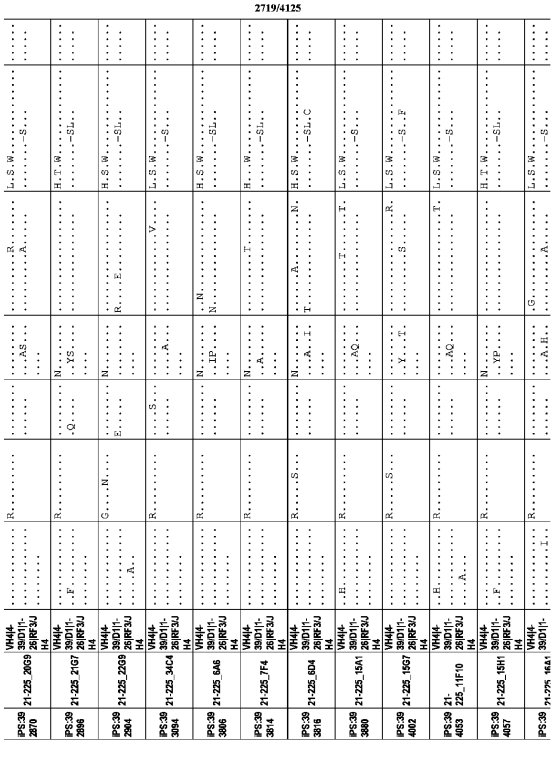
【図５２－２０３】



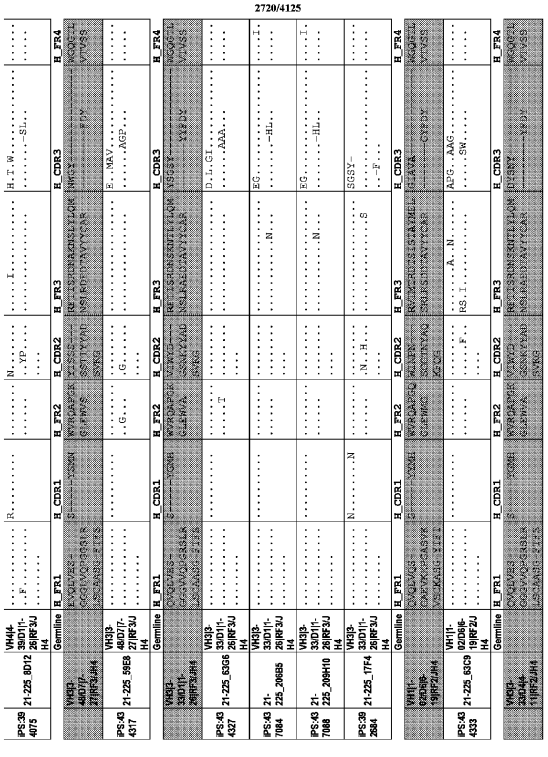
【図５２－２０４】



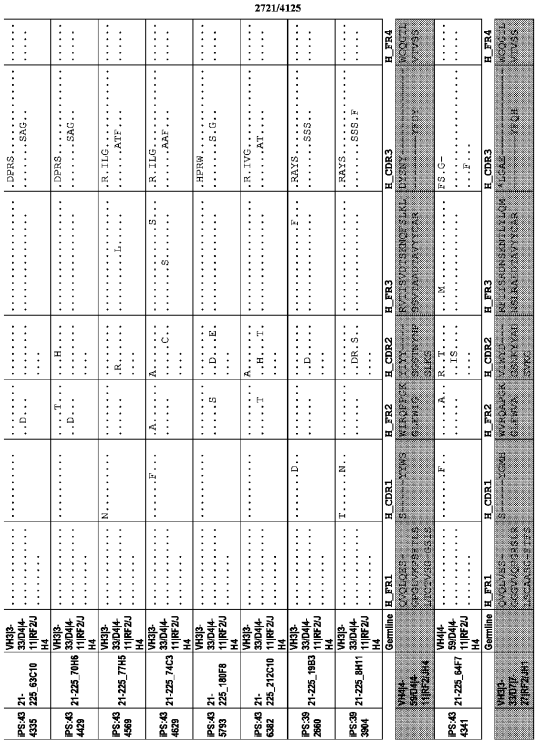
【図５２－２０５】



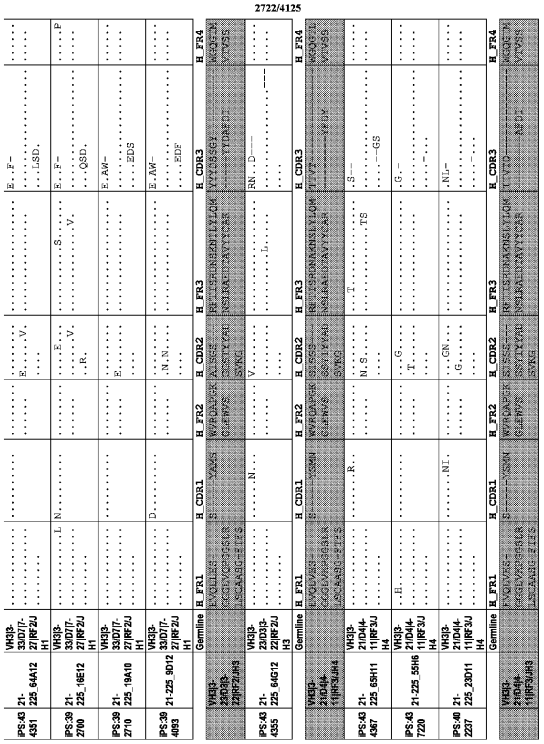
【図５２－２０６】



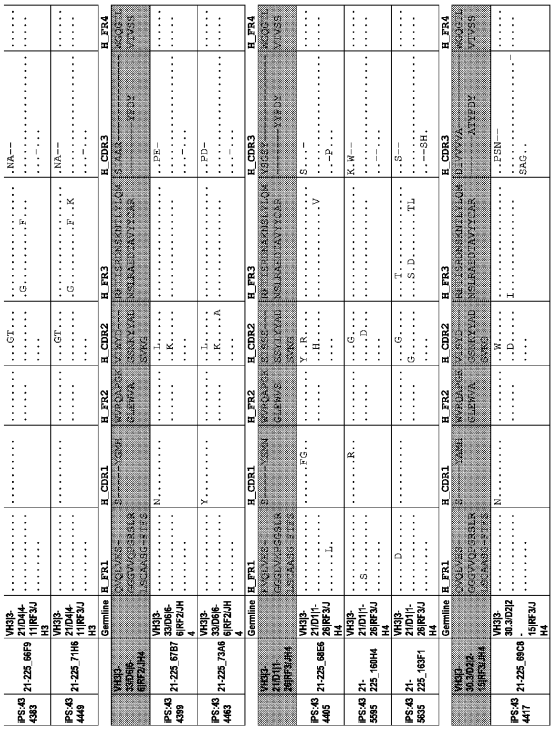
【図５２－２０７】



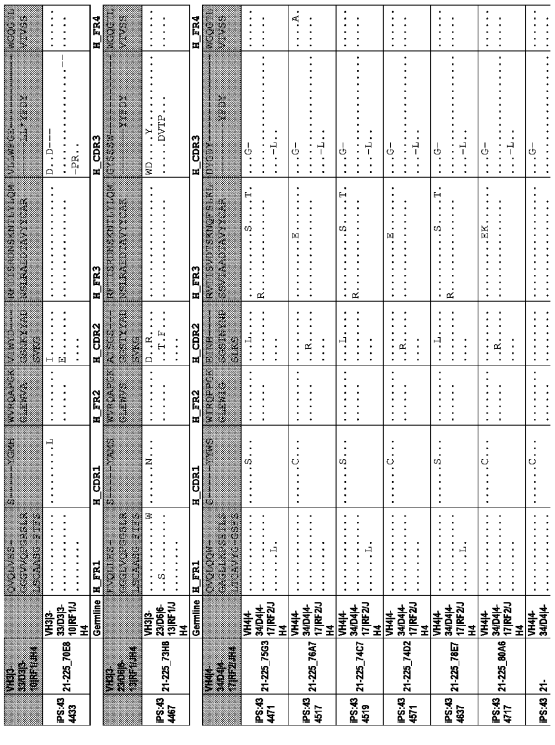
【図５２－２０８】



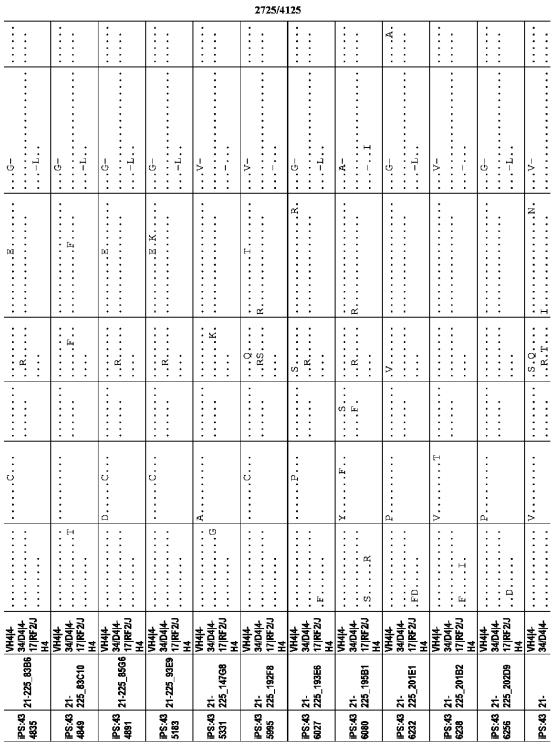
【図５２－２０９】



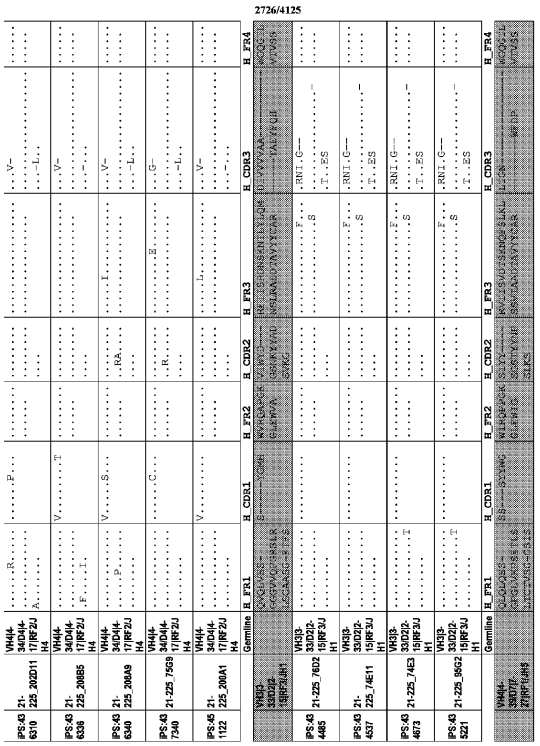
【図５２－２１０】



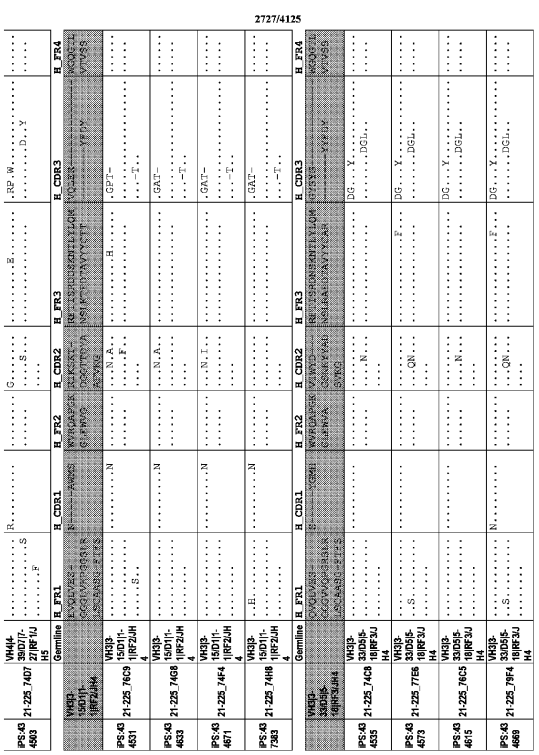
【図５２－２１１】



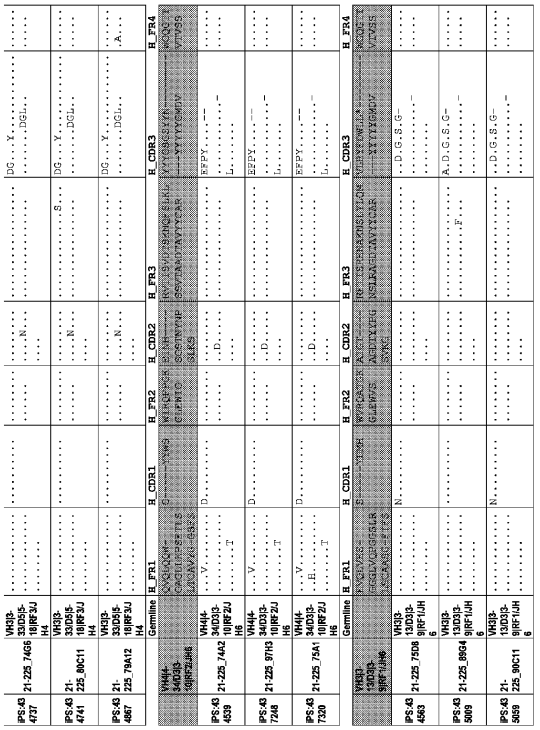
【図５２－２１２】



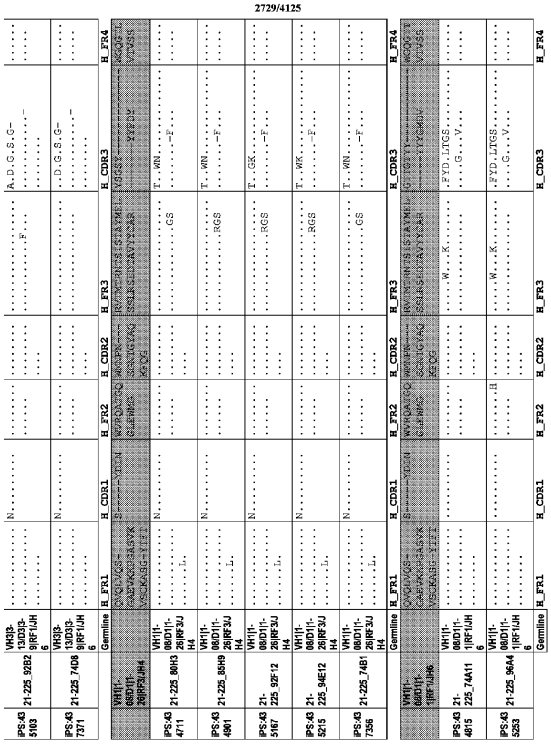
【図５２－２１３】



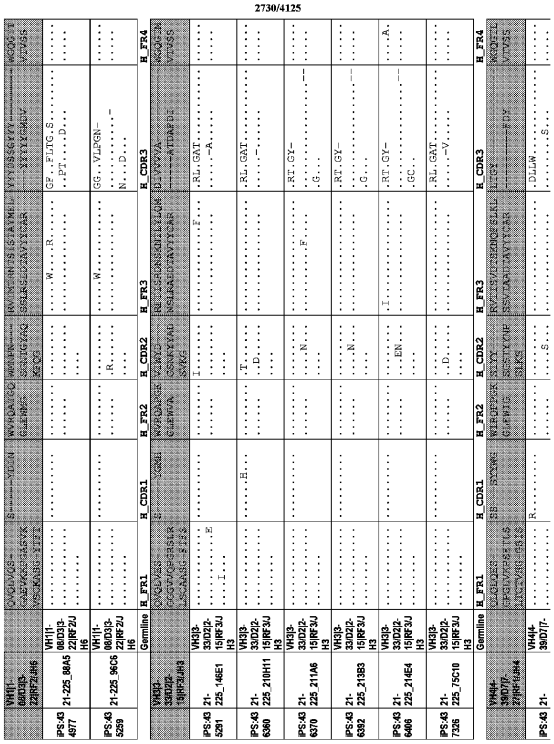
【図５２－２１４】



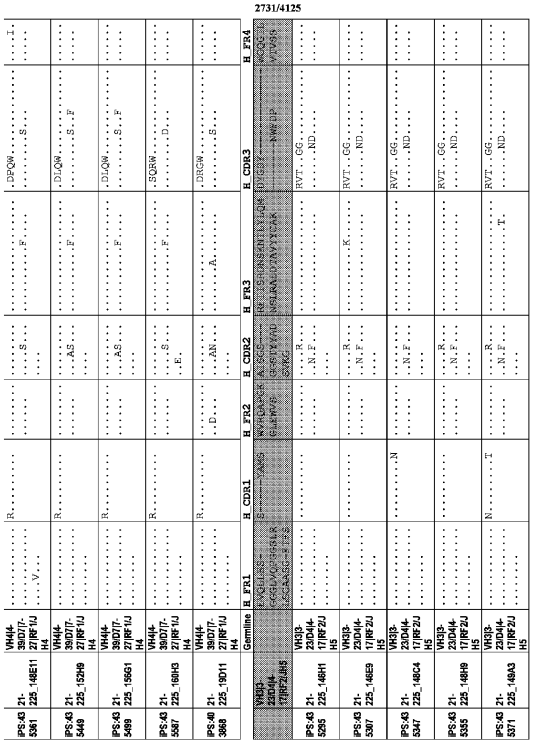
【図５２－２１５】



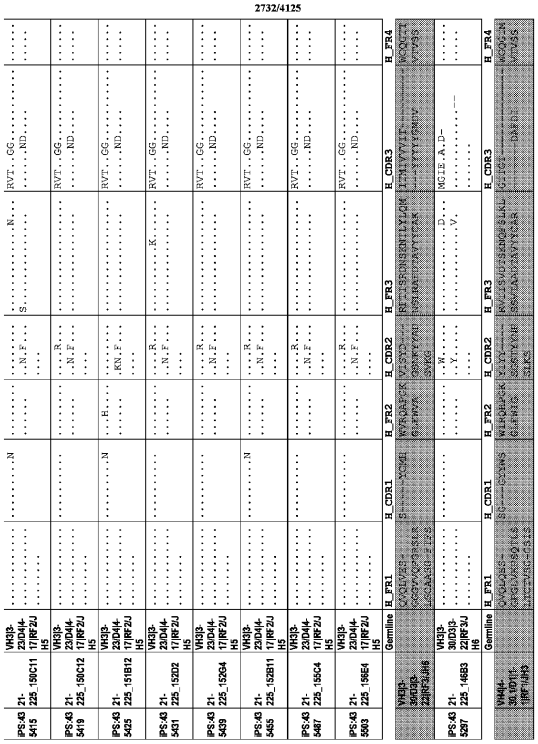
【図５２－２１６】



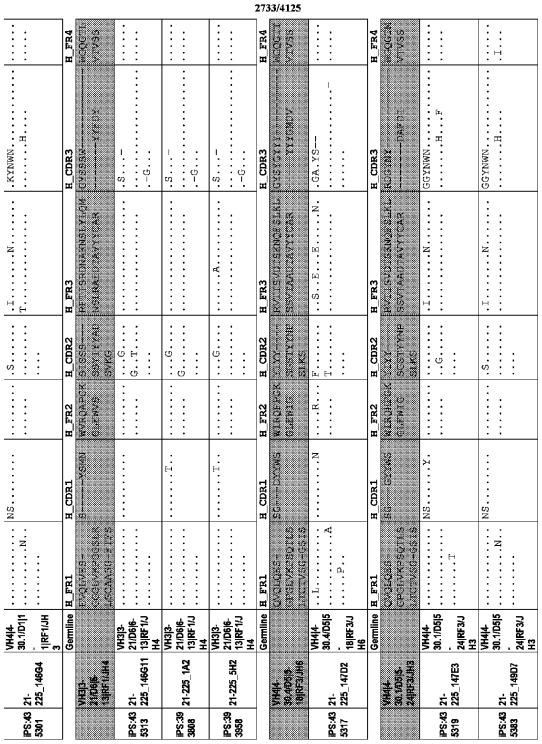
【図５２－２１７】



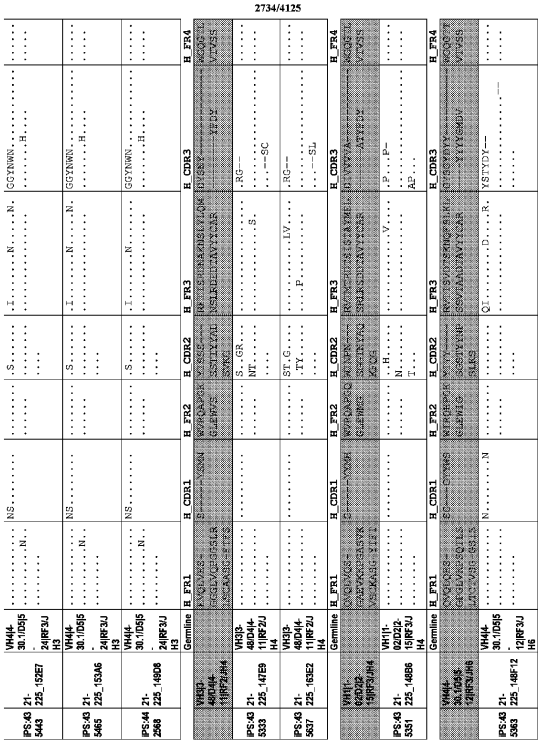
【図５２－２１８】



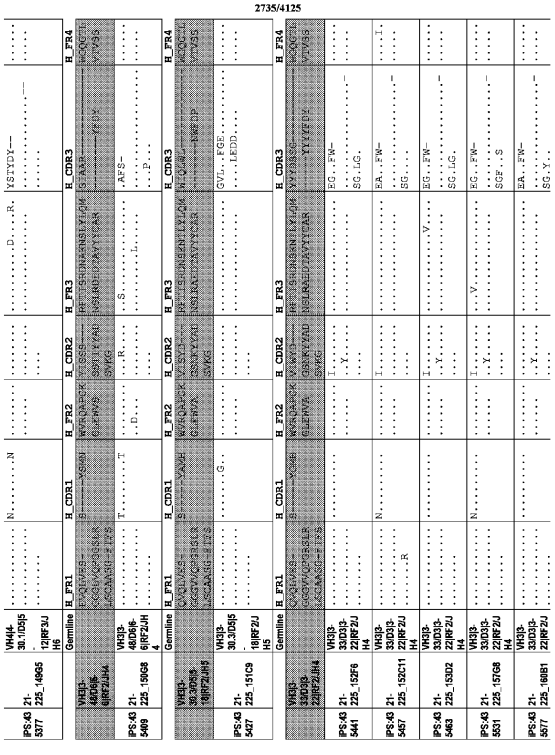
【図５２－２１９】



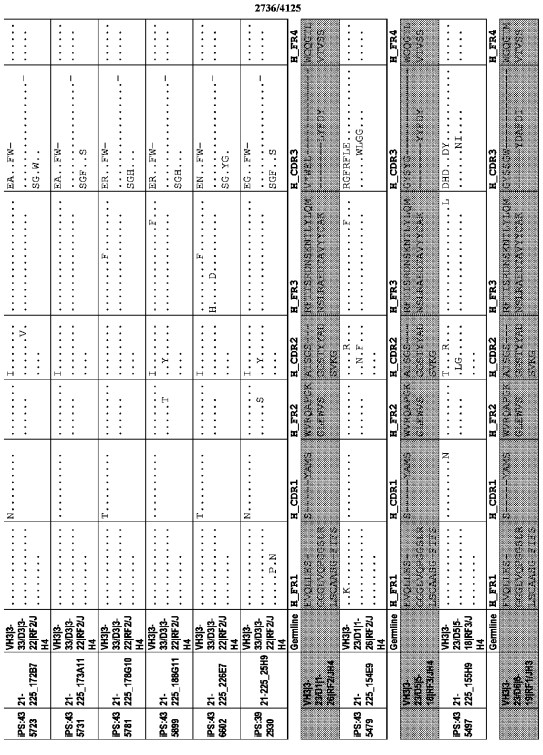
【図５２－２２０】



【図５２－２２１】



【図５２－２２２】



10

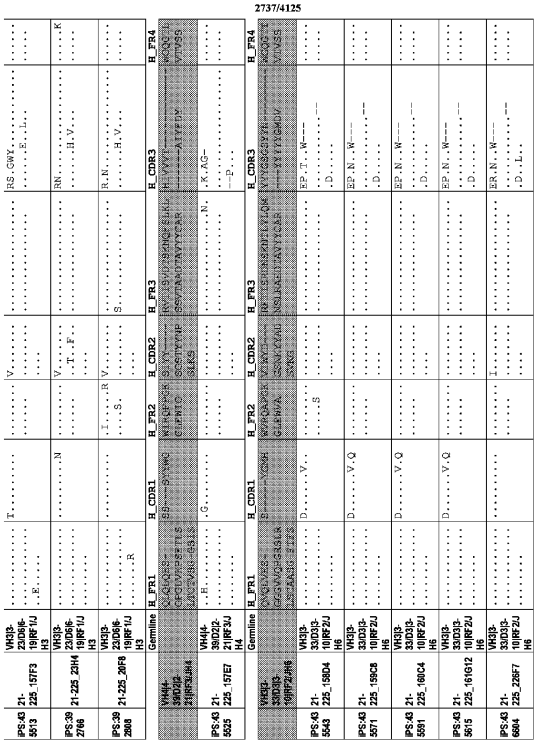
20

30

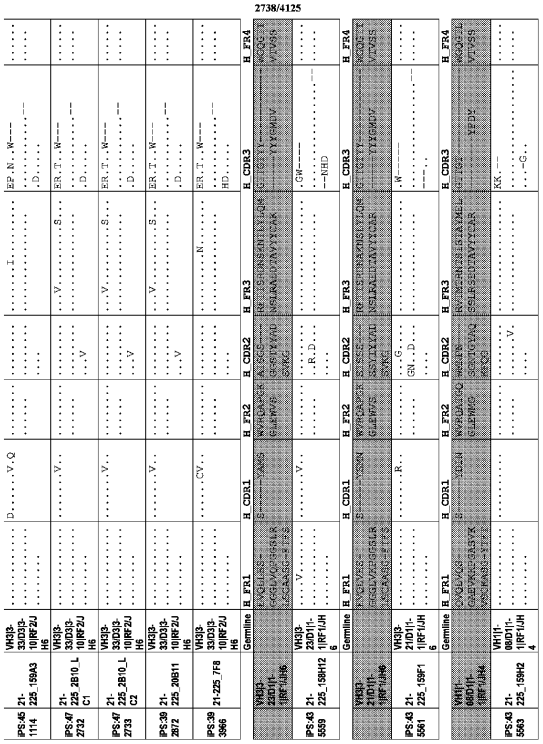
40

50

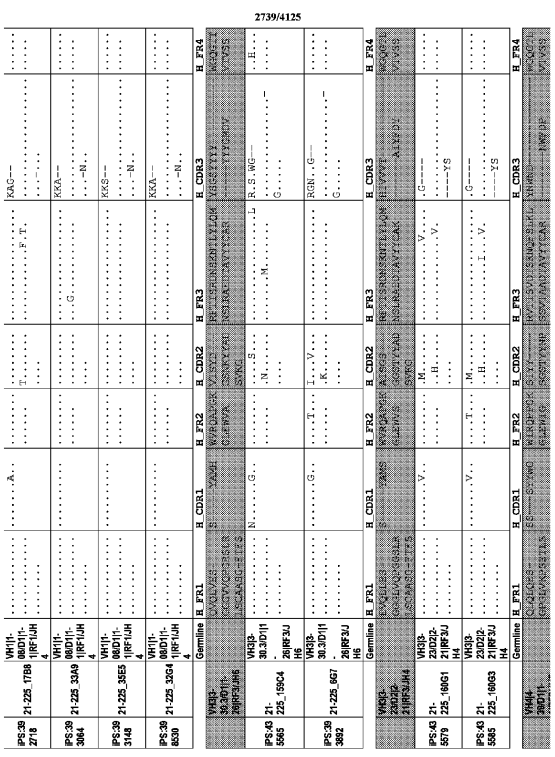
【図５２－２２３】



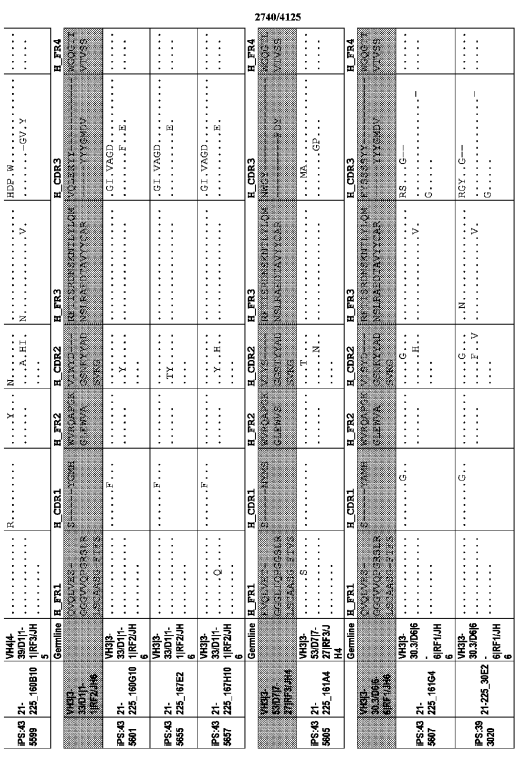
【図５２－２２４】



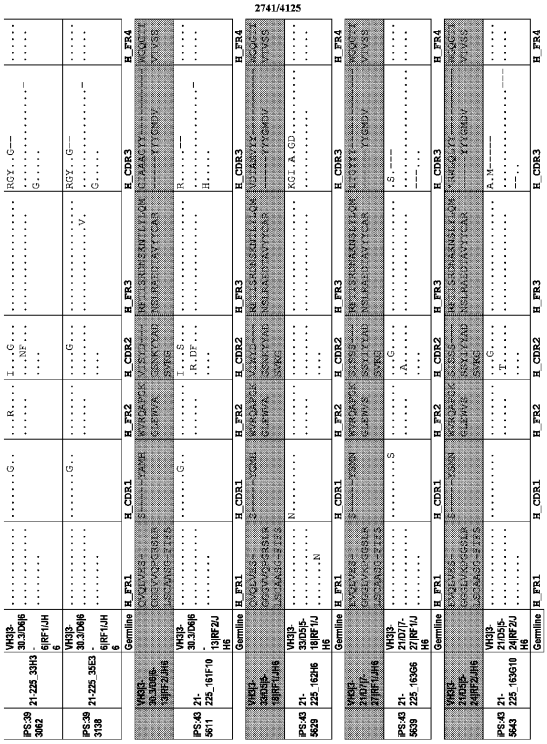
【図５２－２２５】



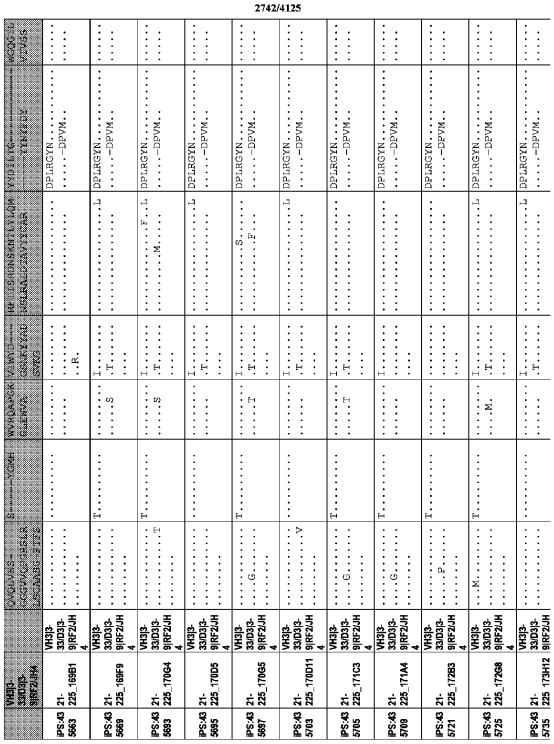
【図５２－２２６】



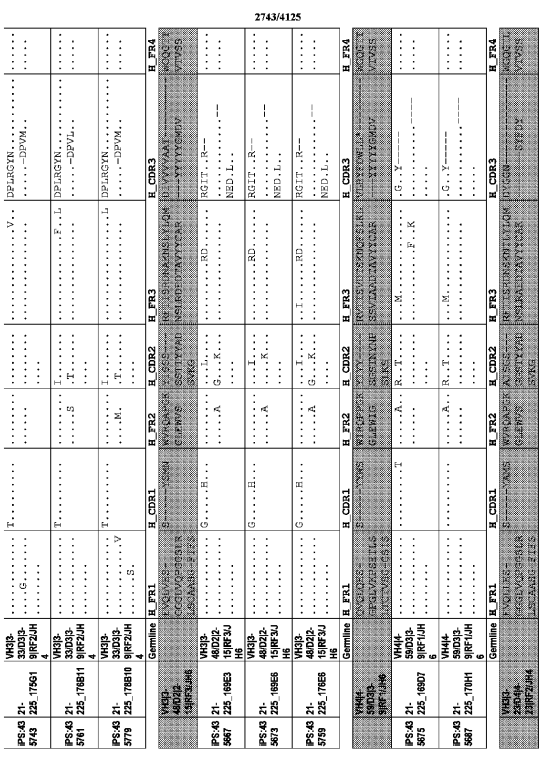
【図５２－２２７】



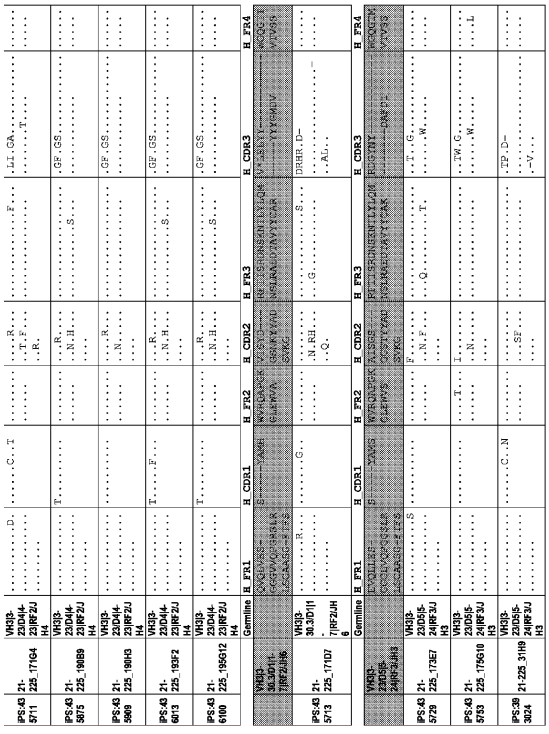
【図５２－２２８】



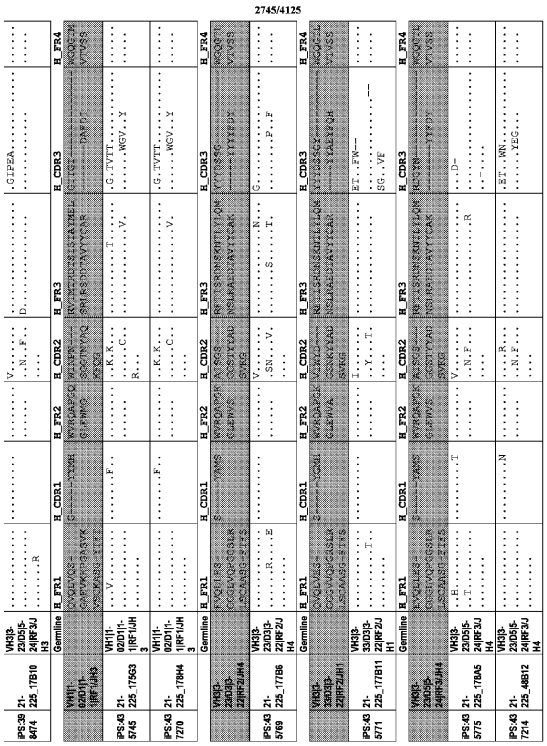
【図５２－２２９】



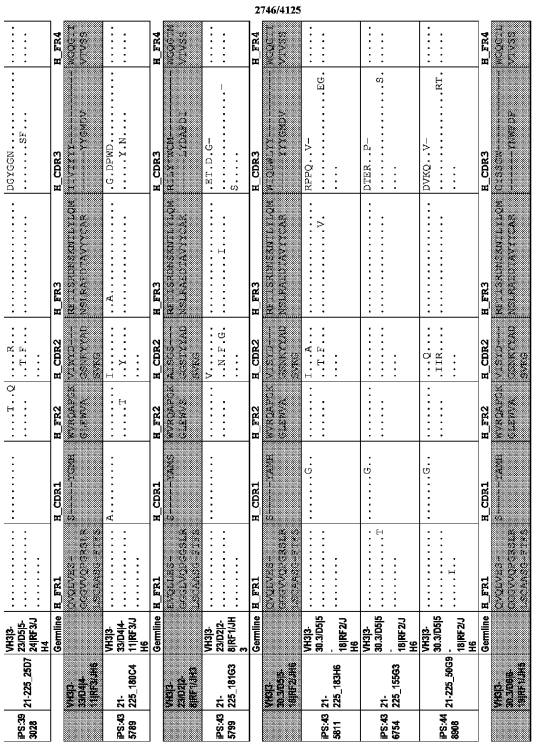
【図５２－２３０】



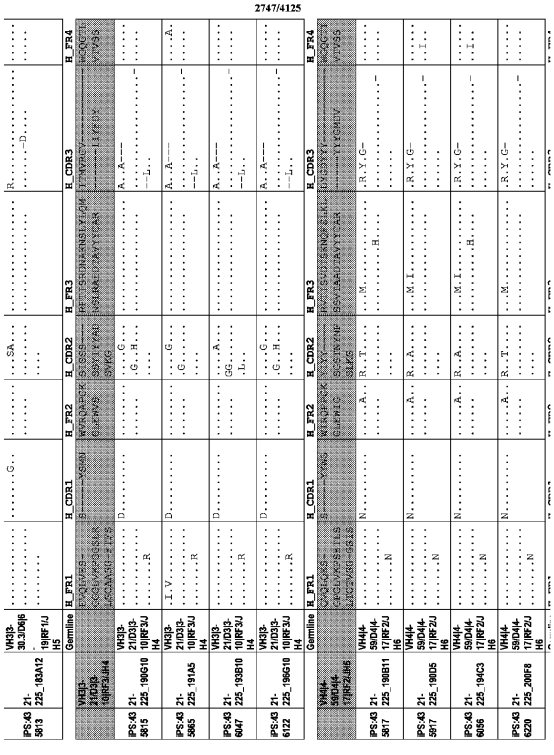
【図５２－２３１】



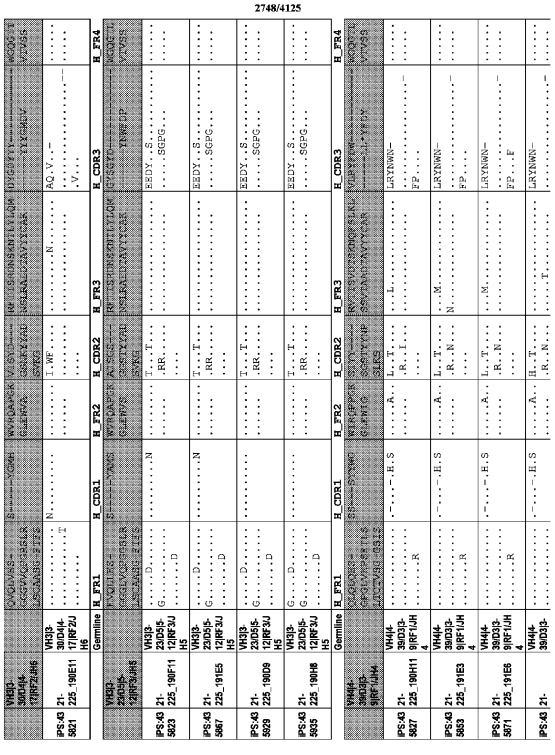
【図５２－２３２】



【図５２－２３３】



【図５２－２３４】



10

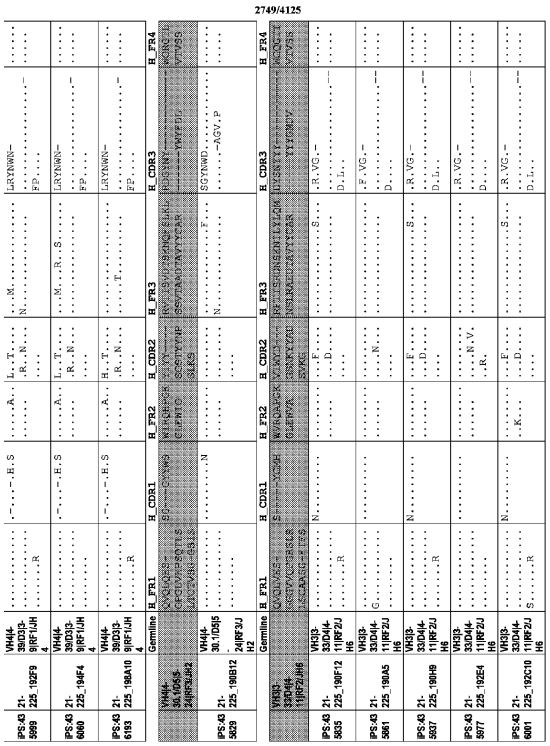
20

30

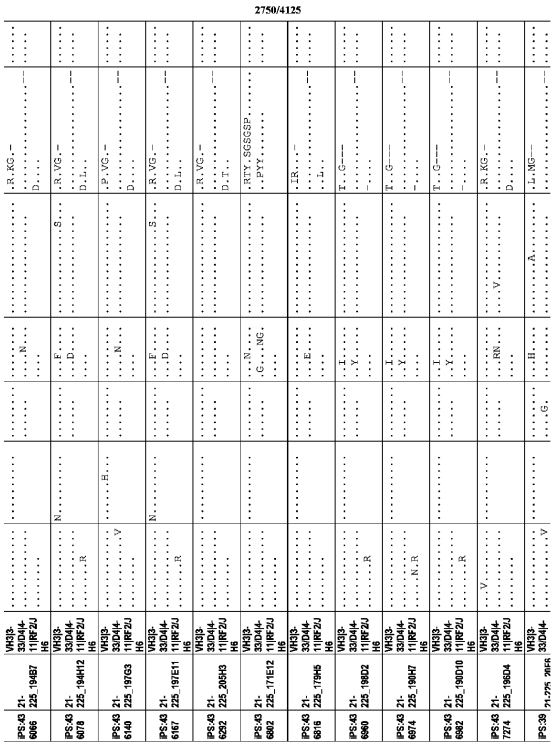
40

50

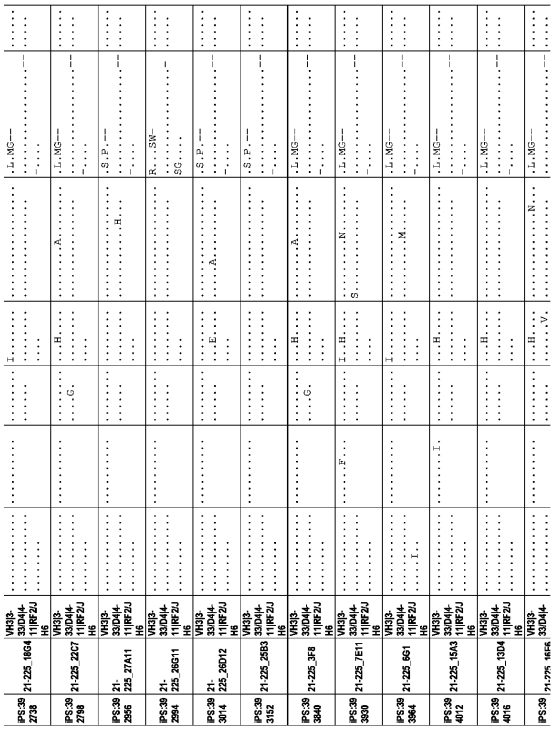
【図５２－２３５】



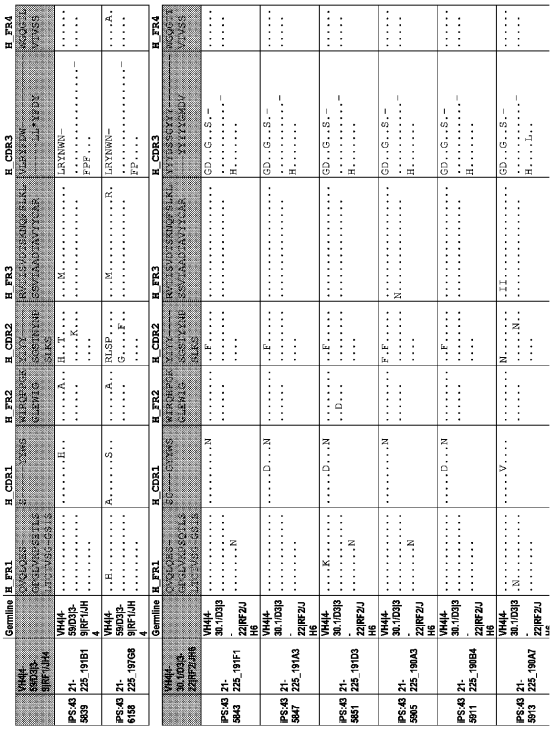
【図５２－２３６】



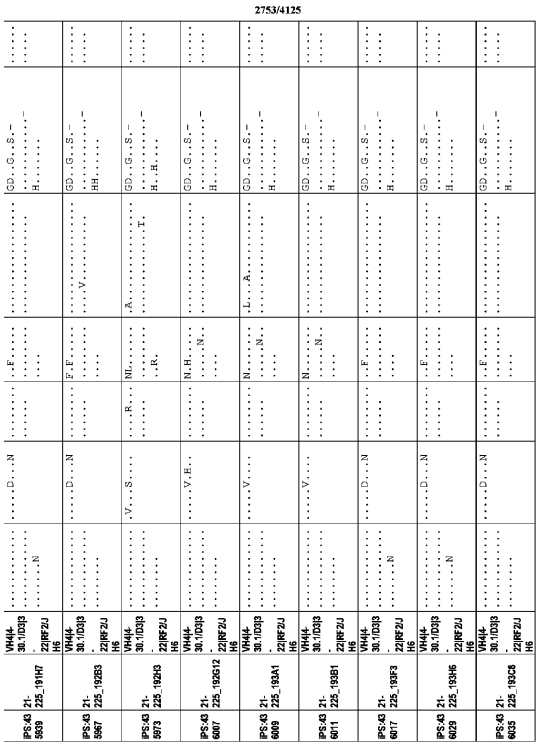
【図５２－２３７】



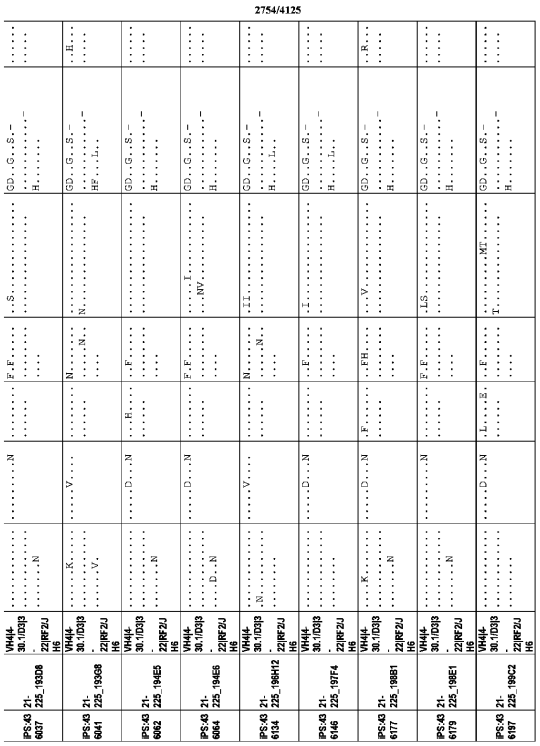
【図５２－２３８】



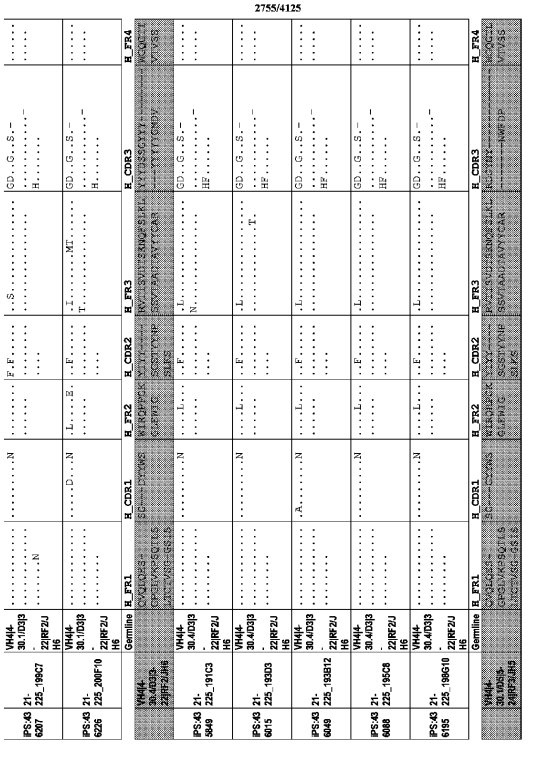
【図５２－２３９】



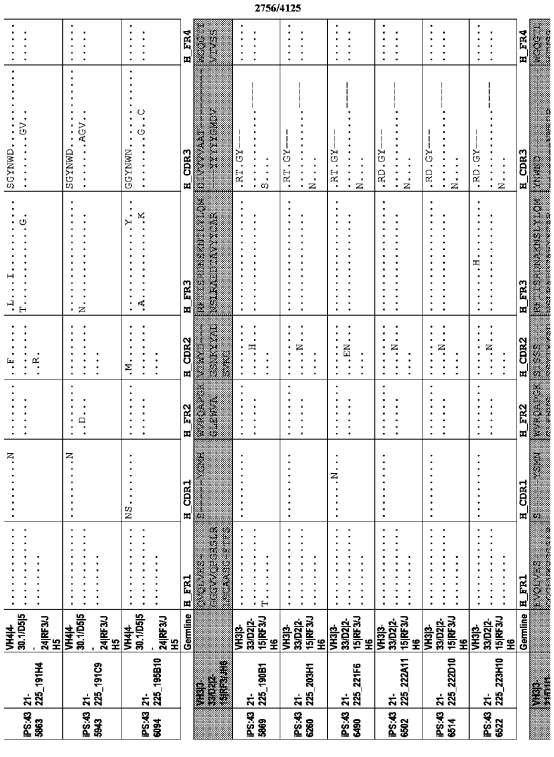
【図５２－２４０】



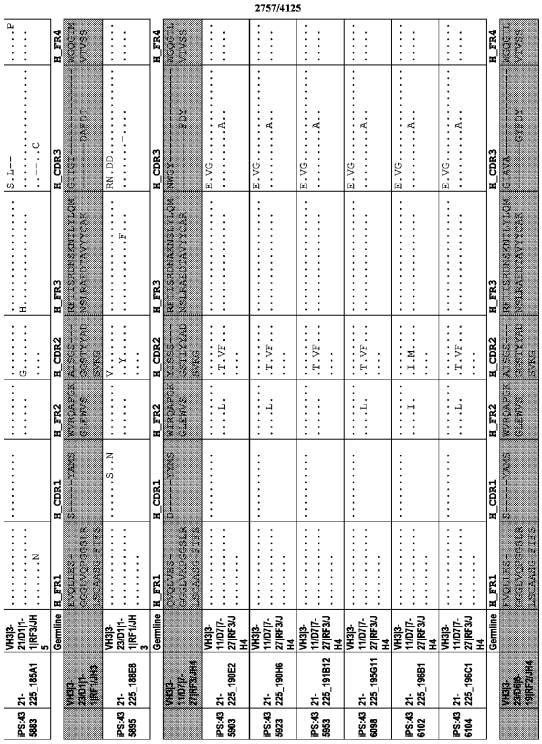
【図５２－２４１】



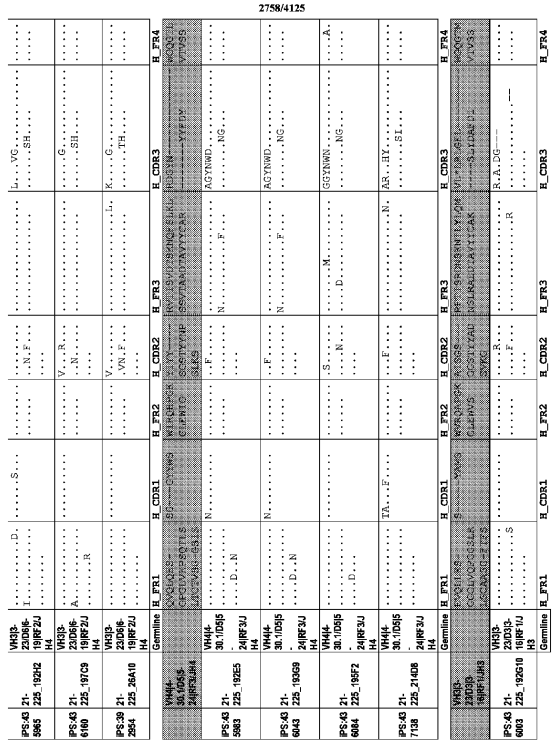
【図５２－２４２】



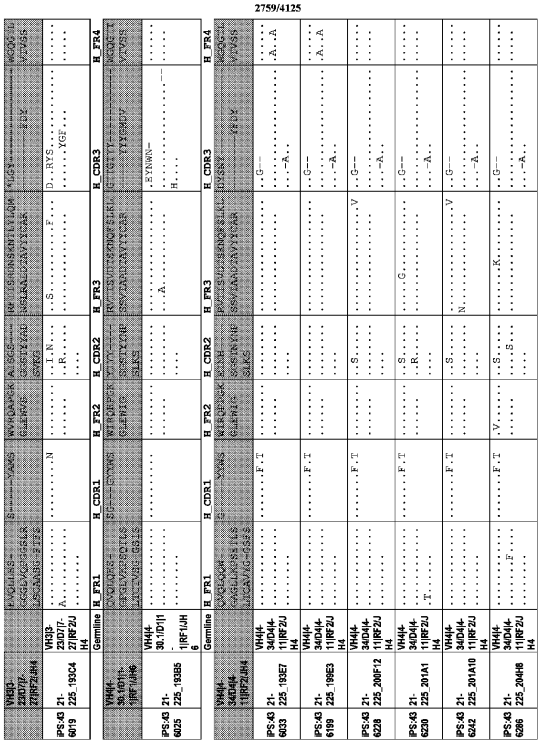
【図５２－２４３】



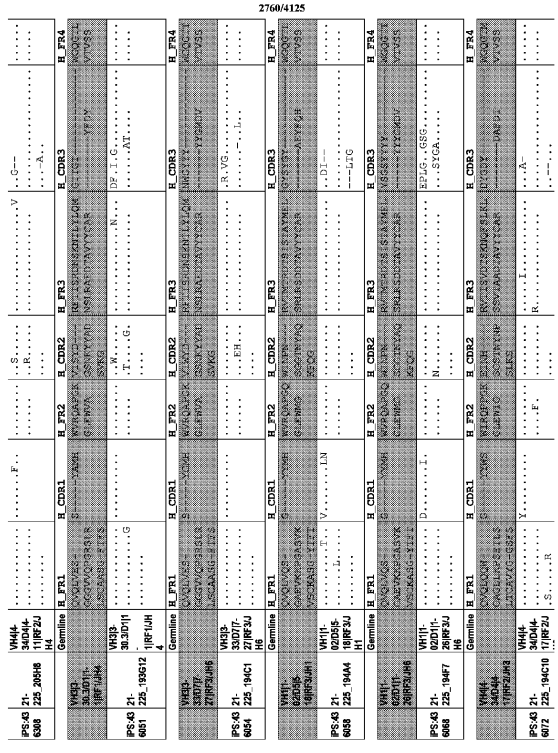
【図５２－２４４】



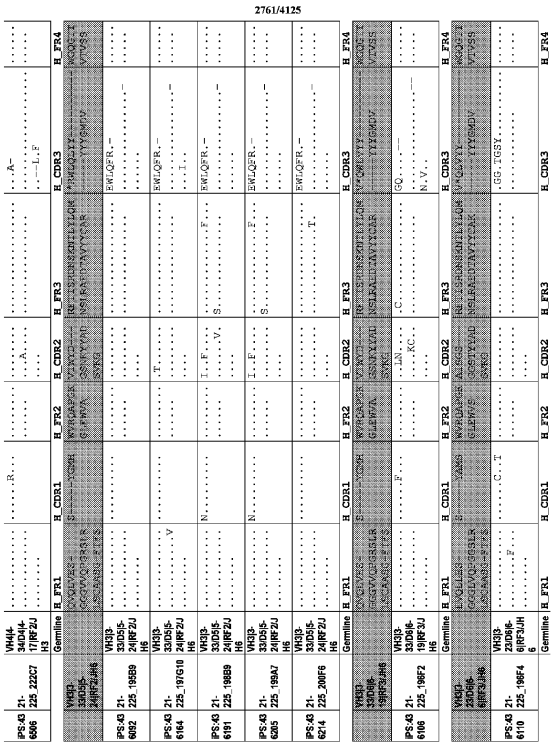
【図５２－２４５】



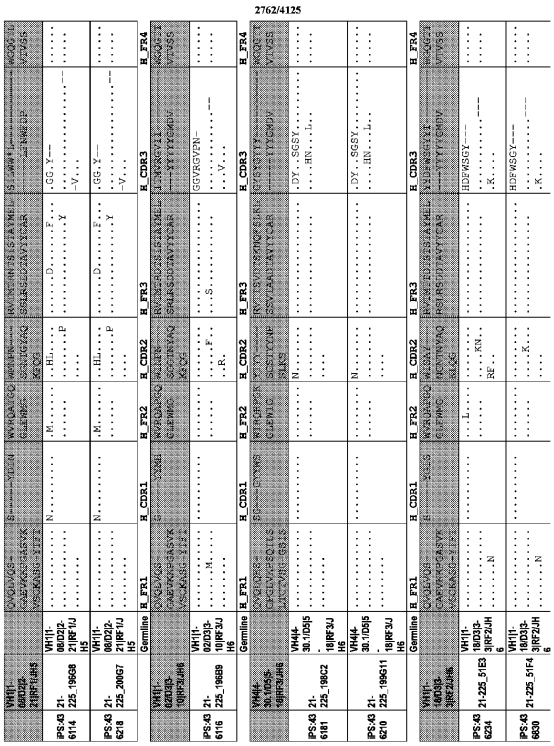
【図５２－２４６】



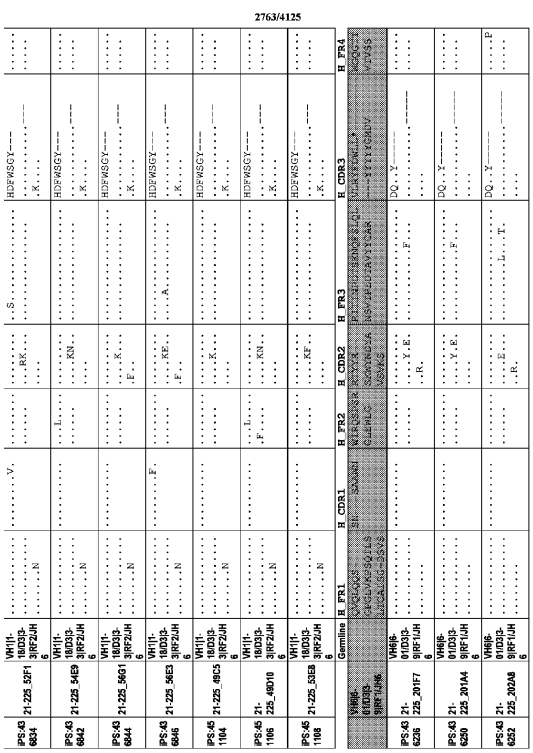
【図５２－２４７】



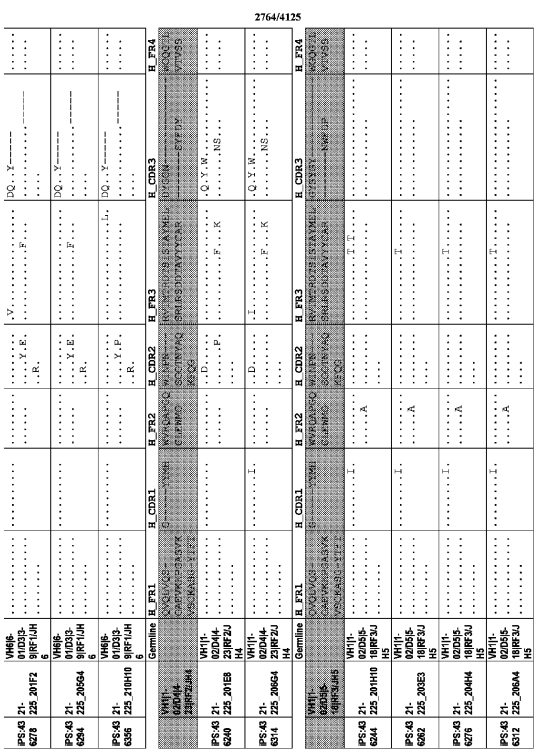
【図５２－２４８】



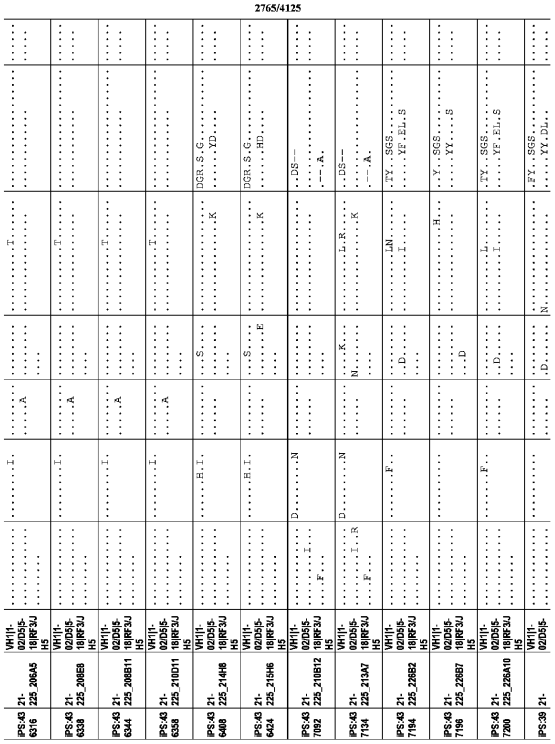
【図５２－２４９】



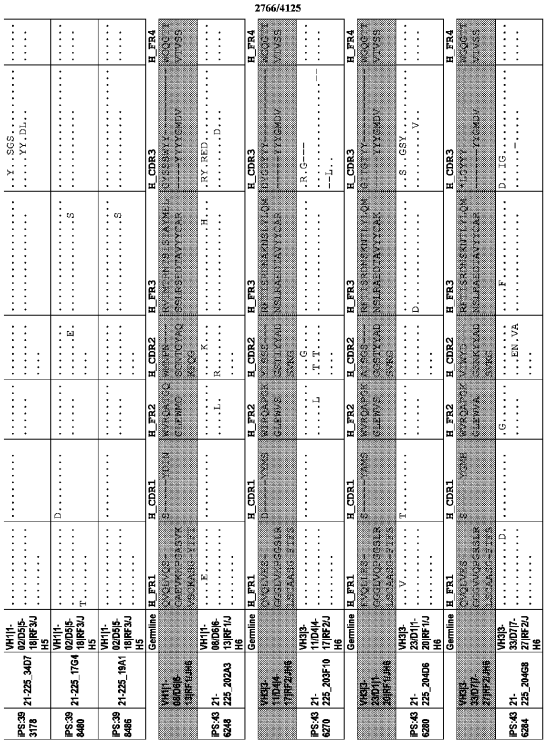
【図５２－２５０】



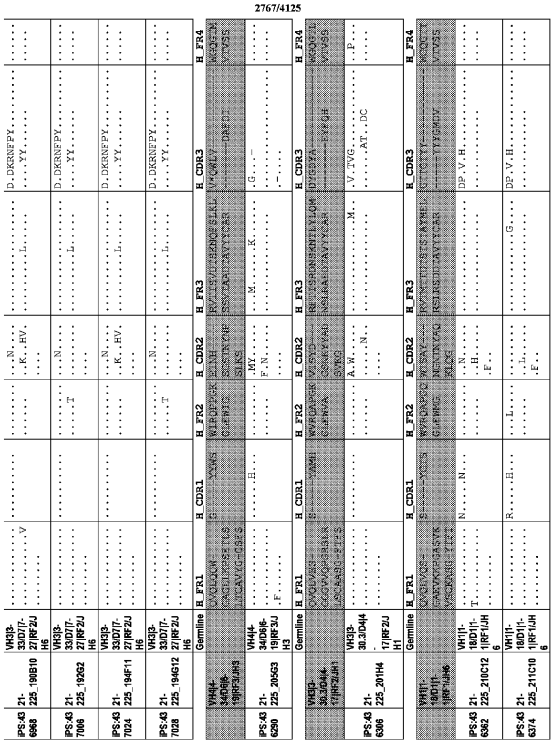
【図５２－２５１】



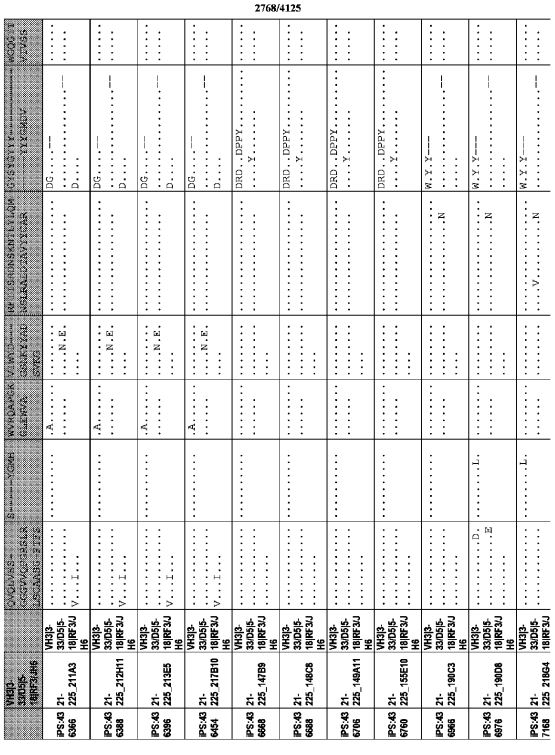
【図５２－２５２】



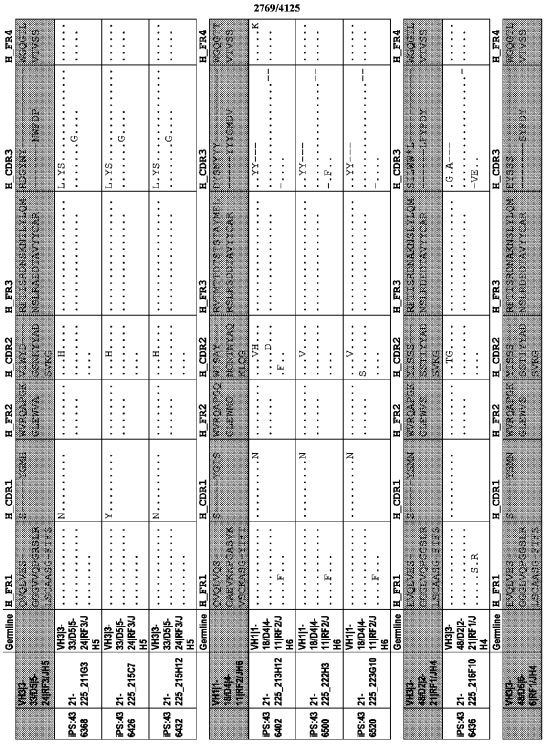
【図５２－２５３】



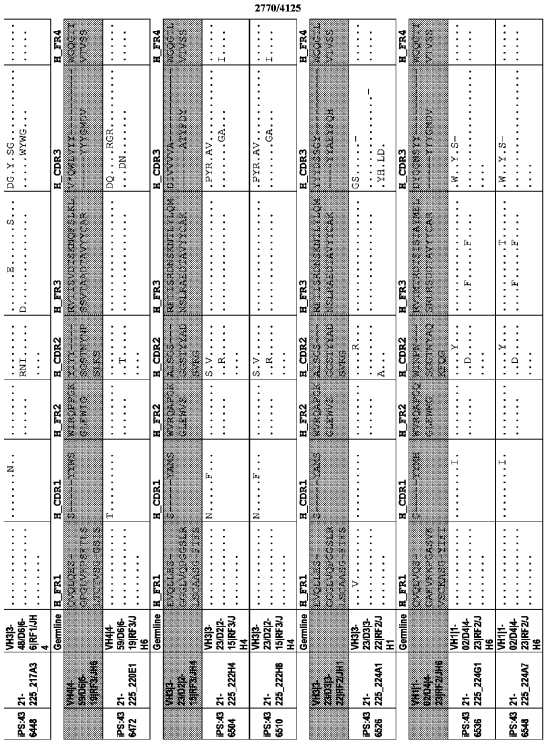
【図５２－２５４】



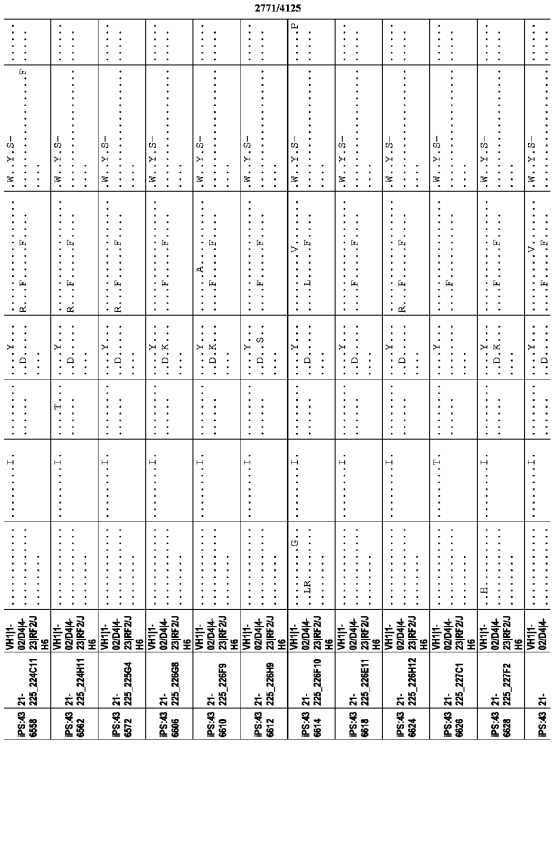
【図５２－２５５】



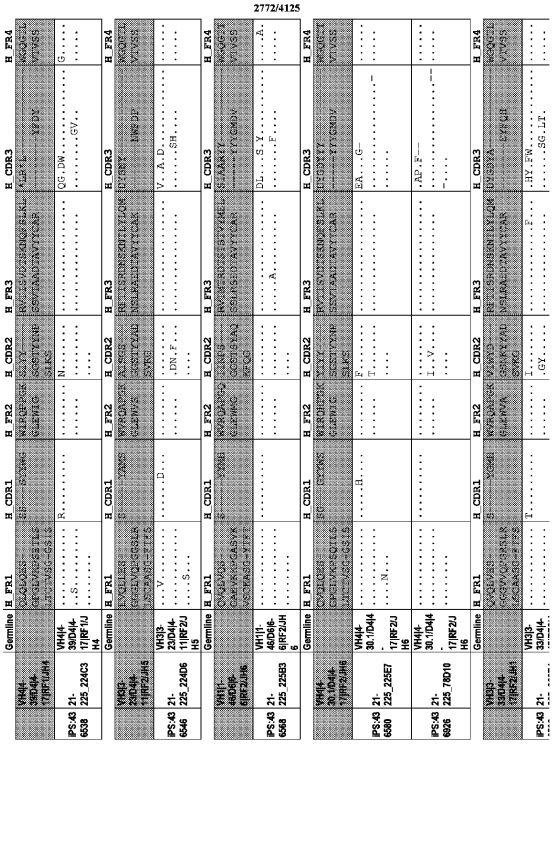
【図５２－２５６】



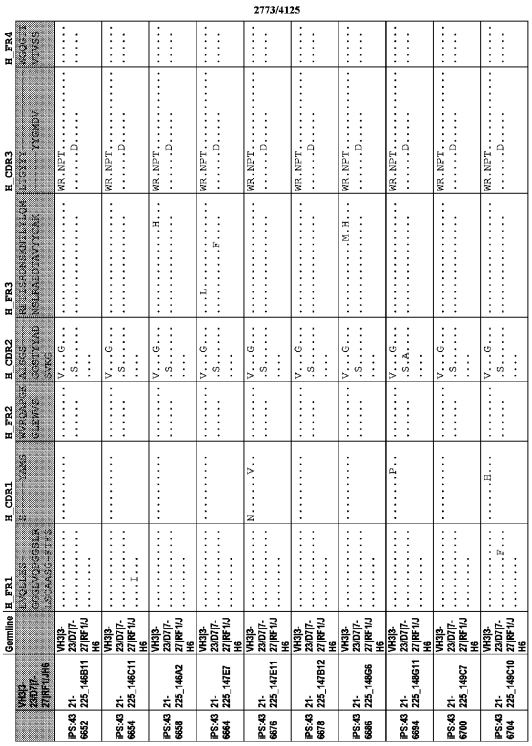
【図５２－２５７】



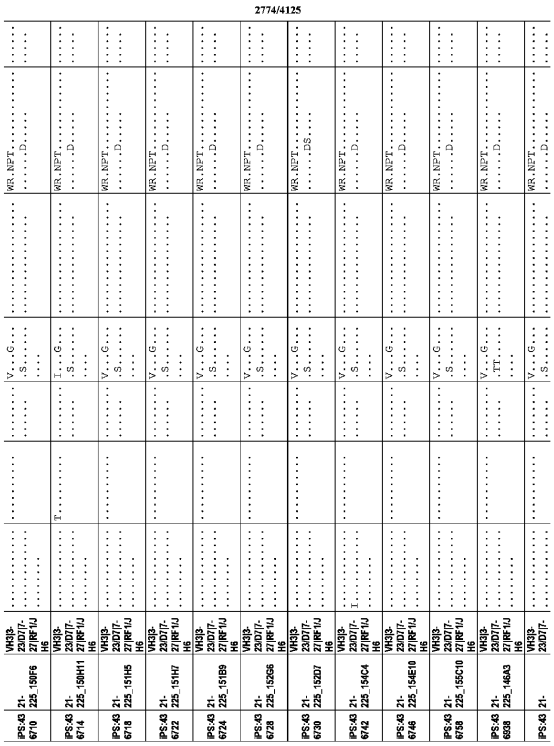
【図５２－２５８】



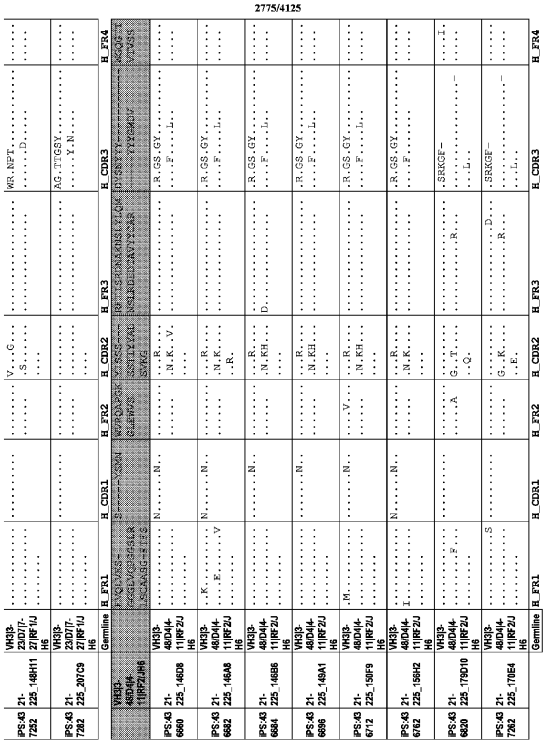
【図５２－２５９】



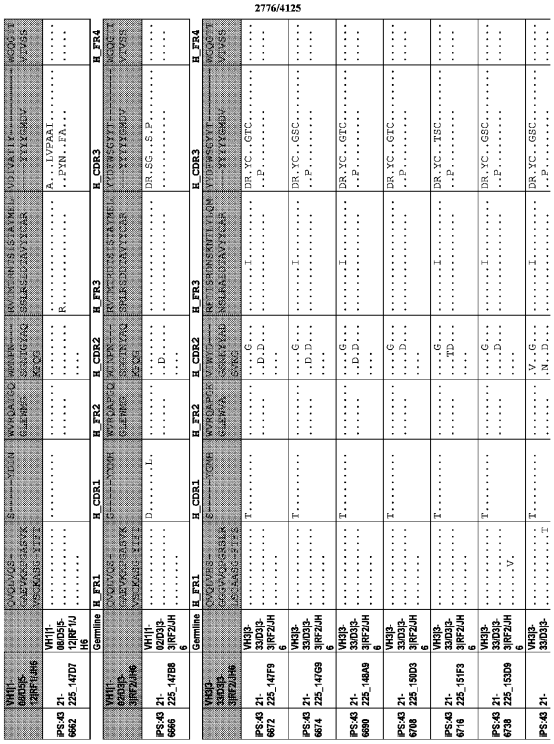
【図５２－２６０】



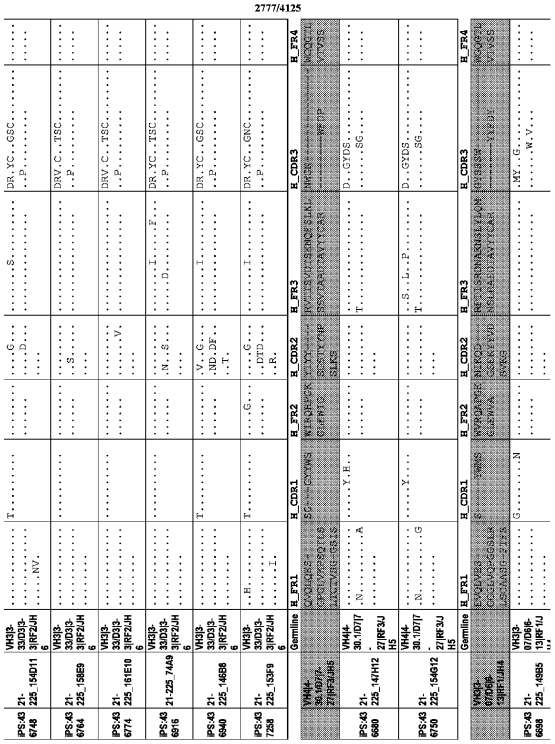
【図５２－２６１】



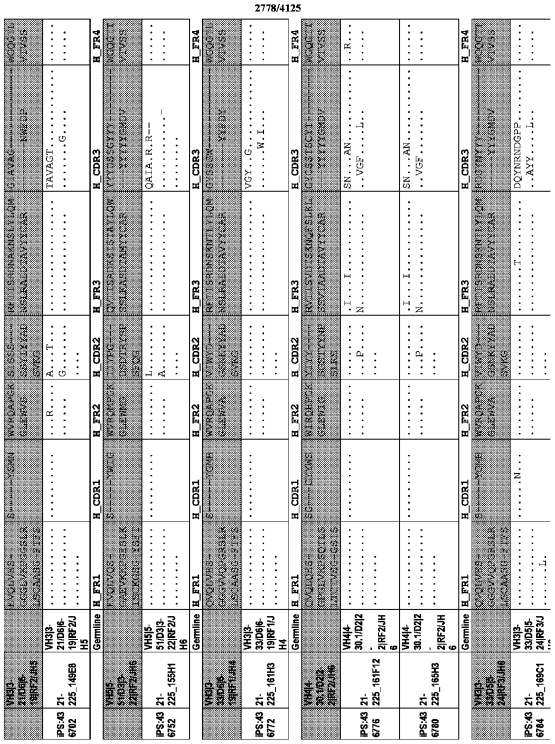
【図５２－２６２】



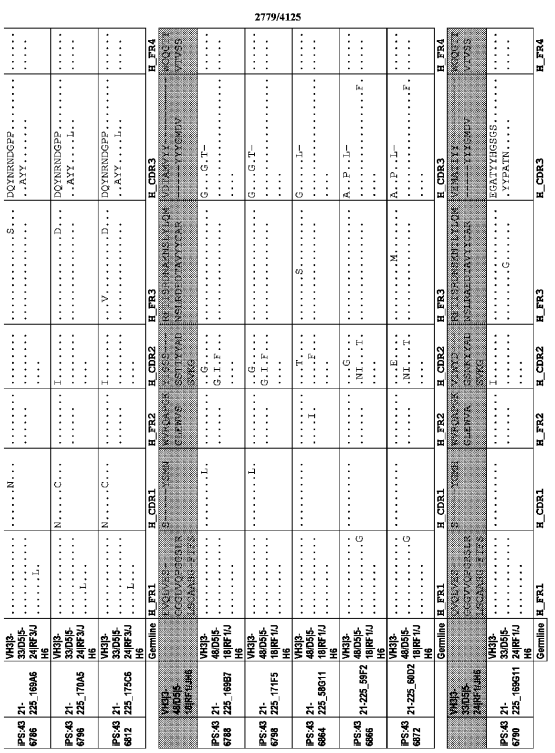
【図５２－２６３】



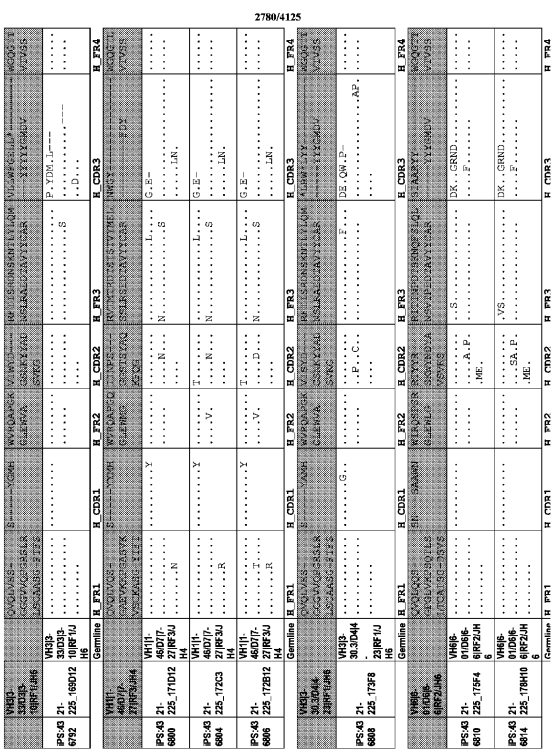
【図５２－２６４】



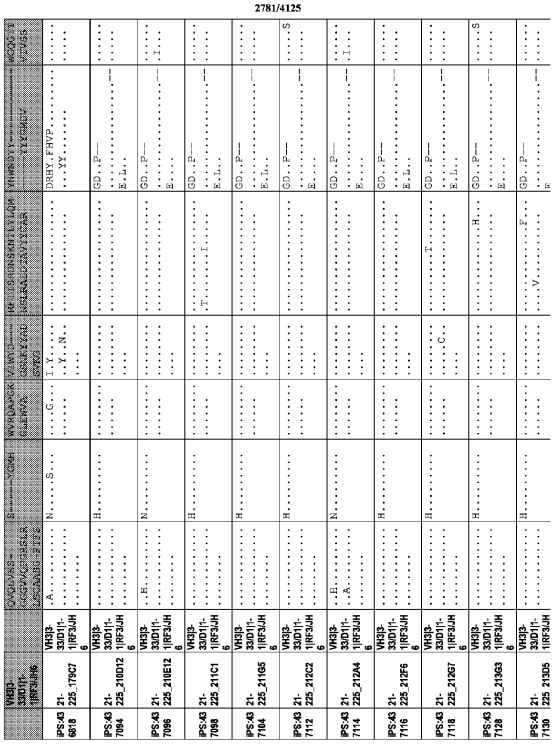
【図５２－２６５】



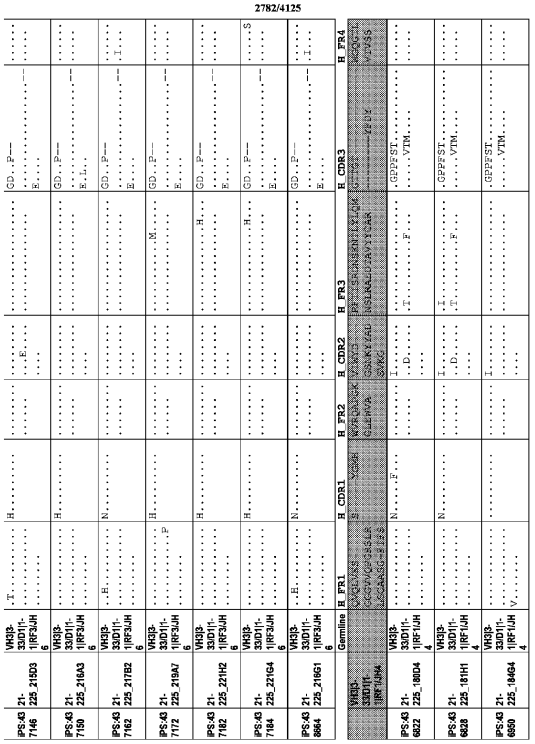
【図５２－２６６】



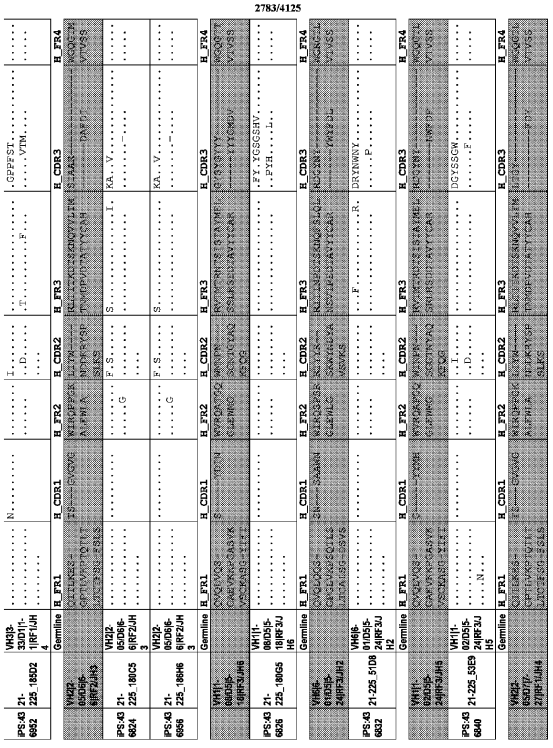
【図５２－２６７】



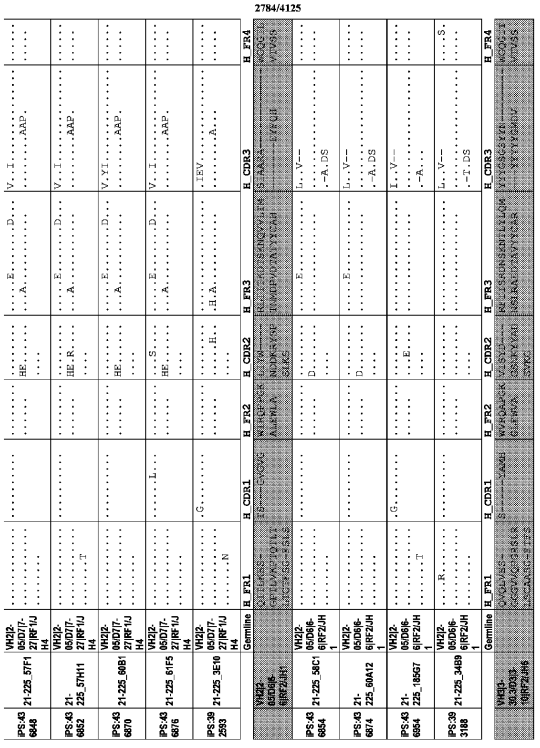
【図５２－２６８】



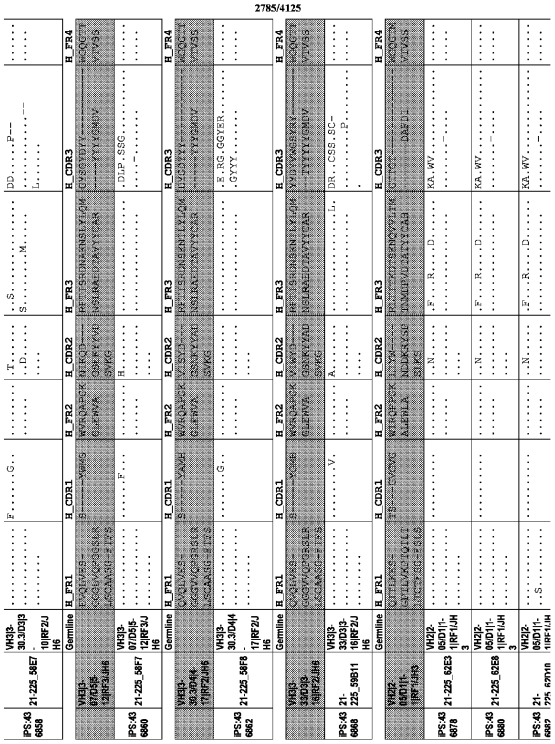
【図５２－２６９】



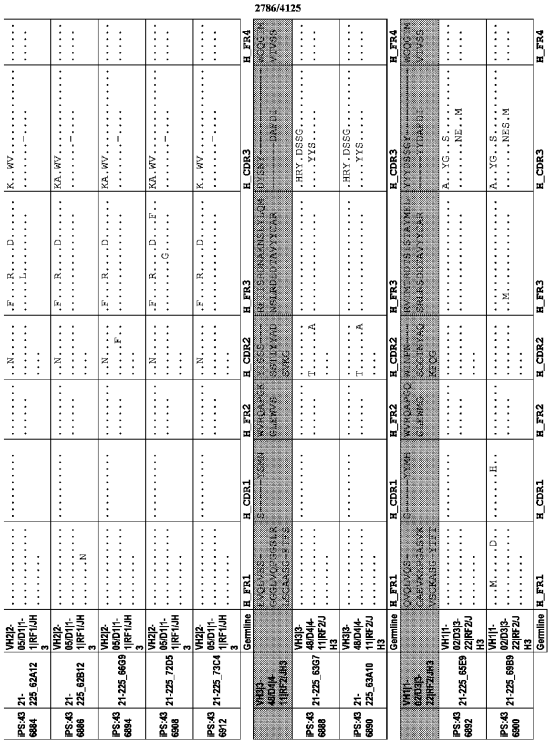
【図５２－２７０】



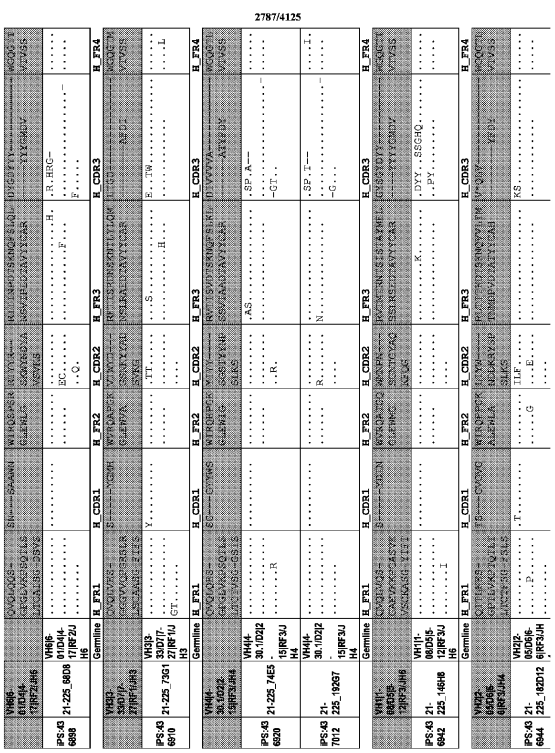
【図５２－２７１】



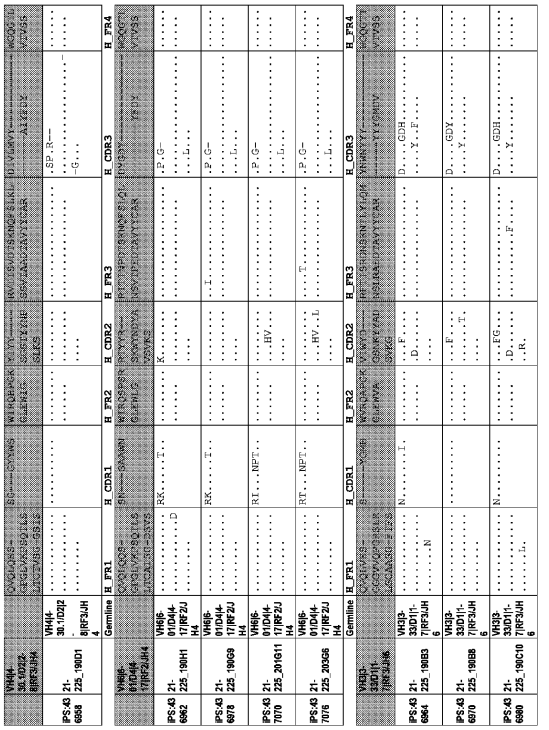
【図５２－２７２】



【図５２－２７３】



【図５２－２７４】



10

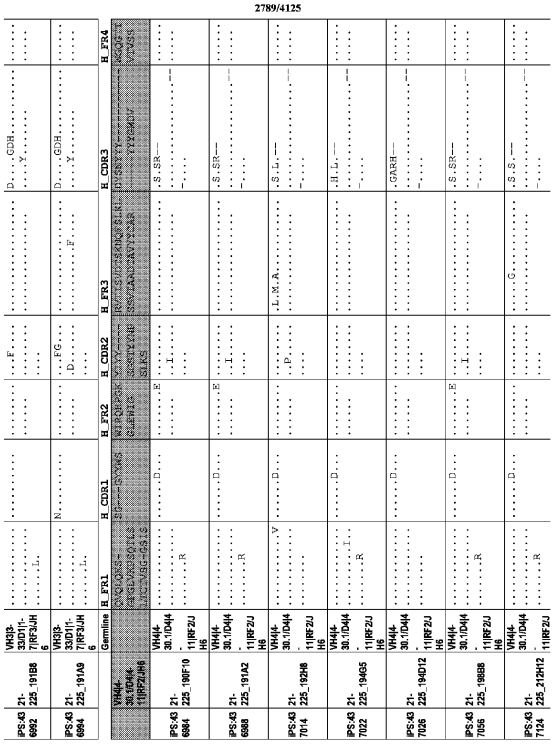
20

30

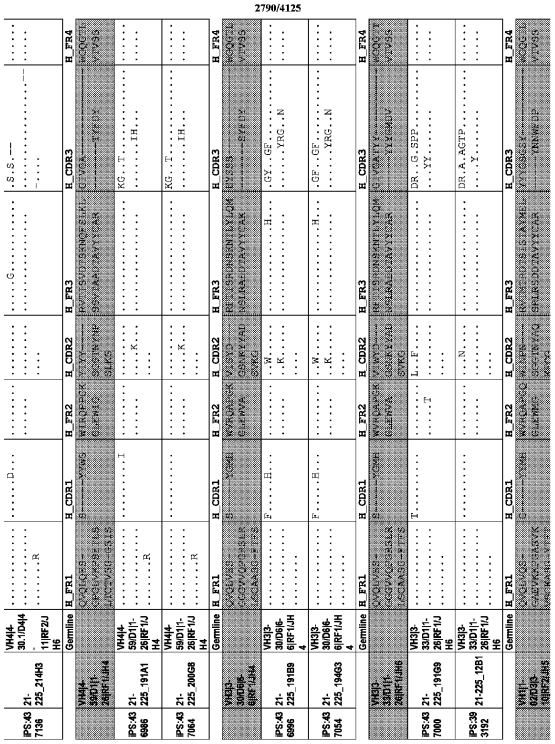
40

50

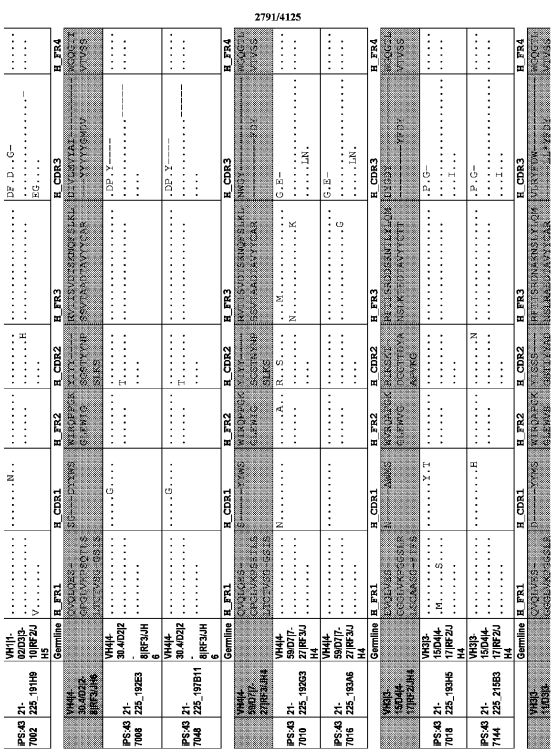
【図５２－２７５】



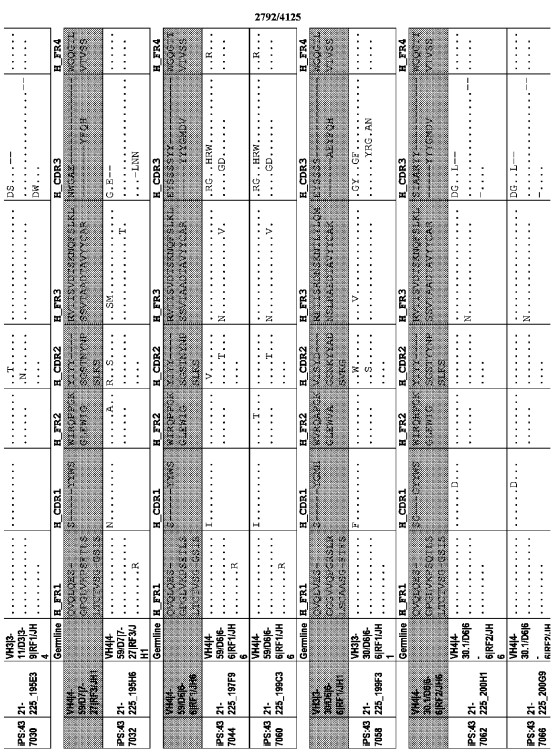
【図５２－２７６】



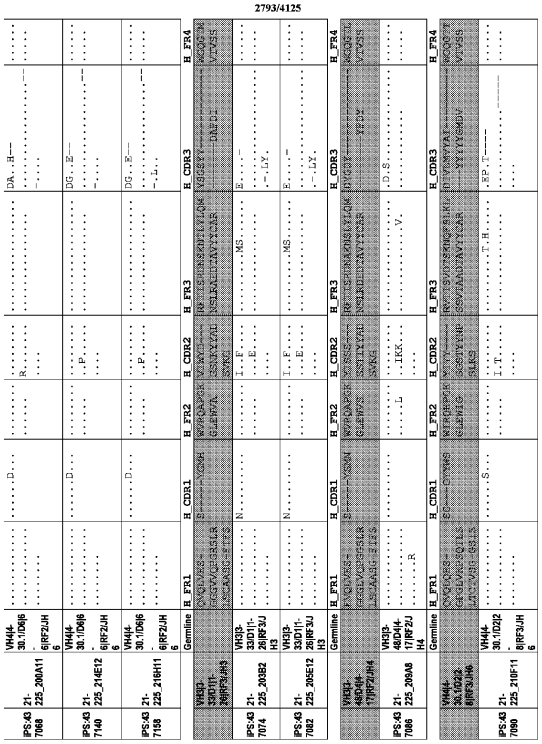
【図５２－２７７】



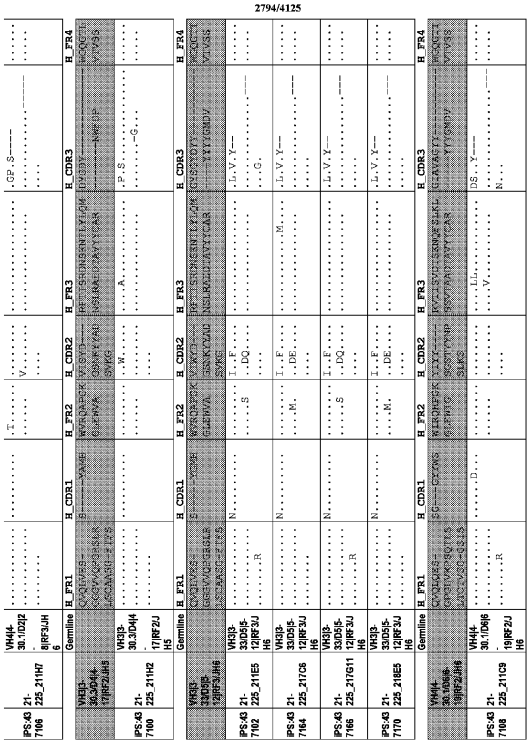
【図５２－２７８】



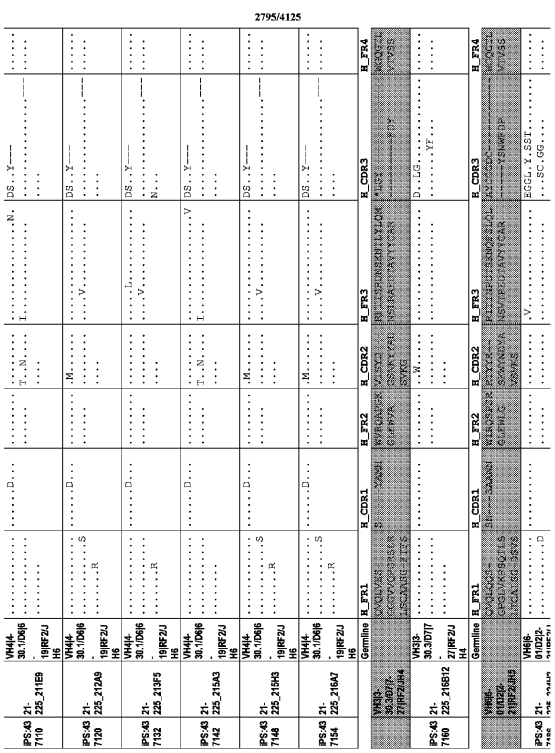
【図５２－２７９】



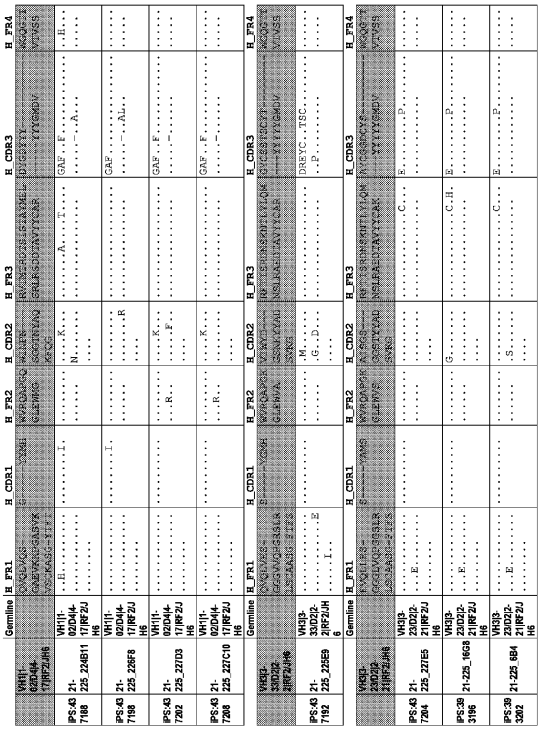
【図５２－２８０】



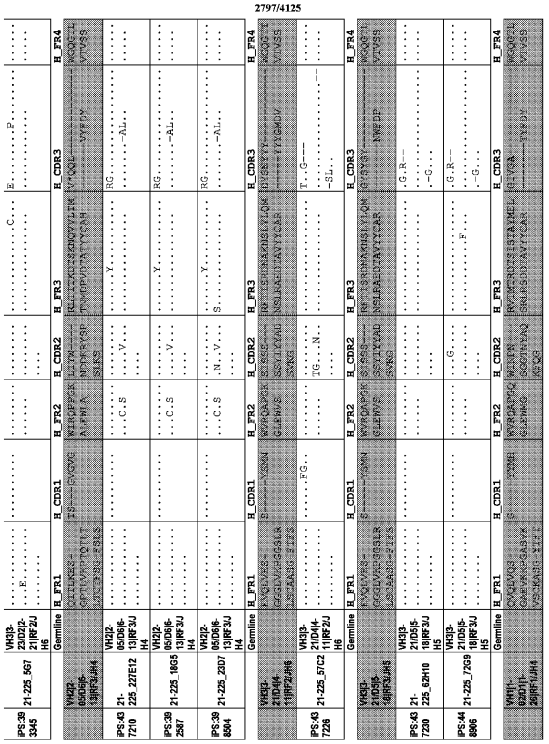
【図５２－２８１】



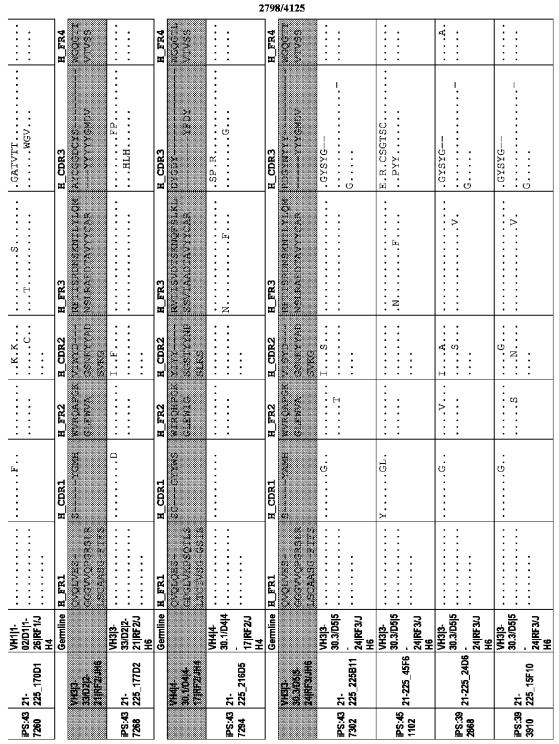
【図５２－２８２】



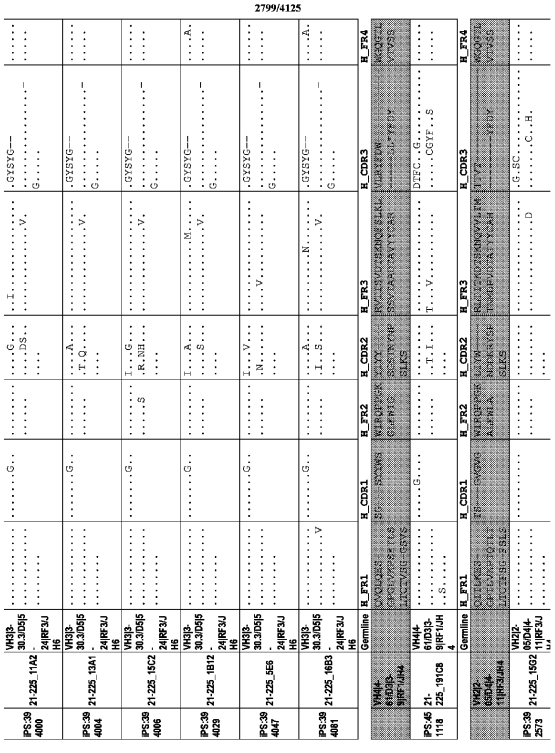
【図５２－２８３】



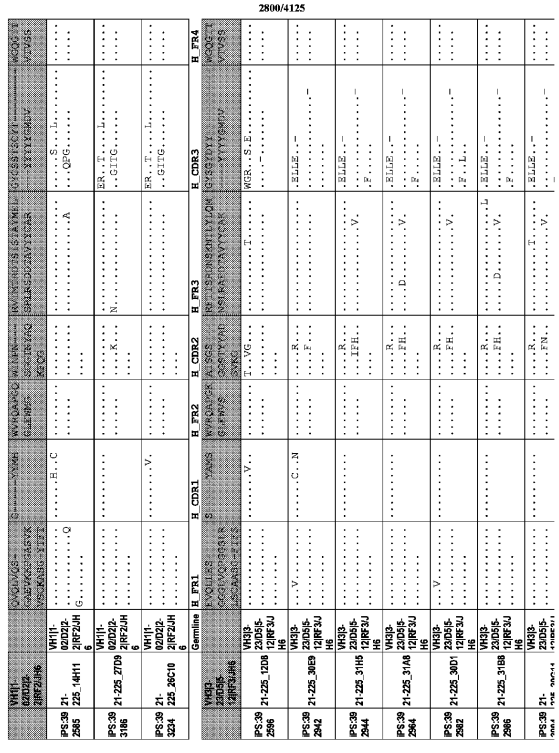
【図５２－２８４】



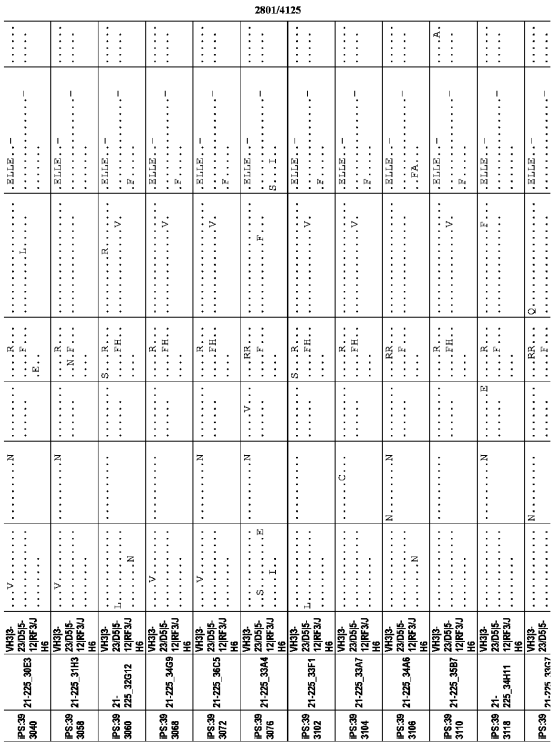
【図５２－２８５】



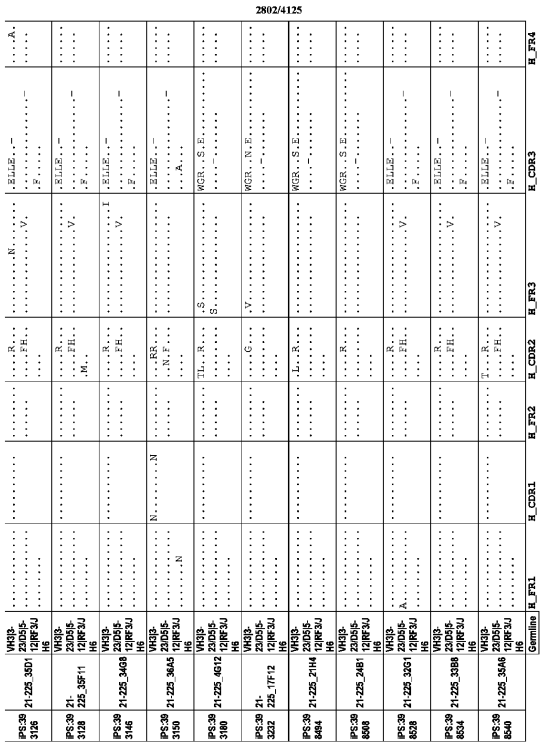
【図５２－２８６】



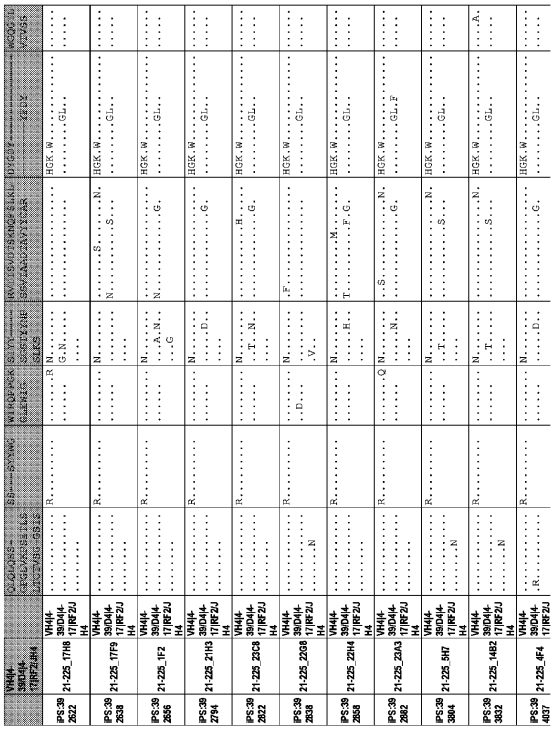
【図５２－２８７】



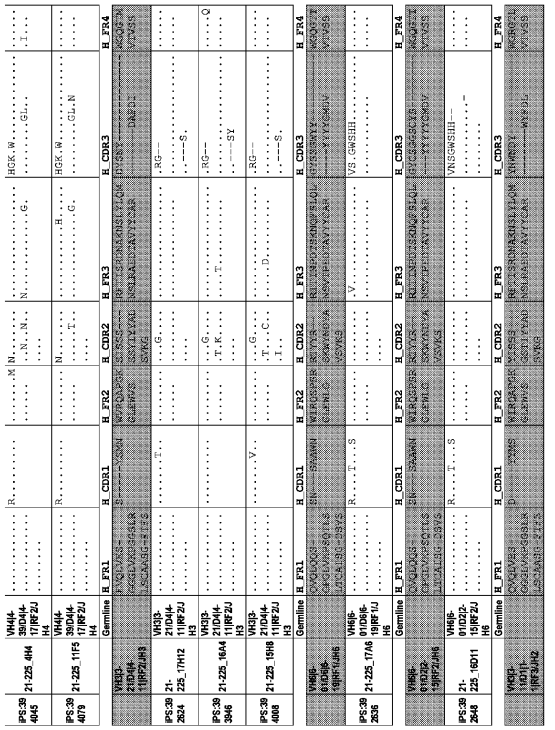
【図５２－２８８】



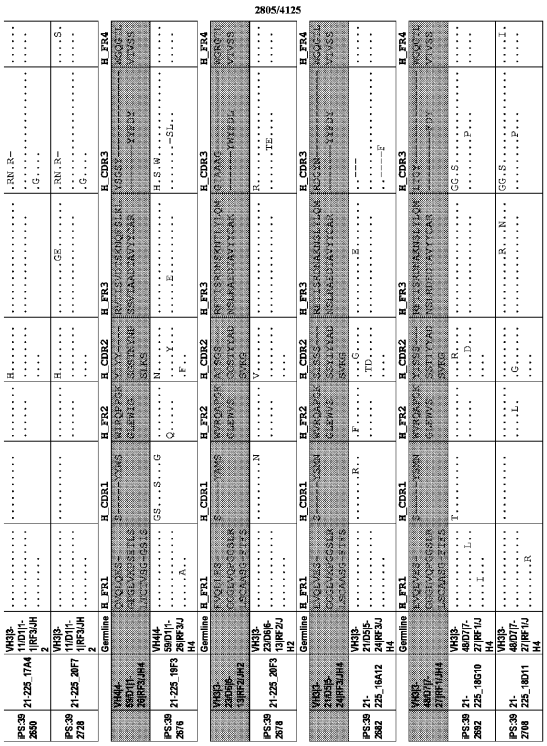
【図５２－２８９】



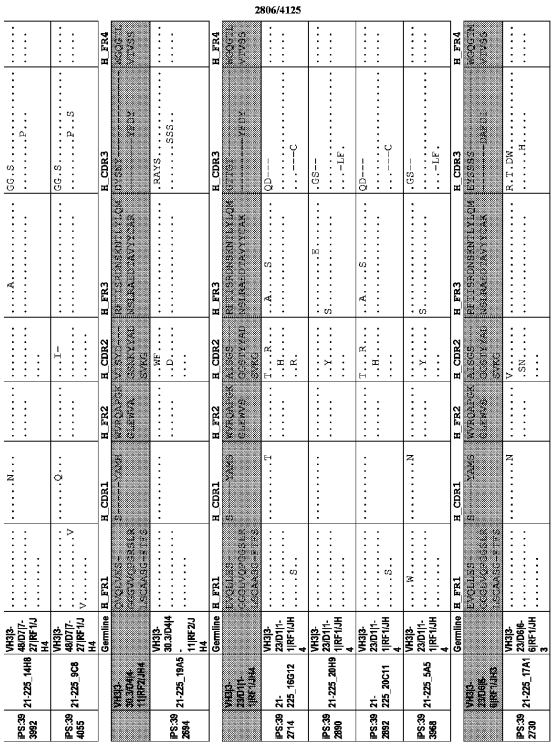
【図５２－２９０】



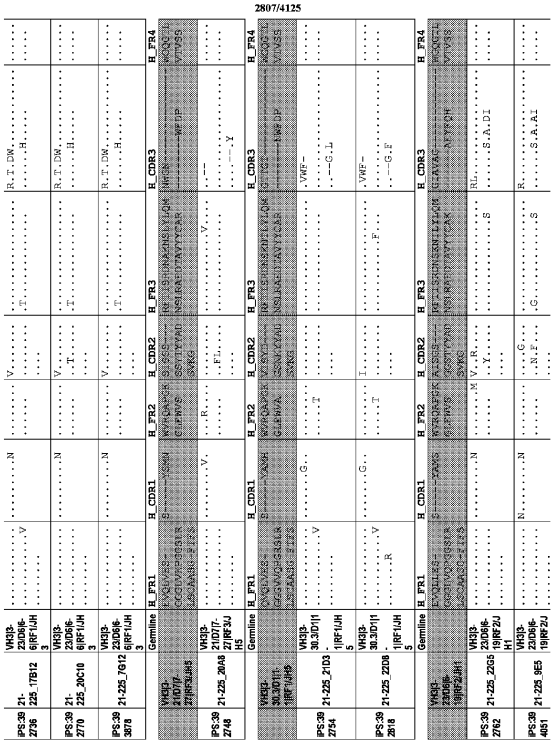
【図５２－２９１】



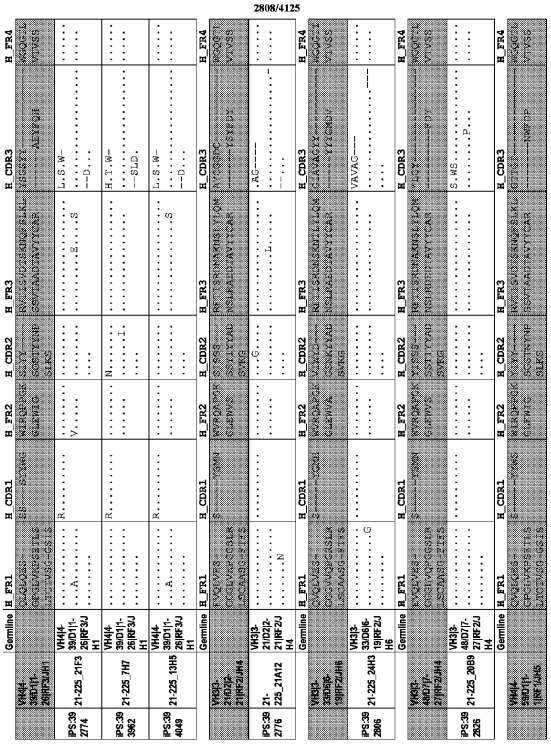
【図５２－２９２】



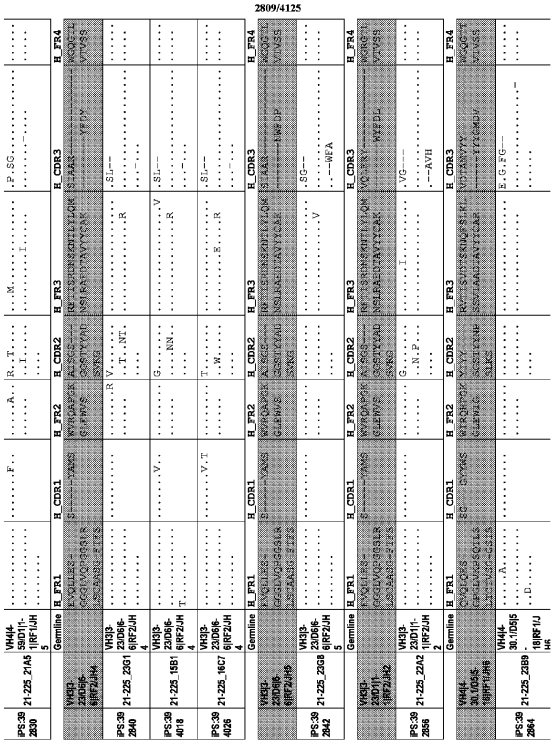
【図５２－２９３】



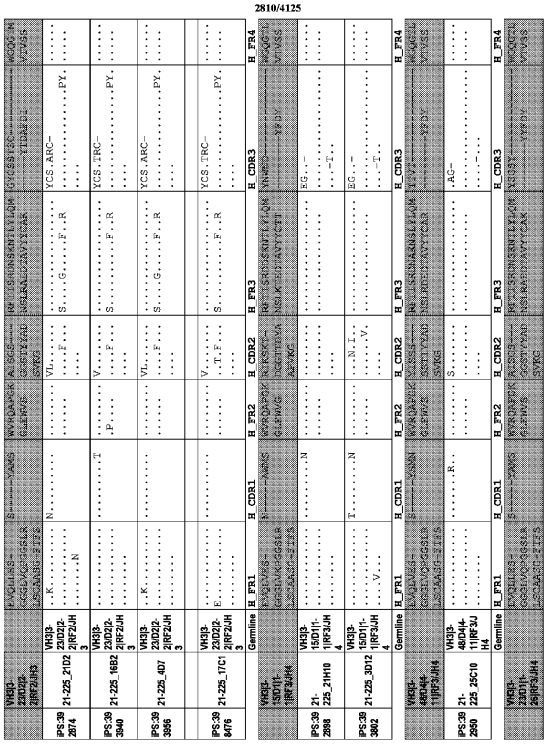
【図５２－２９４】



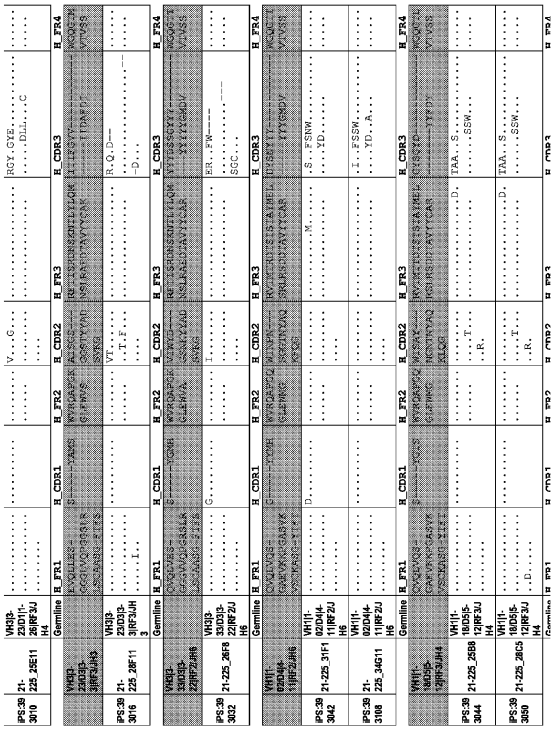
【図５２－２９５】



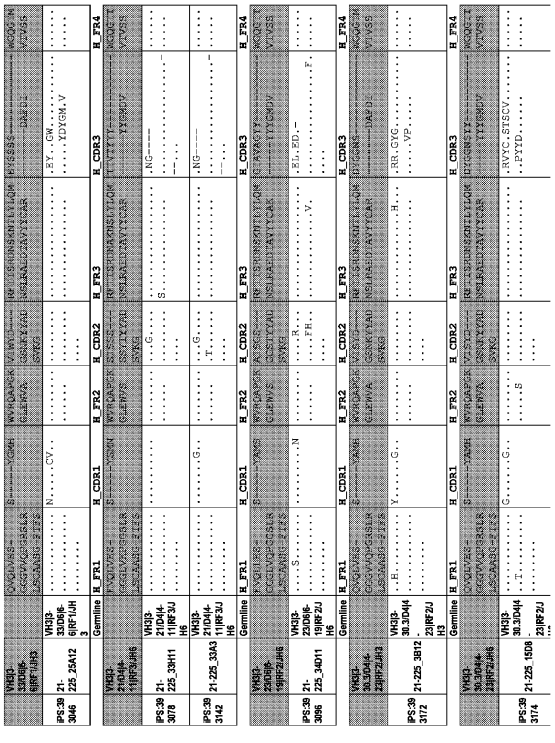
【図５２－２９６】



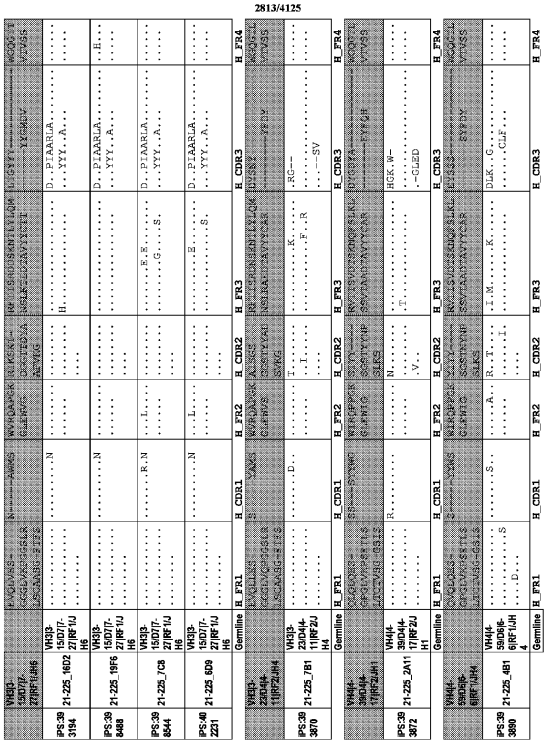
【図５２－２９７】



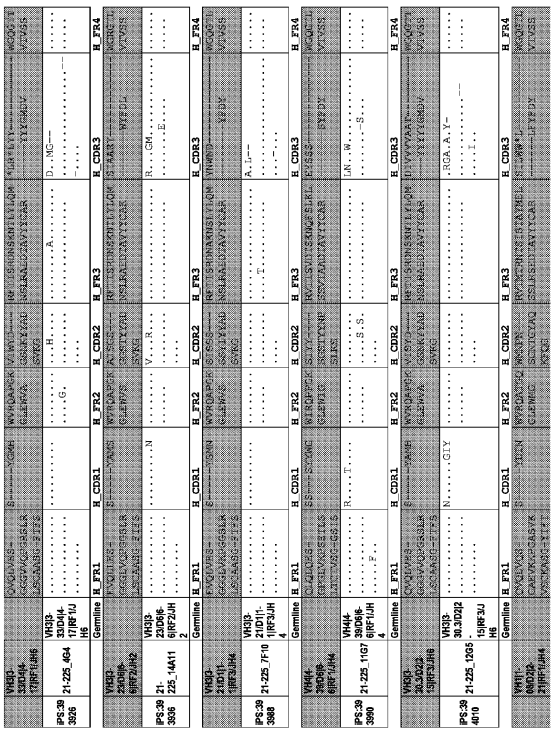
【図５２－２９８】



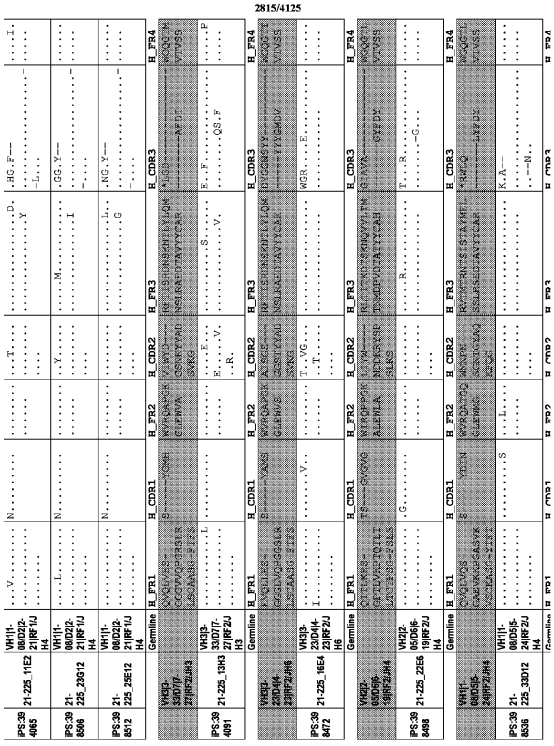
【図５２－２９９】



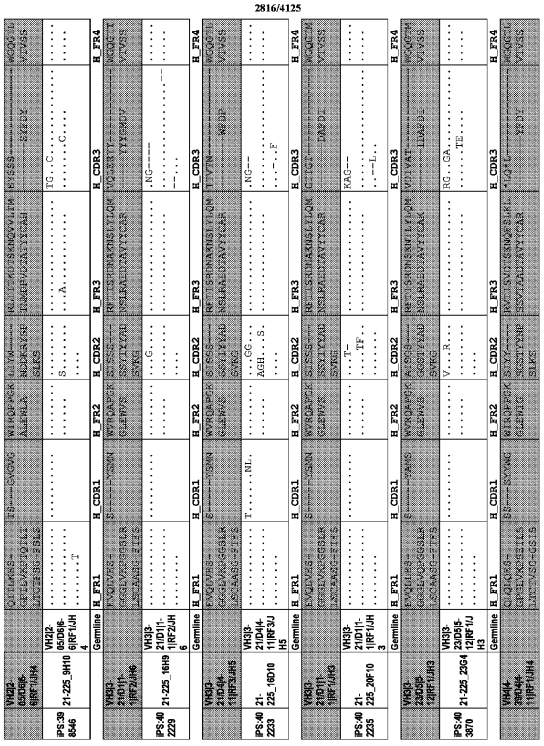
【図５２－３００】



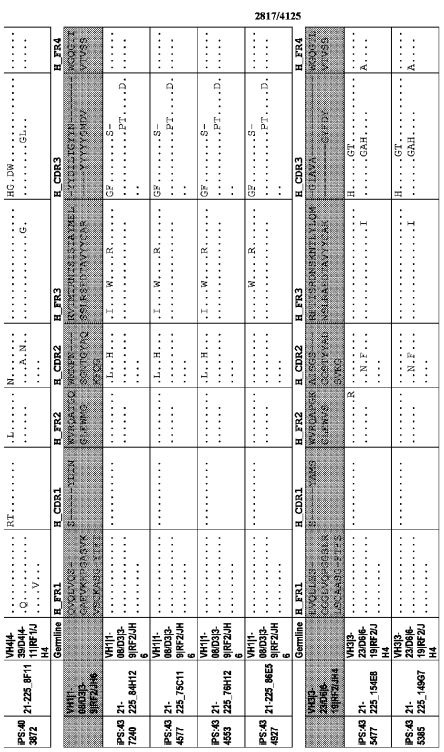
【図５２－３０１】



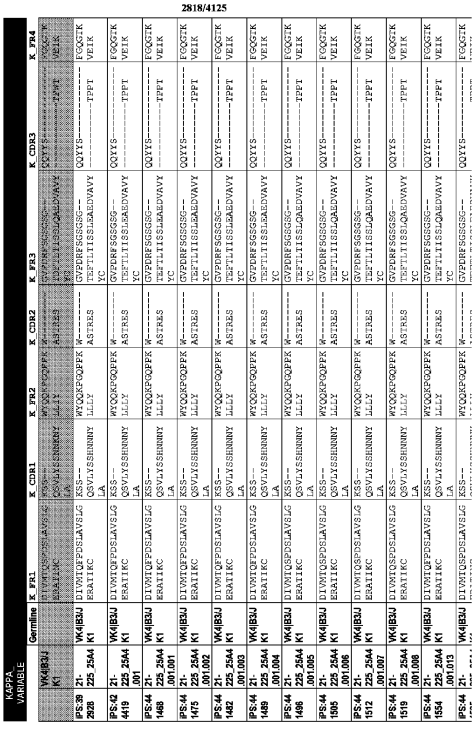
【図５２－３０２】



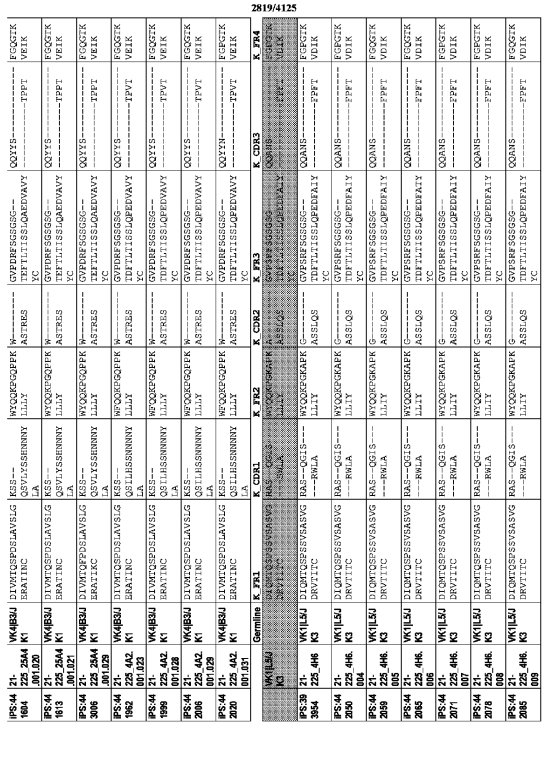
【図５２－３０３】



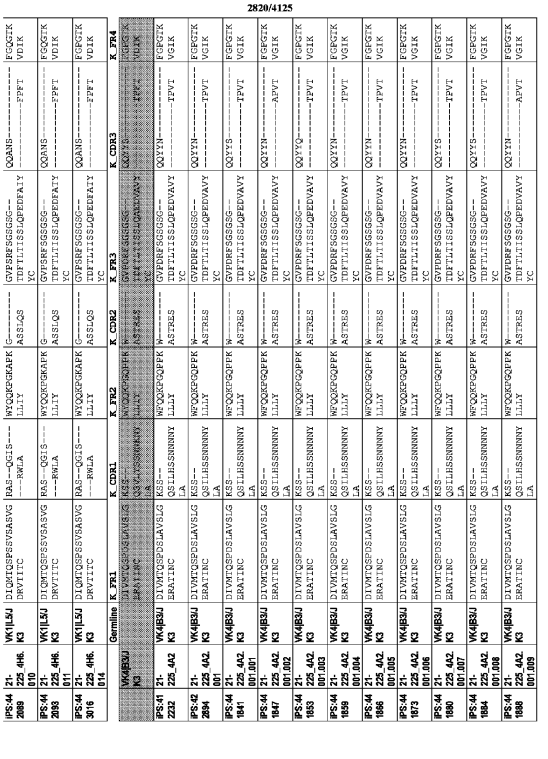
【図５３－１】



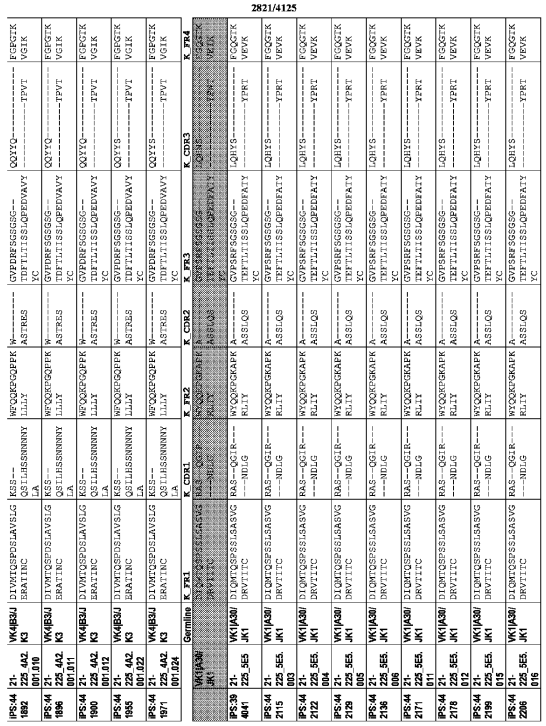
【図５３－２】



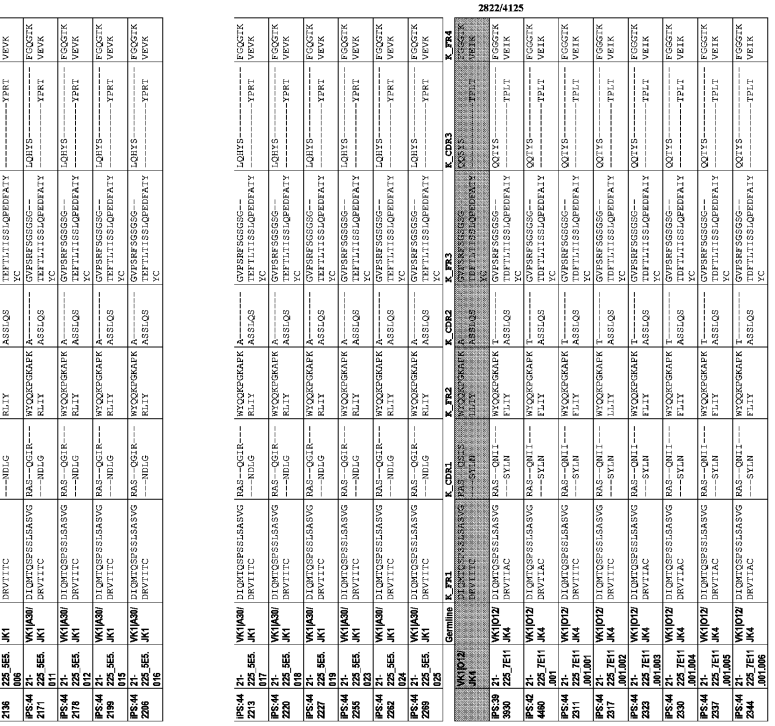
【図５３－３】



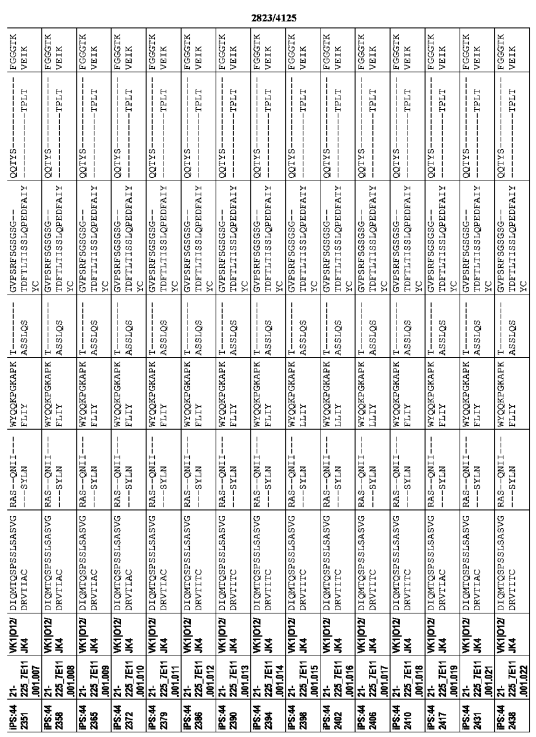
【図５３－４】



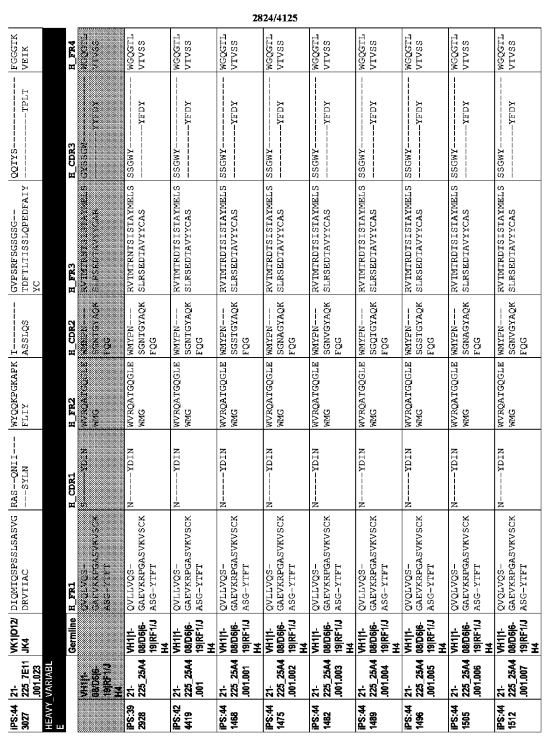
【図５３－５】



【図５３－６】



【図５３－７】



10

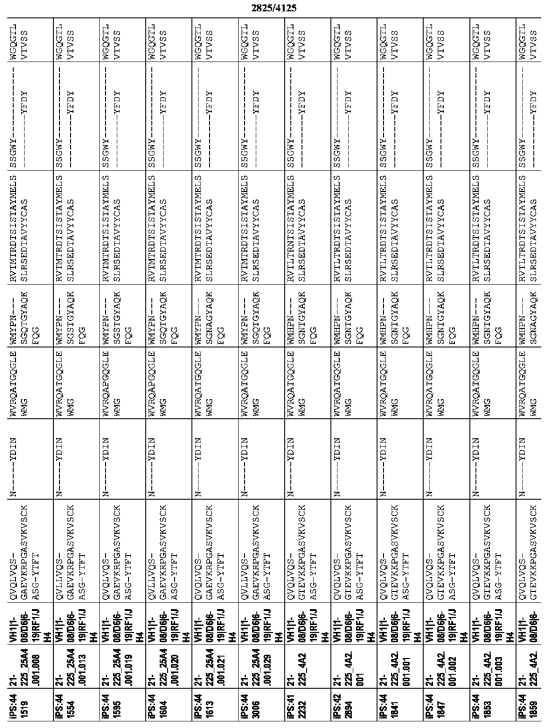
20

30

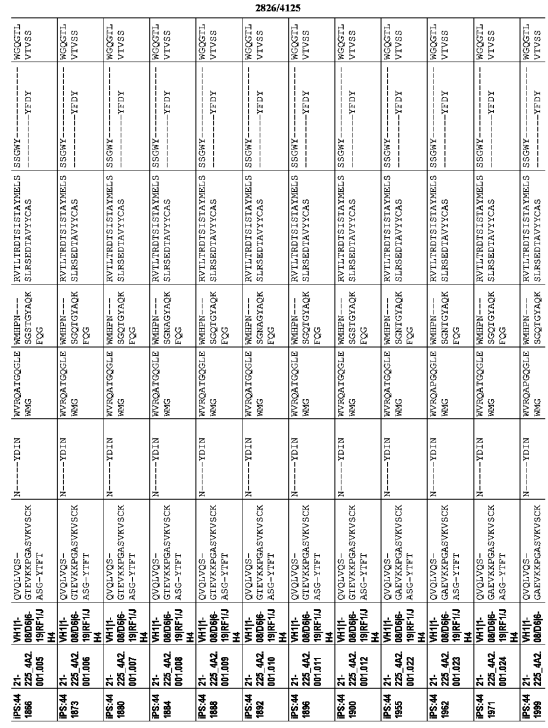
40

50

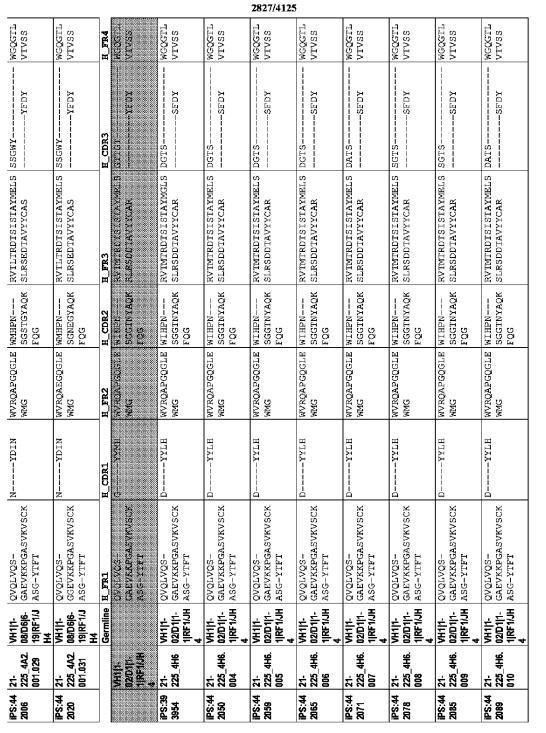
【図５３－８】



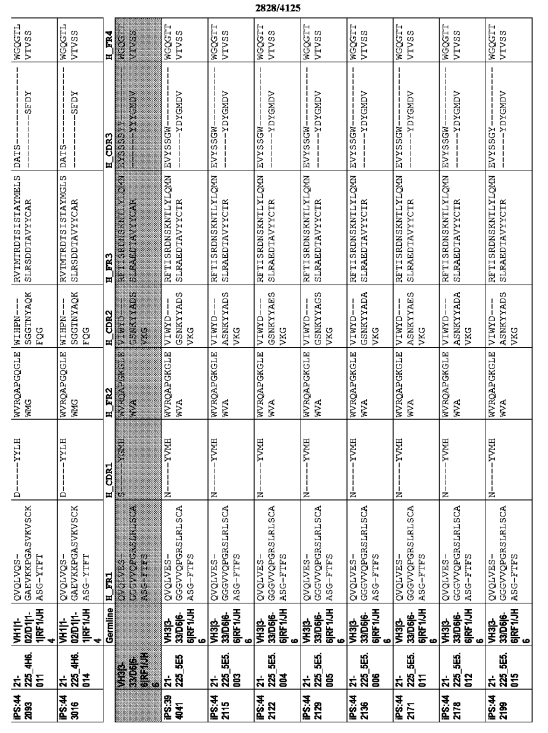
【図５３－９】



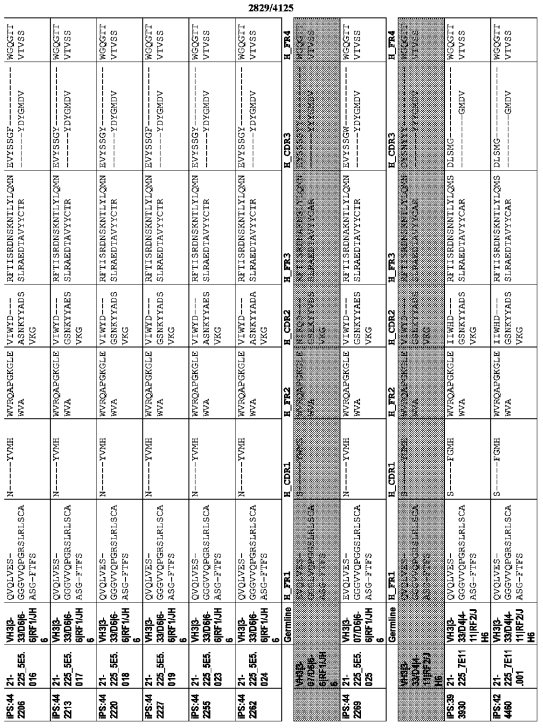
【図５３－１０】



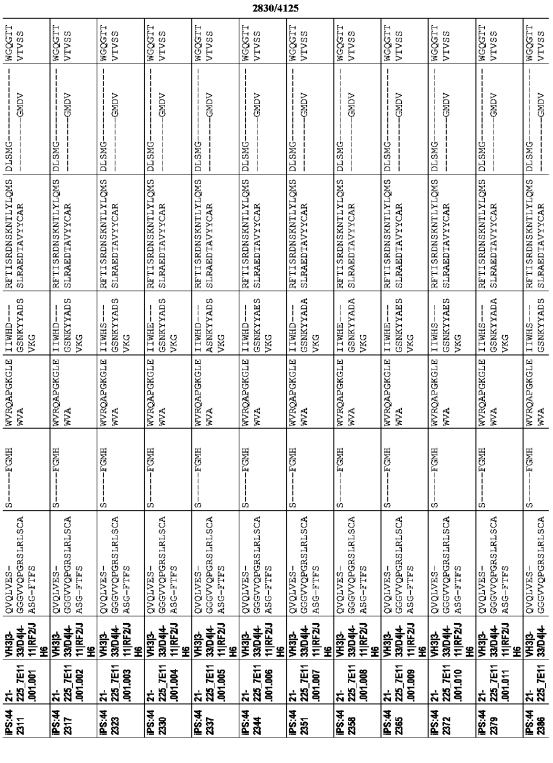
【図５３－１１】



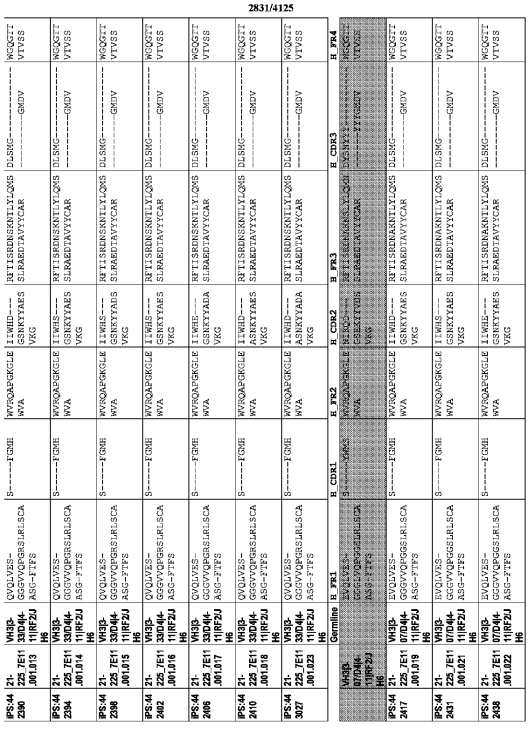
【図５３－１２】



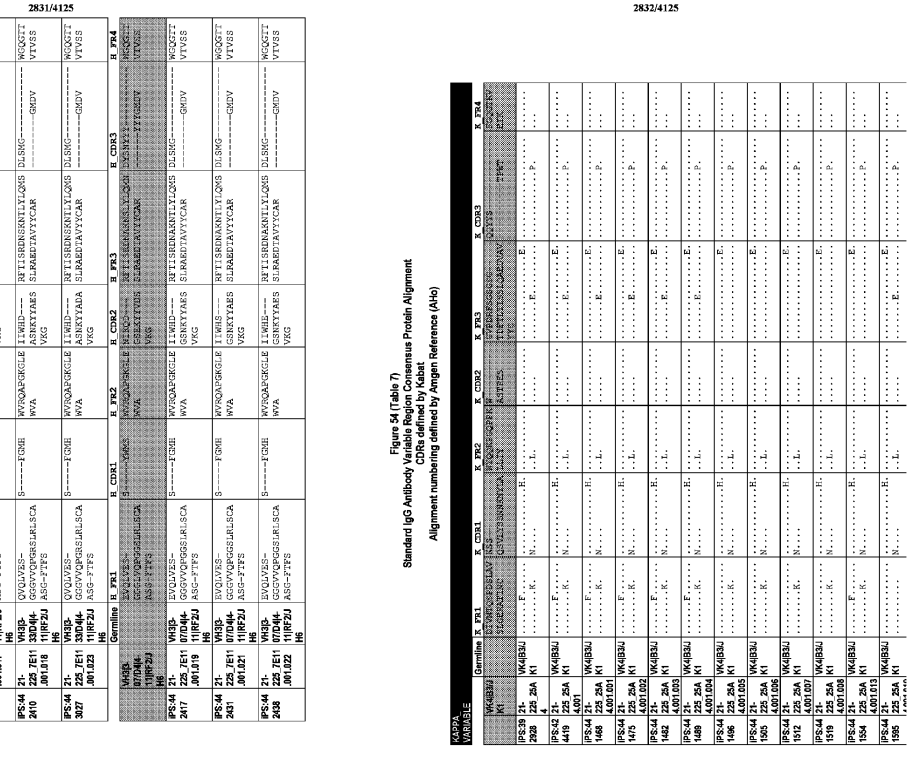
【図５３－１３】



【図５３－１４】



【図５４－１】



10

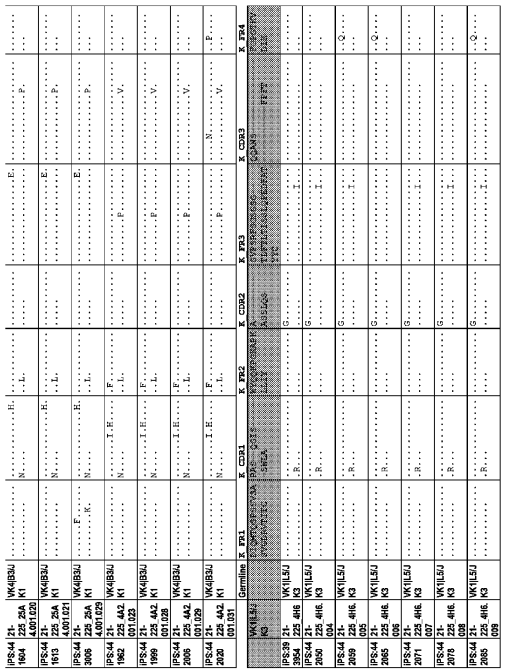
20

30

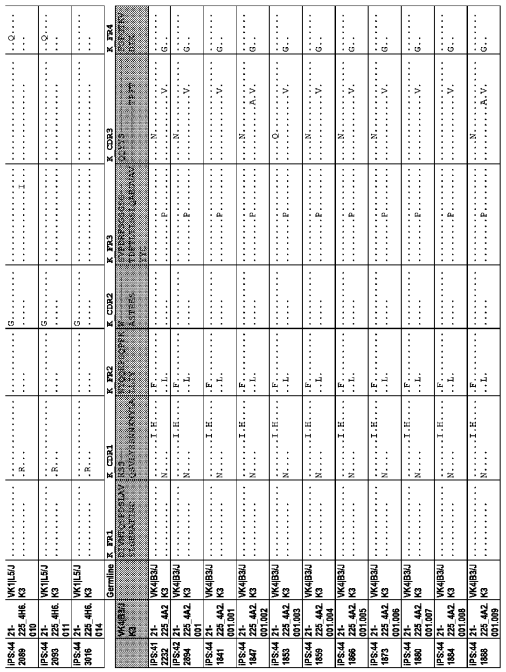
40

50

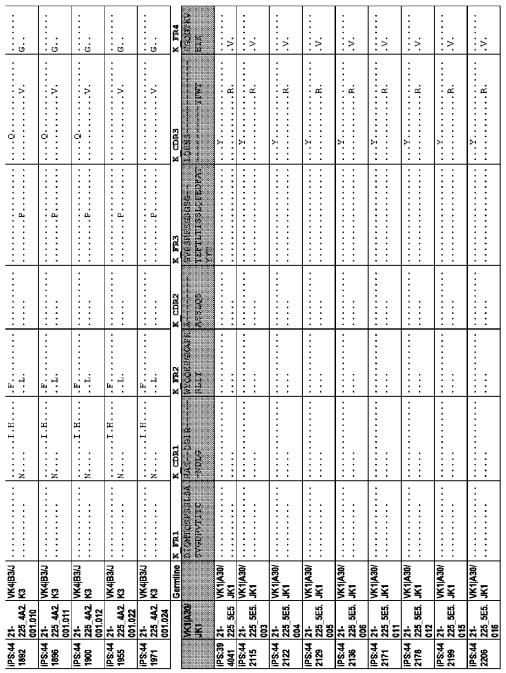
【図５４－２】



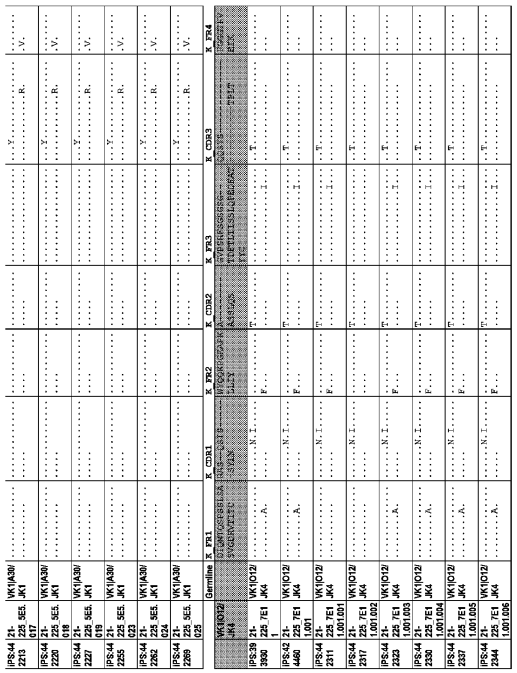
【図５４－３】



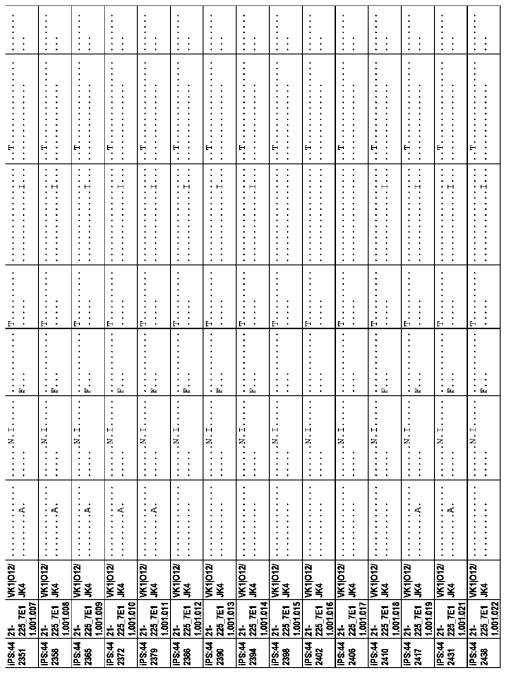
【図５４－４】



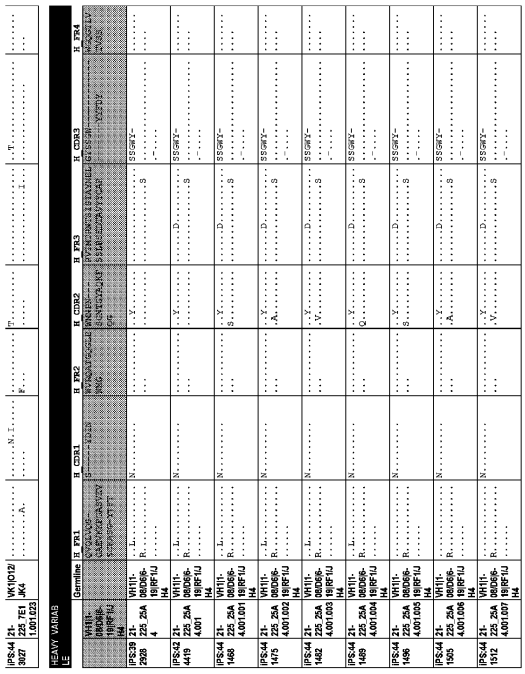
【図５４－５】



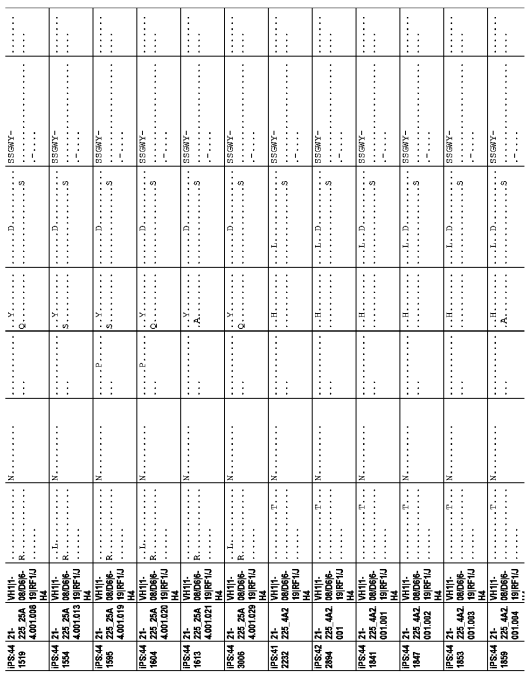
【図５４－６】



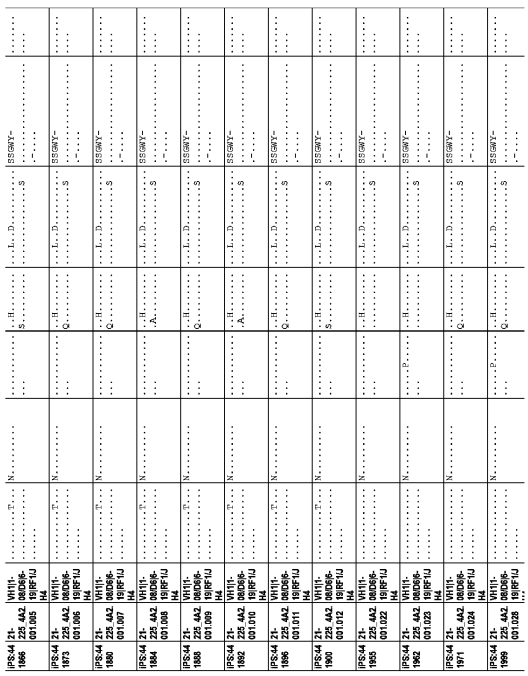
【図５４－７】



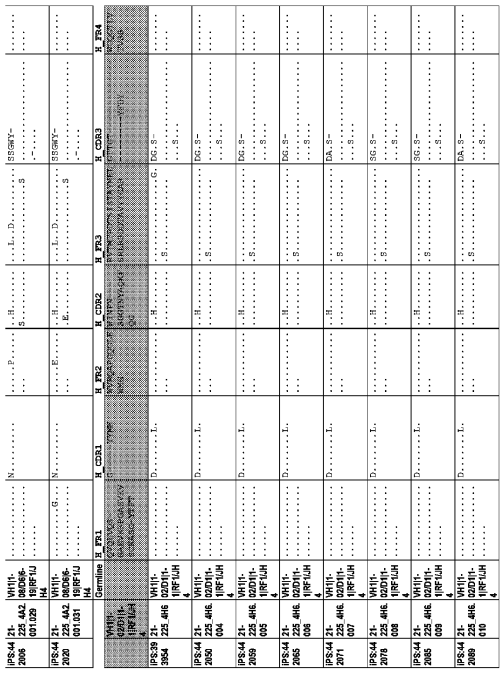
【図５４－８】



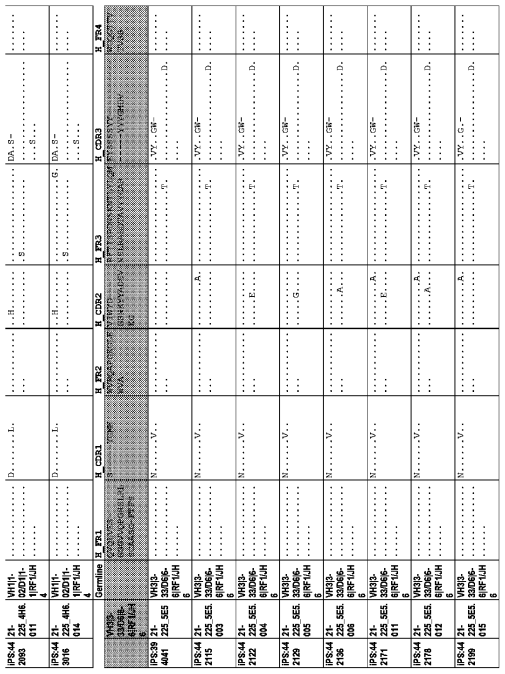
【図５４－９】



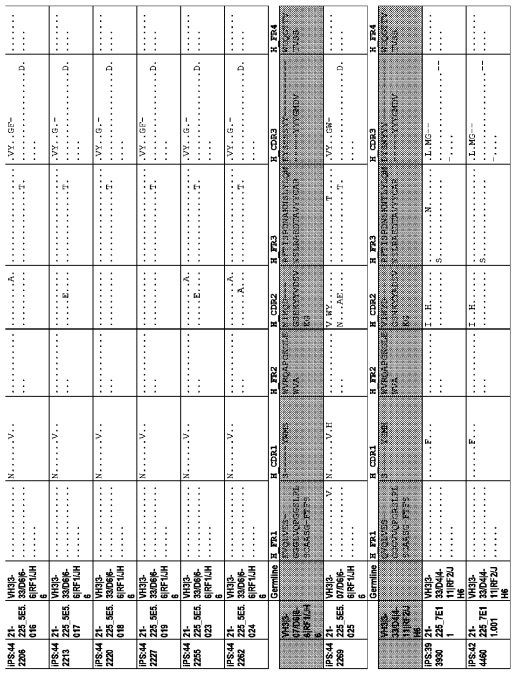
【図５４－１０】



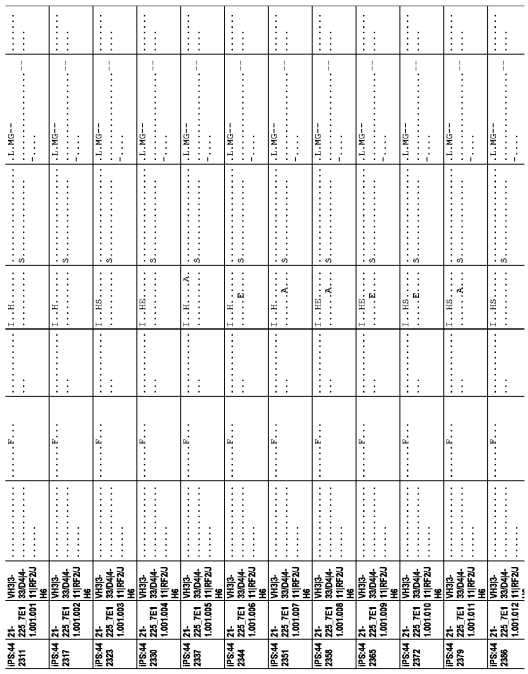
【図５４－１１】



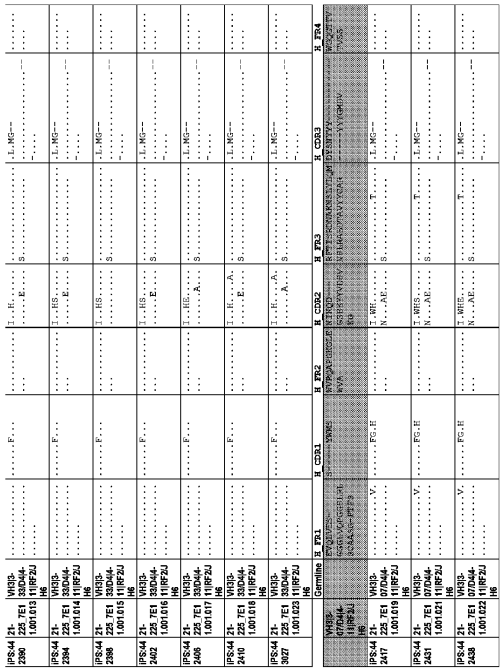
【図５４－１２】



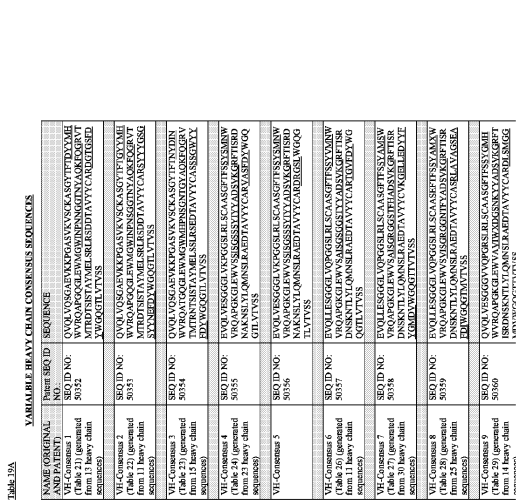
【図５４－１３】



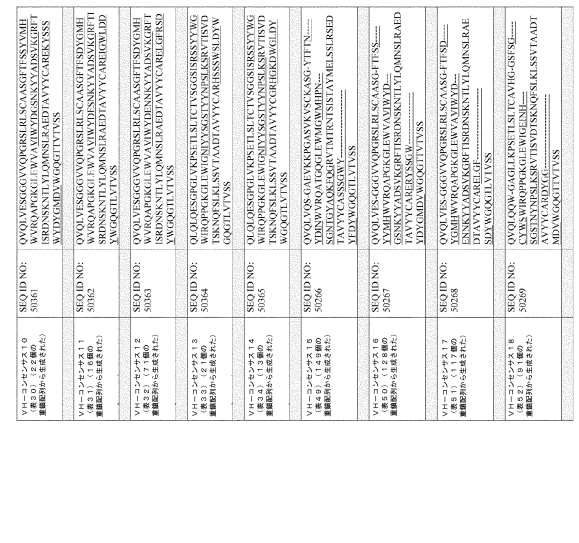
【図５４－１４】



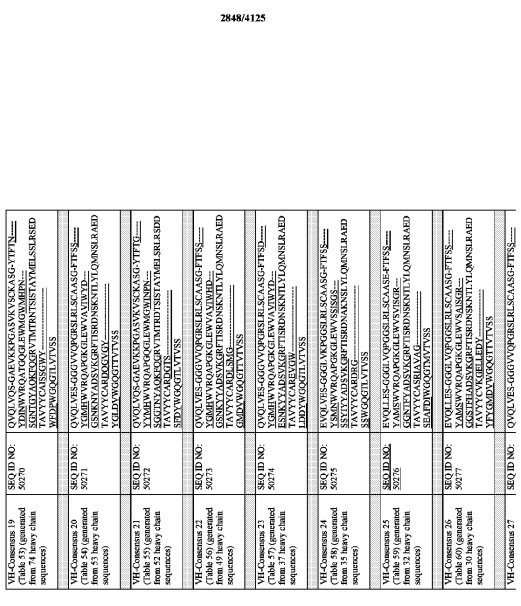
【図５５－１】



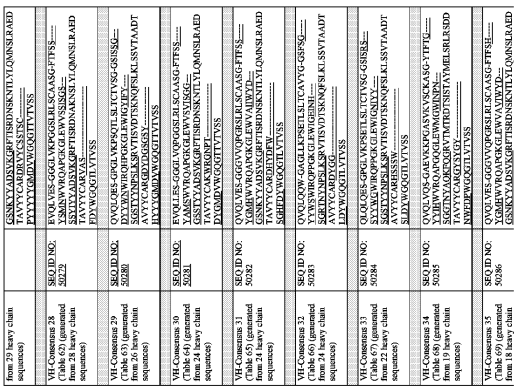
【図５５－２】



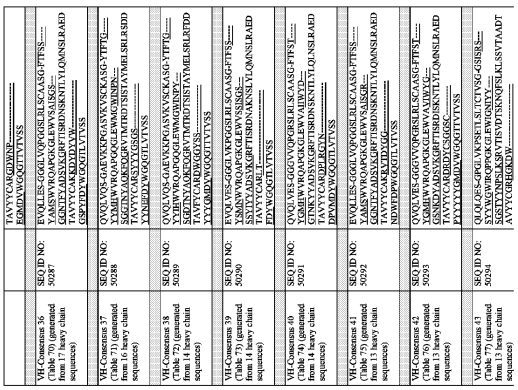
【図５５－３】



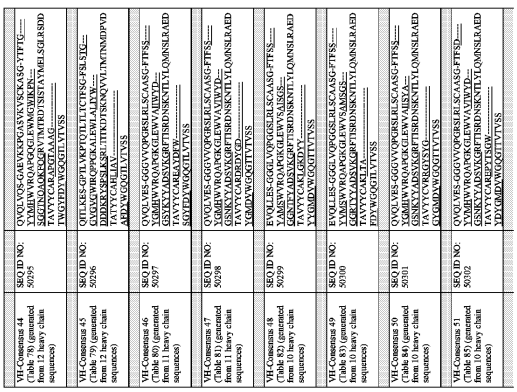
【図５５－４】



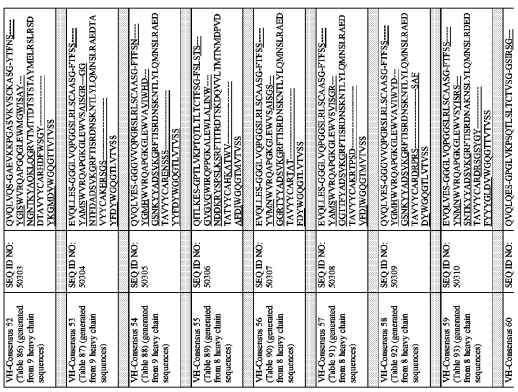
【図５５－５】



【図５５－６】



【図５５－７】



【図５５－８】

FIGURE 55

from 8 heavy chain sequences)	SSSTYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADT AVYYCARDAYSSSWYDYFDY QMDVWGQGTTVTVSS

【図５５－９】

FIGURE 55

Table 199

VARIABLE HEAVY CDR CONSENSUS SEQUENCES 1

NAME (ORIGINAL AND REVISED)	Parent SEQ ID	CDR	Sequence
VH-CONSENSUS-1	50381	VH1	DYYMH
TABLE 21	50382	VH2	WINPNSGGTNYAQKFQG
	50383	VH3	DGTGSTDY
VH-CONSENSUS-2	50384	VH1	GYYMH
TABLE 22	50385	VH2	WINPNSGGTNYAQKFQG
	50386	VH3	SYYYGSGSYYNEFDY
VH-CONSENSUS-3	50387	VH1	NYDIN
TABLE 23	50388	VH2	WMRPNSGNTGYAQKFQG
	50389	VH3	SGGWYYFDY
VH-CONSENSUS-4	50390	VH1	SYSMN
TABLE 24	50391	VH2	SISGSSSYIYYADSVKG
	50392	VH3	VASDDY
VH-CONSENSUS-5	50393	VH1	SYSMN
TABLE 25	50394	VH2	SISGSSSYIYYADSVKG
	50395	VH3	DRGSL
VH-CONSENSUS-6	50396	VH1	SYYMS
TABLE 26	50397	VH2	AISGSGGSTYYADSVKG
	50398	VH3	TGVFDY
VH-CONSENSUS-7	50399	VH1	SYAMS
TABLE 27	50400	VH2	AISGSGGSTHYADSVKG
	50401	VH3	GELLEDYYYGMDV
VH-CONSENSUS-8	50402	VH1	SYAMS
TABLE 28	50403	VH2	VISYDGSNTFYADSVKG
	50404	VH3	RLAVAGSEAFDI
VH-CONSENSUS-9	50405	VH1	SYGMH
TABLE 29	50406	VH2	VIWYDGSNKYYADSVKG
	50407	VH3	DLSAGGMDV
VH-CONSENSUS-10	50408	VH1	SYAMH
TABLE 30	50409	VH2	VISYDGSNKYYADSVKG
	50410	VH3	EKYSSSWYDYGMDV
VH-CONSENSUS-11	50411	VH1	DYGMH
TABLE 31	50412	VH2	VIWYDGSNKYYADSVKG

【図５５－１０】

FIGURE 55

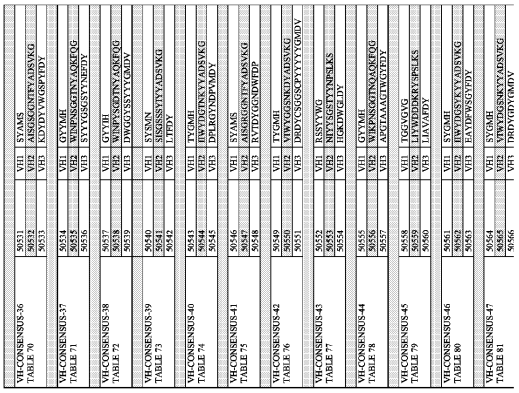
VH-CONSENSUS-12	50414	VH1	DYGMH
TABLE 32	50415	VH2	VIWYDGSNKYYADSVKG
	50416	VH3	ELGPRSDY
VH-CONSENSUS-13	50417	VH1	RSSYYWG
TABLE 33	50418	VH2	NIYYSGSTYYNPSLKS
	50419	VH3	HSSSWSLDY
VH-CONSENSUS-14	50420	VH1	RSSYYWG
TABLE 34	50421	VH2	NIYYSGSTYYNPSLKS
	50422	VH3	DGRGWGLDY
VH-CONSENSUS-15	50468	VH1	NYDIN
TABLE 89	50469	VH2	WMRPNSGNTGYAQKFQG
	50470	VH3	SGGWYYFDY
VH-CONSENSUS-16	50471	VH1	SYWMH
TABLE 90	50472	VH2	EIYYSGSWYDYGMDV
	50473	VH3	EIYYSGSWYDYGMDV
VH-CONSENSUS-17	50474	VH1	DYGMH
TABLE 91	50475	VH2	VIWYDGSNKYYADSVKG
	50476	VH3	ELGPSDY
VH-CONSENSUS-18	50477	VH1	GCVWS
TABLE 92	50478	VH2	YIYSGSTYYNPSLKS
	50479	VH3	DYGGMDV
VH-CONSENSUS-19	50480	VH1	NYDIN
TABLE 93	50481	VH2	WMRPNSGNTGYAQKFQG
	50482	VH3	SGGWYWFDP
VH-CONSENSUS-20	50483	VH1	SYGMH
TABLE 94	50484	VH2	VIWYDGSNKYYADSVKG
	50485	VH3	DQSWGYGMDV
VH-CONSENSUS-21	50486	VH1	GVYMH
TABLE 95	50487	VH2	WINPNSGGTNYAQKFQG
	50488	VH3	DGYSSSYDY
VH-CONSENSUS-22	50489	VH1	SYGMH
TABLE 96	50490	VH2	VIWHDGSNKYYADSVKG
	50491	VH3	DLSSGSGMDV
VH-CONSENSUS-23	50492	VH1	DYGMH
TABLE 97	50493	VH2	VIWYDFSGSNKYYADSVKG

【図５５－１１】

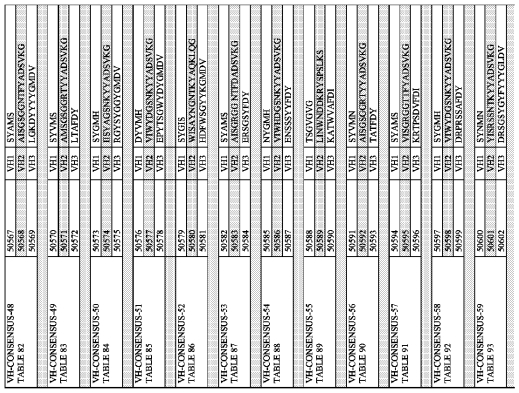
FIGURE 55

VH-CONSENSUS-24	50495	VH1	SYSMN
TABLE 98	50496	VH2	SISGSSSYIYYADSVKG
	50497	VH3	DRGSS
VH-CONSENSUS-25	50498	VH1	SYAMS
TABLE 99	50499	VH2	AISGSGGSTFYADSVKG
	50500	VH3	RIAVAGSEAFDI
VH-CONSENSUS-26	50501	VH1	SYAMS
TABLE 100	50502	VH2	AISGSGGSTPHADSVKG
	50503	VH3	GELLEDYYYGMDV
VH-CONSENSUS-27	50504	VH1	SYGMH
TABLE 101	50505	VH2	VIWYDGSNKYYADSVKG
	50506	VH3	DRVYCSSTSCPYYYYGMDV
VH-CONSENSUS-28	50507	VH1	SYSMN
TABLE 102	50508	VH2	SISSSSSYIYYADSVKG
	50509	VH3	VASEDY
VH-CONSENSUS-29	50510	VH1	SGDYYWN
TABLE 103	50511	VH2	EIYHSGSTYYNPSLKS
	50512	VH3	GDYDGSGSYYYYGMDV
VH-CONSENSUS-30	50513	VH1	SYAMS
TABLE 104	50514	VH2	VISSGGSSTYYADSVKG
	50515	VH3	WRGWDYDGMDV
VH-CONSENSUS-31	50516	VH1	SYGMH
TABLE 105	50517	VH2	IIWYDGSNKYYADSVKG
	50518	VH3	DQYDYWSGHFDY
VH-CONSENSUS-32	50519	VH1	GYYWS
TABLE 106	50520	VH2	EINHSGRTNYNPSLKS
	50521	VH3	DYGMDV
VH-CONSENSUS-33	50522	VH1	SSYYWG
TABLE 107	50523	VH2	NIYYSGSTYYNPSLKS
	50524	VH3	HSSSWSLDY
VH-CONSENSUS-34	50525	VH1	GYVIH
TABLE 108	50526	VH2	WINPNSGGTNYAQKFQG
	50527	VH3	GTSYGYSWFDP
VH-CONSENSUS-35	50528	VH1	DYGMH
TABLE 109	50529	VH2	VIWYDGSNKYYADSVKG

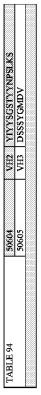
【図５５－１２】



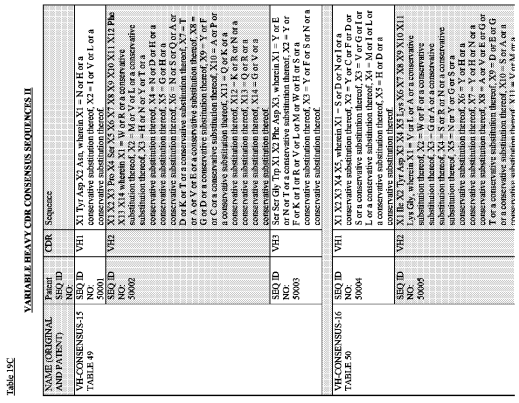
【図５５－１３】



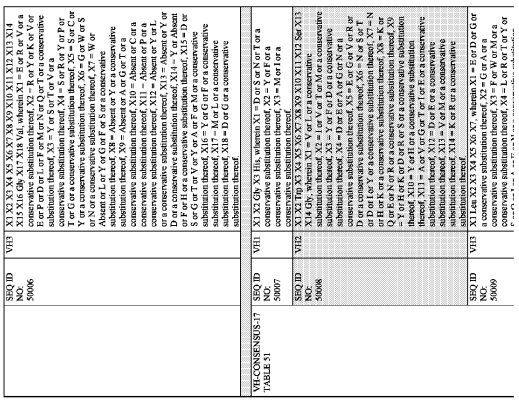
【図５５－１４】



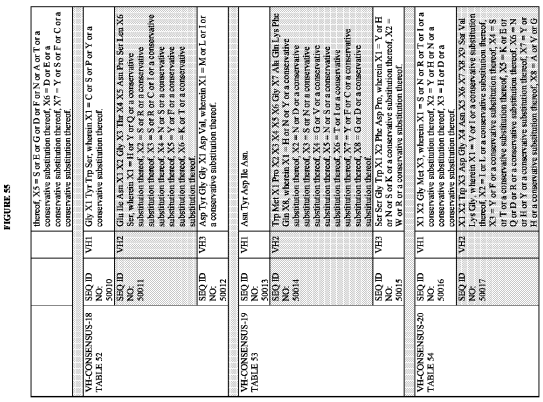
【図５５－１５】



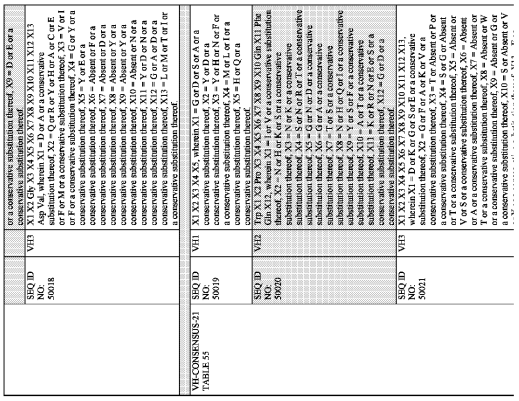
【図５５－１６】



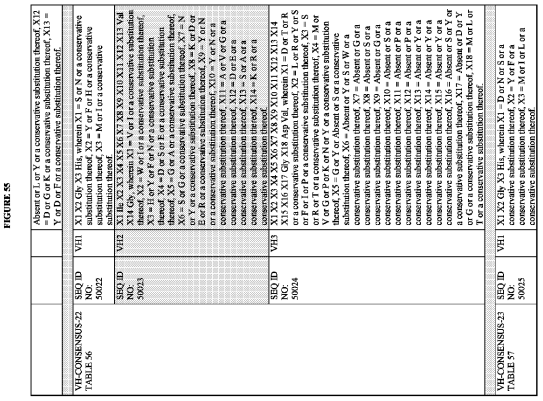
【図５５－１７】



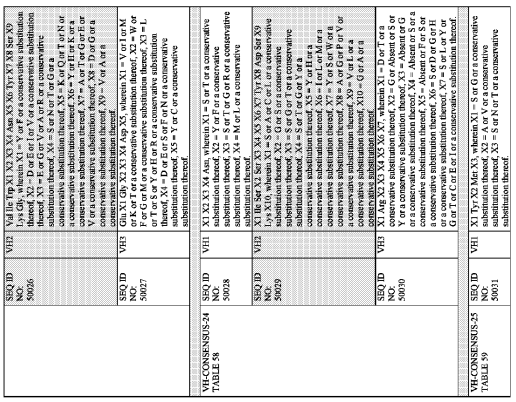
【図５５－１８】



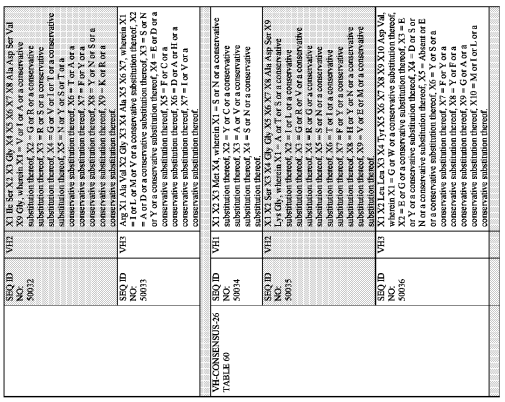
【図５５－１９】



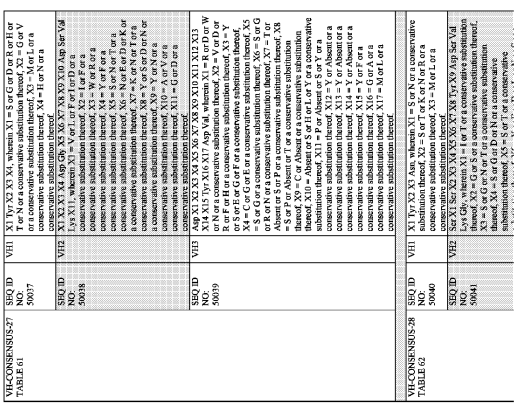
【図５５－２０】



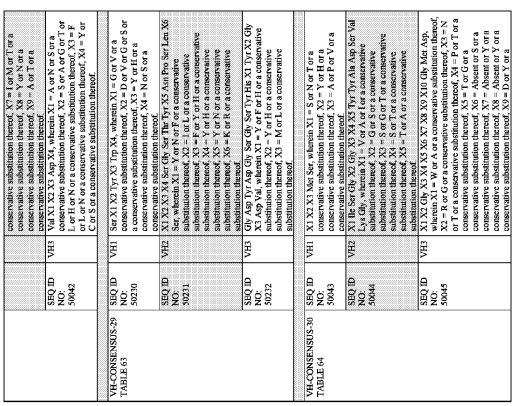
【図５５－２１】



【図５５－２２】



【図５５－２３】



【図５５－２４】

2869/4125

FIGURE 55

				X3 = N or Y or a conservative substitution thereof, X4 = K or R or a conservative substitution thereof, X5 = Y or C or F or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50054	VH3	VH1	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12 X13 X14 Gly X15 Asp Val, wherein X1 = G or D or a conservative substitution thereof, X2 = Y or F or a conservative substitution thereof, X3 = W or H or a conservative substitution thereof, X4 = N or Y or a conservative substitution thereof, X5 = P or D or a conservative substitution thereof, X6 = T or A or a conservative substitution thereof, X7 = Absent or H or a conservative substitution thereof, X8 = Absent or V or a conservative substitution thereof, X9 = Absent or P or a conservative substitution thereof, X10 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X11 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X12 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X13 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X14 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X15 = M or L or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-36 TABLE 70	SEQ ID NO: 50055	VH1		Ser X1 Ala Met X2, wherein X1 = Y or S or a conservative substitution thereof, X2 = S or T or N or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50056	VH2		X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12 Phe Asp Tyr, wherein X1 = K or D or R or a conservative substitution thereof, X2 = N or Y or a conservative substitution thereof, X3 = P or R or a conservative substitution thereof, X4 = N or K or a conservative substitution thereof, X5 = T or A or a conservative substitution thereof, X6 = T or A or a conservative substitution thereof, X7 = N or D or a conservative substitution thereof, X8 = Y or S or a conservative substitution thereof, X9 = Y or S or a conservative substitution thereof, X10 = G or D or V or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50057	VH3		X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12 Phe Asp Tyr, wherein X1 = K or D or R or a conservative substitution thereof, X2 = D or Y or M or R or a conservative substitution thereof, X3 = Y or S or N or a conservative substitution thereof, X4 = D or I or R or Y or a conservative substitution thereof, X5 = Y or Absent or S or V or a conservative substitution thereof, X6 = Absent or G or A or S or T or a conservative substitution thereof, X7 = Absent or W or Absent or I or a conservative substitution thereof, X8 = Absent or A or a conservative substitution thereof, X9 = Absent or G or Absent or A or T or Y or a conservative substitution thereof, X10 = S or Absent or A or T or Y or a conservative substitution thereof, X11 = P or Absent or G or I or a conservative substitution thereof, X12 = Y or F or T or a conservative substitution thereof

【図５５－２５】

2870/4125

FIGURE 55

				conservative substitution thereof, X10 = Y or N or S or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-33 TABLE 65	SEQ ID NO: 50247	VH1	VH1	X1 Tyr Gly X2 His, wherein X1 = S or N or T or a conservative substitution thereof, X2 = M or L or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50254	VH2		X1 X2 Thr Tyr Asn Gly X3 Val Lys Tyr Tyr X5 Asp Ser Val Lys Gly, wherein X1 = I or V or A or a conservative substitution thereof, X2 = I or M or a conservative substitution thereof, X3 = N or Y or S or a conservative substitution thereof, X5 = A or G or T or V or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50255	VH3		X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12, wherein X1 = D or E or a conservative substitution thereof, X2 = H or R or Q or A or G or T or Y or a conservative substitution thereof, X3 = Y or G or F or I or a conservative substitution thereof, X4 = Y or S or N or a conservative substitution thereof, X5 = F or V or L or a conservative substitution thereof, X6 = W or G or Absent or a conservative substitution thereof, X7 = S or A or Absent or a conservative substitution thereof, X8 = G or Absent or a conservative substitution thereof, X9 = S or Absent or a conservative substitution thereof, X10 = F or L or Absent or a conservative substitution thereof, X11 = Y or F or Absent or a conservative substitution thereof, X12 = F or Y or A or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-32 TABLE 66	SEQ ID NO: 50233	VH1		X1 X2 X3 Tyr Ser Y wherein X1 = G or V or P or A or D or Y or a conservative substitution thereof, X2 = Y or C or S or P or a conservative substitution thereof, X3 = Y or F or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50234	VH2		X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12 Asn Pro Ser Leu Lys Ser, wherein X1 = I or S or Y or a conservative substitution thereof, X2 = H or I or Q or a conservative substitution thereof, X3 = R or S or a conservative substitution thereof, X4 = S or T or a conservative substitution thereof, X5 = N or T or a conservative substitution thereof, X6 = Y or F or a conservative substitution thereof
		VH3		X1 Tle Tyr Tyr Ser Gly X2 X3 X4 X5 Xb Pro Ser Leu Lys Ser, wherein X1 = Ala or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-33 TABLE 67	SEQ ID NO: 50046	VH1		X1 Ser X2 X3 Tyr Gly, wherein X1 = R or G or a conservative substitution thereof, X2 = S or T or a conservative substitution thereof, X3 = Y or S or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50235	VH2		X1 Tle Tyr Tyr Ser Gly X2 X3 X4 X5 Xb Pro Ser Leu Lys Ser, wherein X1 = Ala or a conservative substitution
		VH3		Asp Tyr Gly Gly Leu Asp Tyr

【図５５－２６】

2871/4125

FIGURE 55

				X3 = N or Y or a conservative substitution thereof, X4 = K or R or a conservative substitution thereof, X5 = Y or C or F or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50058	VH3	VH1	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12 X13 X14 Gly X15 Asp Val, wherein X1 = G or D or a conservative substitution thereof, X2 = Y or H or a conservative substitution thereof, X3 = W or H or a conservative substitution thereof, X4 = N or Y or a conservative substitution thereof, X5 = P or D or a conservative substitution thereof, X6 = T or A or a conservative substitution thereof, X7 = Absent or H or a conservative substitution thereof, X8 = Absent or V or a conservative substitution thereof, X9 = Absent or P or a conservative substitution thereof, X10 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X11 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X12 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X13 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X14 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X15 = M or L or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-37 TABLE 71	SEQ ID NO: 50059	VH1		X1 X2 X3 X4 His, wherein X1 = G or D or a conservative substitution thereof, X2 = Y or H or a conservative substitution thereof, X3 = W or H or a conservative substitution thereof, X4 = M or I or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50060	VH2		X1 Tle X2 X3 X4 Ser Gly X5 X6 X7 X8 X9 Gln Lys Phe Lys, wherein X1 = Ala or a conservative substitution thereof, X2 = N or Y or a conservative substitution thereof, X3 = Y or T or a conservative substitution thereof, X4 = N or R or a conservative substitution thereof, X5 = P or R or a conservative substitution thereof, X6 = T or A or a conservative substitution thereof, X7 = N or D or a conservative substitution thereof, X8 = Y or S or a conservative substitution thereof, X9 = Y or S or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50061	VH3		X1 X2 Thr Tyr Ser Gly X3 Tle X5 Asn X6 Phe Asp Tyr, wherein X1 = Ala or V or T or Absent or a conservative substitution thereof, X2 = Y or F or N or a conservative substitution thereof, X3 = Y or I or a conservative substitution thereof, X5 = Y or I or a conservative substitution thereof, X6 = E or G or D or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-38 TABLE 72	SEQ ID NO: 50062	VH1		Gly Tyr Tyr X1 His, wherein X1 = I or T or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50062	VH2		Trp Ile Asn Pro Tyr Ser Gly X1 Tle X2 X3 Ala Gln Lys Phe Gln Gly, wherein X1 = D or G or a conservative substitution thereof, X2 = N or K or a conservative substitution thereof, X3 = Y or S or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50063	VH3		Asp Trp Gly Tyr Ser Ser Tyr Tyr X1 Gly Met Asp Val, wherein X1 = Y or F or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-39 TABLE 73	SEQ ID NO: 50065	VH1		X1 X2 X3 Met X4, wherein X1 = S or T or a conservative substitution thereof, X2 = Y or F or a conservative substitution thereof, X3 = Y or I or a conservative substitution thereof, X4 = N or S or I or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50064	VH2		Ser Ile Ser X1 X2 X3 X4 Tyr X5 X6 Tyr X7 Asp Ser Val Lys Gly, wherein X1 = G or S or a conservative substitution thereof, X2 = S or T or a conservative substitution thereof, X3 = S or I or N or a conservative substitution thereof, X4 = N or S or I or a conservative substitution thereof, X5 = T or A or a conservative substitution thereof, X6 = T or A or a conservative substitution thereof, X7 = K or R or a conservative substitution thereof

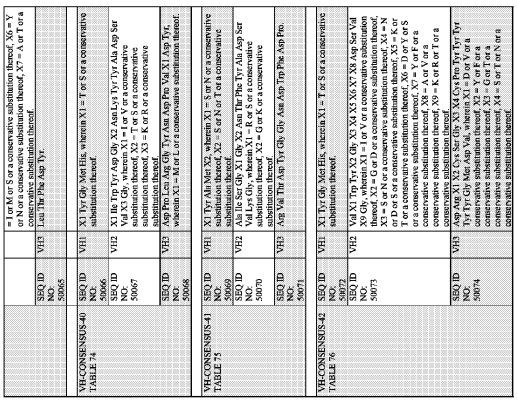
【図５５－２７】

2872/4125

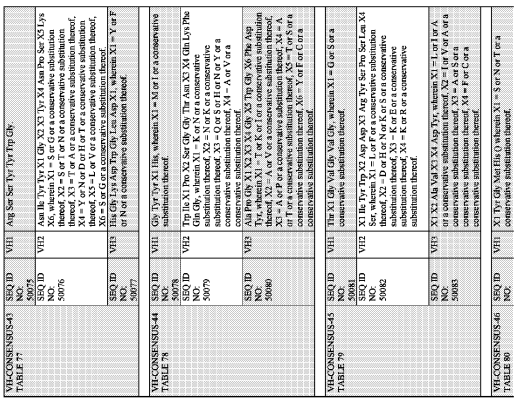
FIGURE 55

				substitution thereof, X3 = T or A or P or S or a conservative substitution thereof, X4 = Y or A or a conservative substitution thereof, X5 = Y or F or a conservative substitution thereof, X6 = N or T or T or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50048	VH3		X1 Ser X2 Ser Tyr Ser X3 Asp X4, wherein X1 = H or L or Absent or a conservative substitution thereof, X2 = Y or C or a conservative substitution thereof, X3 = L or F or I or V or a conservative substitution thereof, X4 = Y or N or C or D or F or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-34 TABLE 68	SEQ ID NO: 50049	VH1		X1 X2 X3 X4 X5, wherein X1 = G or D or a conservative substitution thereof, X2 = Y or H or a conservative substitution thereof, X3 = Y or P or a conservative substitution thereof, X4 = H or N or a conservative substitution thereof, X5 = H or N or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50050	VH2		Trp Ile Ash X1 X2 X3 X4 X5 Tle Ash Tyr Xb Xb Lys Phe Lys, wherein X1 = Y or S or a conservative substitution thereof, X2 = N or K or a conservative substitution thereof, X3 = S or N or a conservative substitution thereof, X4 = G or D or a conservative substitution thereof, X5 = T or E or a conservative substitution thereof, X6 = Absent or D or a conservative substitution thereof, X7 = Q or E or a conservative substitution thereof, X8 = G or D or a conservative substitution thereof, X9 = Y or F or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50051	VH3		X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12 X13 X14 X15, wherein X1 = G or D or a conservative substitution thereof, X2 = Y or G or T or F or a conservative substitution thereof, X3 = W or H or a conservative substitution thereof, X4 = Y or S or a conservative substitution thereof, X5 = G or Absent or S or T or a conservative substitution thereof, X6 = Y or S or Absent or a conservative substitution thereof, X7 = G or Absent or A or a conservative substitution thereof, X8 = Absent or S or a conservative substitution thereof, X9 = Absent or P or a conservative substitution thereof, X10 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X11 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X12 = W or Absent or D or E or a conservative substitution thereof, X13 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X14 = Absent or A or a conservative substitution thereof, X15 = F or S or a conservative substitution thereof
VH-CONSENSUS-35 TABLE 69	SEQ ID NO: 50052	VH1		X1 X2 Gly Met His, wherein X1 = H or N or a conservative substitution thereof, X2 = Y or S or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50053	VH2		X1 Ile X2 Tyr Asp Gly Ser X3 X4 X5 Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly, wherein X1 = Y or I or a conservative substitution

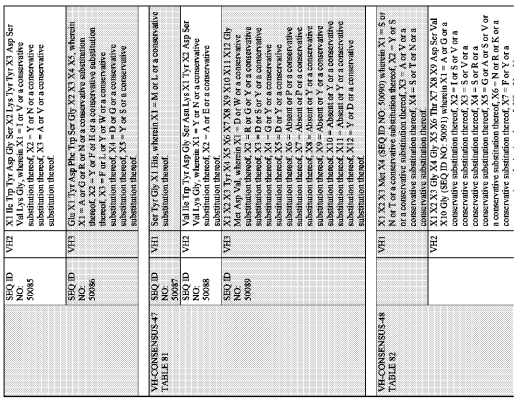
【図５５－２８】



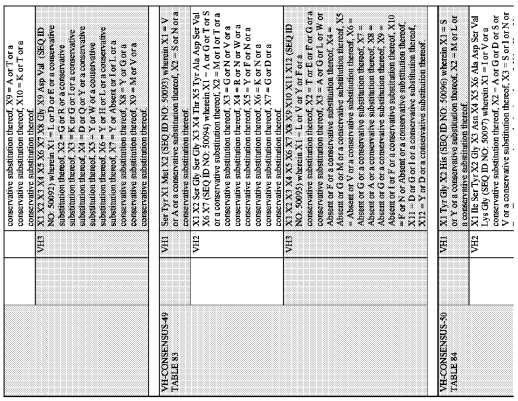
【図５５－２９】



【図５５－３０】

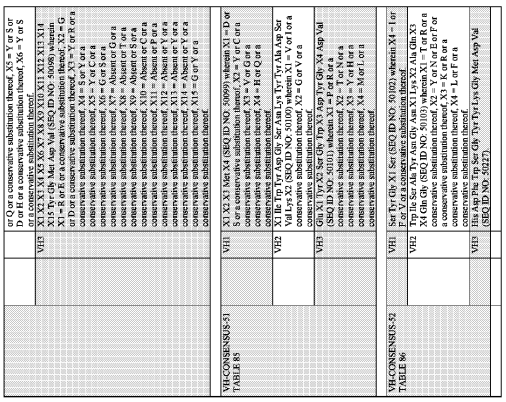


【図５５－３１】



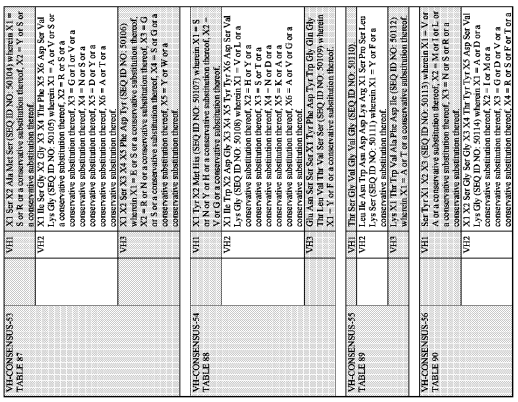
【図５５－３２】

FIGURE 55



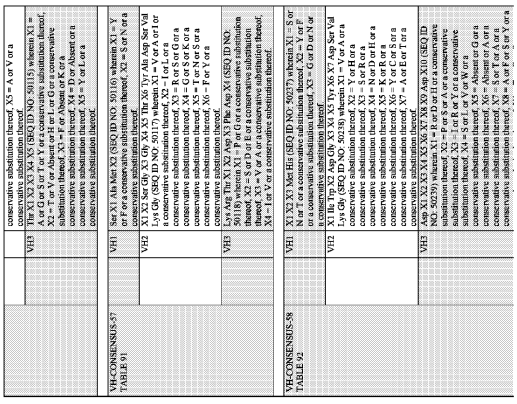
【図５５－３３】

FIGURE 55



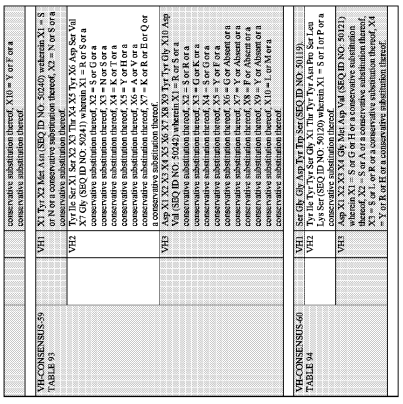
【図５５－３４】

FIGURE 55



【図５５－３５】

FIGURE 55



【図５５－３６】

FIGURE 55

Table 20A

VARIABLE LIGHT CDR CONSENSUS SEQUENCES

NAME (ORIGINAL AND PATENT)	Patent SEQ ID NO:	SEQUENCE
VL-Consensus-1 (Table 1) (generated from 13 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50166	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSYLAWY QQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQANSFPITFGQGTKVDIKR
VL-Consensus-2 (Table 36) (generated from 11 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50167	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYACWYQ QKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLGG
VL-Consense-3 (Table 37) (generated from 15 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50168	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSNNNN YLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGS GTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPFTFGQGTK VEIKR
VL-Consense-4 (Table 38) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50169	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWFQ QKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQYNSYPFTFGPGTKVDKR
VL-Consense 5 (Table 39) (generated from 17 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50170	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWY QQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCLQDYNYPPTFGQGTKVEIKR
VL-Consense 6 (Table 40) (generated from 11 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50171	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWFQ QKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQFNSYPFTFGPGTKVDKR
VL-Consense-7 (lambda) (Table 41) (generated from 26 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50172	QSVLTQPXSVSGAPGQRVTISCTGSSSNVGXXNXVSW YQQFPGKAPKLMIYEVSNRPSGVXNRFSGSKSGNTA SLTISGLQAEDEADYYCSSYTSSSTLVFGGGTKLTV LG
VL-Consense-8 (Table 42) (generated from 25 light chain	SEQ ID NO: 50174	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQ QKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGQGTKVDIKR

【図５５－３７】

FIGURE 55

VL-Consense-9 (Table 44) (generated from 14 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50175	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQ QKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLT ISSLQPEDFATYYCQQTYSTPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consense-10 (Table 44) (generated from 22 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50176	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWY QQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTL TISSLQPEDFATYYCLQHNSYPRTFGQGTKVEIKR
VL-Consense 11 (Table 45) (generated from 16 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50177	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWY QQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTL TISSLQPEDFATYYCLQHISYPITFGQGTKVEIKR
VL-Consense 12 (Table 46) (generated from 11 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50178	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWY QQKPGKAPKLLYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTL TISSLQPEDFATYYCLQHISYPITFGQGTKVEIKR
VL-Consense 13 (Table 47) (generated from 21 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50179	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWY QQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTL TISSLQPEDFATYYCLQHISYPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consense 14 (Table 48) (generated from 13 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50180	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWY QQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTL TISSLQPEDFATYYCLQHISYPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consense 15 (Table 95) (generated from 209 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50312	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRHDLGWYQ QKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTI SSLQPEDFATYYCLQHISYPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consense 16 (Table 96) (generated from 146 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50313	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYACWYQ QKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG
VL-Consense 17 (Table 97) (generated from 162 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50314	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWY QQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTI TISRLEPEDFAVYYCQQYDNSPPTFGQGTKVEIKR
VL-Consense 18 (Table 98) (generated from 147 light chain	SEQ ID NO: 50315	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWY QQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTL TISSLQPEDFATYYCLQHYSYPRTFGQGTKVEIKR

【図５５－３８】

FIGURE 55

VL-Consense 19 (Table 99) (generated from 132 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50101	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSNNNN YLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGS GTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPFTFGQGTK VEIKR
VL-Consense 20 (Table 100) (generated from 109 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50317	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWFQ QKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCLQHNSYPFTFGPGTKVDIKR
VL-Consense 21 (Table 101) (generated from 19 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50318	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWFQ QKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQLNSYPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consense 22 (Table 102) (generated from 89 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50319	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLAWYQ QKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQSYSTPFTFGQGTKVEIKR
VL-Consense 23 (Table 103) (generated from 86 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50320	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWFQ QKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQYNSYPFTFGPGTKVDKR
VL-Consense 24 (Table 104) (generated from 81 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50321	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYACWYQ QKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG
VL-Consense 25 (Table 105) (generated from 76 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50322	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDG- SKTYLAWYQQKPGQPQLLIYEVSSRLSGVPDRFSG SGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGSHFPQT
VL-Consense 26 (Table 106) (generated from 58 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50323	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQ QKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGQGTKVDIKR
VL-Consense 27 (Table 107) (generated from 47 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50324	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSNNNN YLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGS GTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPCSFGQGTK LEIKR
VL-Consense 28 (Table 108) (generated from 42 light chain	SEQ ID NO: 50325	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISNWLAWY QQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQANFWPTGQGTKVEIKR

【図５５－３９】

FIGURE 55

VL-Consense 29 (Table 109) (generated from 5 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50326	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLHSSNNNN YLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGS GTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPWTFGQGTK VDIKR
VL-Consense 30 (Table 110) (generated from 31 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50327	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASSTGAVTTSN- YYPNWFQQKPGQAPRALIYSTSNKHSWTPARFSGSL LGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCLLYYGGAQLVFGG GTKLTVLG
VL-Consense 31 (Table 111) (generated from 25 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50328	DIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVNSNLAWY QQKPGQAPRLLIYGATTRATGIPARFSGSGSGTEFTL TISSLQSEDFAVYYCQQYNDWPFSFGQGTKLEIKR
VL-Consense 32 (Table 112) (generated from 24 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50329	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWY QQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTL TISRLEPEDFAVYYCQQSGSSPITFGQGTRLEIKR
VL-Consense 33 (Table 113) (generated from 21 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50330	DVVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSEGKTY LYWYLQKPGQSPQLLIYEVSNRFSGVPDRFSGSGSGT DFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQLPLTFGGGTKVEI KR
VL-Consense 34 (Table 114) (generated from 18 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50331	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNYVSW YQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSKSGNTA SLTISGLQAEDEADYYCSSYTSSSTRVFGGGTKLTV LG
VL-Consense 35 (Table 115) (generated from 17 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50332	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQ QKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQSYSTPLTFGQGTRLEIKR
VL-Consense 36 (Table 116) (generated from 16 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50333	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWY QQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQANSFPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consense 37 (Table 117) (generated from 16 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50334	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLAWY QQLQGTAPKLLIYDNSKRPSGIPDRFSGSKSGTSATL GITGLQTGDEADYYCGTWDSSLSVGVFGGGTKLTV

【図５５－４０】

FIGURE 55

VL-Consensus-39 (Table 119) (generated from 14 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50336	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLD WYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDF TLKISRVEAEDVGVYYCMQALHPPLTFGGGTKVE IER
VL-Consensus-40 (Table 120) (generated from 13 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50337	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNTVNWY QQLPGTAPKLLIYSNNQRPSGVPDRFSGSKSGTSASL AISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGVVFGGGTKLTV LG
VL-Consensus-41 (Table 121) (generated from 11 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50338	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNYVYWYQ QLPGTAPKLLIYRNDQRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAI SGLQSEDEADYYCAAWDDSLSGVLFGGGTTLTVL G
VL-Consensus-42 (Table 122) (generated from 10 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50339	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWY QQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTL TISSLQPEDFATYYCLQDYSYPRTFGQGTRLEIKR
VL-Consensus-43 (Table 123) (generated from 10 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50340	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLAWYQ QKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQSYSIPITFGQGTRLEIKR
VL-Consensus-44 (Table 124) (generated from 10 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50341	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSEGKTYL YWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFSGSGSGT DFTLKISRVEAEDVGVYYCSQSIQLPITFGQGTRLEI KR
VL-Consensus-45 (Table 125) (generated from 10 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50342	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVISSYLAWYQ QKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTI SRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consensus-46 (Table 126) (generated from 10 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50343	EVVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSISSNLAWY QQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTI TSSLQSEDFAVYYCQQYNDWPLTFGQGTKVEIKR
VL-Consensus-47 (Table 127) (generated from 10 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50344	EIVLTQSPGSLSVSPGERATLSCRASQSVSSSFLAWYQ QKPDQSPRLLIKYASQSFSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI NSLEAEDAATYYCHQSSSLPWTFGQGTKVEIKR
VL-Consensus-48 (Table 128) (generated from 9 light chain	SEQ ID NO: 50345	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGRNDLGWY QQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSTEFTL TISSLQPEDFATYYCLQHNSFPQGGTKVEIKR

FIGURE 55

VL-Consensus-49 (Table 129) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50346	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLAWFQ QKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQTYSTPITFGQGTRLEIKR
VL-Consensus-50 (Table 130) (generated from 9 light sequences)	SEQ ID NO: 50347	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGSSLHWYQ QKPDQSPKLLIKYASQSFSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI NSLEAEDAATYYCHQSSSLPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consensus-51 (Table 131) (generated from 9 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50348	SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRSFYASWYQ QKPGQAPVLVIYGKNNRPSGIPDRFSGSSSGNTASLTI TGAQAEDEADYYCNSRDSSGNHLVVFGGGTKLTVL G
VL-Consensus-52 (Table 132) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50349	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTY LNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRFSGSGSG TDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWPLTFGQGTK VEIKR
VL-Consensus-53 (Table 133) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50350	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSRNLAWY QQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTI TSSLQSEDFAVYYCQQYSNSPFLFTFGQGTKVEIKR
VL-Consensus-54 (Table 134) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50351	SYELTQPLSVSVALGQTARITCGGNSIGRKNVHWYQ QKPGQAPVLVIYRDSNRPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SRAQAGDEADYYCQVWDSSTVVFGGGTKLTVLG

【図５５－４１】

FIGURE 55

VL-Consensus-49 (Table 129) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50346	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLAWFQ QKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI SSLQPEDFATYYCQQTYSTPITFGQGTRLEIKR
VL-Consensus-50 (Table 130) (generated from 9 light sequences)	SEQ ID NO: 50347	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGSSLHWYQ QKPDQSPKLLIKYASQSFSGVPSRFSGSGSGTDFTLTI NSLEAEDAATYYCHQSSSLPLTFGGGTKVEIKR
VL-Consensus-51 (Table 131) (generated from 9 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50348	SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRSFYASWYQ QKPGQAPVLVIYGKNNRPSGIPDRFSGSSSGNTASLTI TGAQAEDEADYYCNSRDSSGNHLVVFGGGTKLTVL G
VL-Consensus-52 (Table 132) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50349	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTY LNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRFSGSGSG TDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWPLTFGQGTK VEIKR
VL-Consensus-53 (Table 133) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50350	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSRNLAWY QQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTI TSSLQSEDFAVYYCQQYSNSPFLFTFGQGTKVEIKR
VL-Consensus-54 (Table 134) (generated from 8 light chain sequences)	SEQ ID NO: 50351	SYELTQPLSVSVALGQTARITCGGNSIGRKNVHWYQ QKPGQAPVLVIYRDSNRPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SRAQAGDEADYYCQVWDSSTVVFGGGTKLTVLG

【図５５－４２】

FIGURE 55

Table 2018 VARIABLE LIGHT CDR CONSENSUS SEQUENCES

Name (original and patent)	Parent SEQ ID NO:	CDR	Sequence
VL-Consensus-1 (Table 35)	50423	VL1	RASQGISSWLA
	50424	VL2	AASSLQS
	50425	VL3	QQANSFPPT
VL-Consensus-2 (Table 36)	50426	VL1	SGDKLGDKYAY
	50427	VL2	QDRKRPS
	50428	VL3	QAWDNSTVV
VL-Consensus-3 (Table 37)	50429	VL1	KSSQSVLYSSNNNYLA
	50430	VL2	WASTRES
	50431	VL3	QQYYSTPPT
VL-Consensus-4 (Table 38)	50432	VL1	RASQGISNYLA
	50433	VL2	AASSLQS
	50434	VL3	QQYNSYPPT
VL-Consensus-5 (Table 39)	50435	VL1	RASQGISNWLG
	50436	VL2	AASSLQS
	50437	VL3	LQYNSYPPT
VL-Consensus-6 (Table 40)	50438	VL1	RASQSISNYLA
	50439	VL2	AASSLQS
	50440	VL3	QQYSSLPPT
VL-Consensus-7c (Table 41)	50441	VL1	RASQDISTLG
	50442	VL2	AASSLQS
	50443	VL3	LQHTYPPT
VL-Consensus-7L (Table 41)	50444	VL1	TGTSSDVGGYNYVS
	50445	VL2	EVSNRPS
	50446	VL3	SSYTSSSTVV
VL-Consensus-8 (Table 42)	50447	VL1	RASQSISSYLN
	50448	VL2	AASSLQS
	50449	VL3	QQSYSTPLT
VL-Consensus-9 (Table 43)	50450	VL1	RASQSISTLN
	50451	VL2	TASSLQS
	50452	VL3	QQYSTPPLT

【図５５－４３】

FIGURE 55

VL-Consensus-10 (Table 44)	50453	VL1	RASQGIRNDLG
	50454	VL2	AASSLQS
	50455	VL3	LQHTSYPPT
VL-Consensus-11 (Table 45)	50456	VL1	RASQGIRNDLG
	50457	VL2	AASSLQS
	50458	VL3	LQHNSYPPT
VL-Consensus-12 (Table 46)	50459	VL1	RASQGIRNDLG
	50460	VL2	AASSLQS
	50461	VL3	LQHNSYPLT
VL-Consensus-13 (Table 47)	50462	VL1	RASQGIRNDLG
	50463	VL2	AASSLQS
	50464	VL3	LQHSSYPLT
VL-Consensus-14 (Table 48)	50465	VL1	RASQGIRNDLG
	50466	VL2	AASSVQS
	50467	VL3	LQHNSYPLT
VL-Consensus-15 (Table 95)	50606	VL1	RASQGIRNDLG
	50607	VL2	AASSLQS
	50608	VL3	LQHNSYPLT
VL-Consensus-16 (Table 96)	50609	VL1	SGDKLGDKYAC
	50610	VL2	AASSLQS
	50611	VL3	QAWDSSTVV
VL-Consensus-17 (Table 97)	50612	VL1	RASQSVSSYSYLA
	50613	VL2	GASSRAT
	50614	VL3	QQYDNSPWT
VL-Consensus-18 (Table 98)	50615	VL1	RASQGIRNDLG
	50616	VL2	AASSLQS
	50617	VL3	LQHYSYPRT
VL-Consensus-19 (Table 99)	50618	VL1	KSSQSVLFSSNNNNYLA
	50619	VL2	WASTRES
	50620	VL3	QQYYSTPPT
VL-Consensus-20 (Table 100)	50621	VL1	RASQGIRNDLG
	50622	VL2	AASSLQS
	50623	VL3	LQHNSYPPT
VL-Consensus-21 (Table 101)	50624	VL1	RASQGISNYLA
	50625	VL2	AASSLQS
	50626	VL3	QQYSTYPLT

【図５５－４４】

2889/4125

FIGURE 55

VL-Consensus-22 (Table 102)	50627	VL1	RASQNISYLN
	50628	VL2	TASLQS
	50629	VL3	QQSYSTPLT
VL-Consensus-23 (Table 103)	50630	VL1	RASQGISNYLA
	50631	VL2	AASSLQS
	50632	VL3	QQYNSYPPT
VL-Consensus-24 (Table 104)	50633	VL1	RASQGISSWLA
	50634	VL2	AASSLQS
	50635	VL3	QQANSFPPT
VL-Consensus-25 (Table 105)	50636	VL1	KSSQSLLHSDGKTYLY
	50637	VL2	EVSNRFS
	50638	VL3	MQSIQLPWT
VL-Consensus-26 (Table 106)	50639	VL1	RASQSISSYLN
	50640	VL2	AASSLQS
	50641	VL3	QQSYSPPPT
VL-Consensus-27 (Table 107)	50642	VL1	KSSQSVLYSSNNNNYLA
	50643	VL2	WASTRES
	50644	VL3	QQYYSTPCS
VL-Consensus-28 (Table 108)	50645	VL1	RASQGISNWLA
	50646	VL2	AASSLQS
	50647	VL3	QQANSFPWT
VL-Consensus-29 (Table 109)	50648	VL1	KSSQSVLHSSNNNYLA
	50649	VL2	WASTRES
	50650	VL3	QQYYSTPWT
VL-Consensus-30 (Table 110)	50651	VL4	ASTGATYSGVPSN
	50652	VL2	STSNKHS
	50653	VL3	LLYYGGAQLV
VL-Consensus-31 (Table 111)	50654	VL1	RASQSVNSNLA
	50655	VL2	GASTRAT
	50656	VL3	QQYDNWPCS

【図５５－４５】

2890/4125

FIGURE 55

VL-Consensus-32 (Table 112)	50657	VL1	RASQSVSSSYLV
	50658	VL2	GASTRAT
	50659	VL3	QQYGSSPLT
VL-Consensus-33 (Table 113)	50660	VL1	KSSQSLLHSEGKTYLY
	50661	VL2	EVSNRFS
	50662	VL3	MQSIQLPLT
VL-Consensus-34 (Table 114)	50663	VL1	TGTSSDVGGYNYVS
	50664	VL2	EVSNRPS
	50665	VL3	NSYTRSTWV
VL-Consensus-35 (Table 115)	50666	VL1	RASQSISNYLN
	50667	VL2	AASSLQS
	50668	VL3	QQSYSTPTWT
VL-Consensus-36 (Table 116)	50669	VL1	RASQGISWLA
	50670	VL2	AASSLQS
	50671	VL3	QQANSFPIT
VL-Consensus-37 (Table 117)	50672	VL1	QASQDINNYLN
	50673	VL2	DASNLET
	50674	VL3	QQYDNLPIT
VL-Consensus-38 (Table 118)	50675	VL1	SGSSSNSNNRYVS
	50676	VL2	DNNKRP
	50677	VL3	GTWDSSLSAVGV
VL-Consensus-39 (Table 119)	50678	VL1	RSSQSLLHSNGYNYLD
	50679	VL2	LGSNRAS
	50680	VL3	MQALPLT
VL-Consensus-40 (Table 120)	50681	VL1	SGSSSNIGSNTVN
	50682	VL2	SNNQRPS
	50683	VL3	AAWDDSLNGVV
VL-Consensus-41 (Table 121)	50684	VL1	SGSSSNIGSNIVT
	50685	VL2	SNDQRPS

【図５５－４６】

2891/4125

FIGURE 55

VL-Consensus-42 (Table 122)	50687	VL1	RASQDIRNDLG
	50688	VL2	AASSLQS
	50689	VL3	LQHNSYPIT
VL-Consensus-43 (Table 123)	50690	VL1	RASQSISSYLN
	50691	VL2	AASSLQS
	50692	VL3	QQSYSIPIT
VL-Consensus-44 (Table 124)	50693	VL1	KSSQSLLHSEGKTYLY
	50694	VL2	EVSNRFS
	50695	VL3	MQSIQLPIT
VL-Consensus-45 (Table 125)	50696	VL1	RASQSVSSSYLA
	50697	VL2	GASSRAT
	50698	VL3	QQYGRSPPN
VL-Consensus-46 (Table 126)	50699	VL1	RASQSVSSNLA
	50700	VL2	GASTRAT
	50701	VL3	QQYNDWPWT
VL-Consensus-47 (Table 127)	50702	VL1	RASQSISSSLH
	50703	VL2	YASQSFS
	50704	VL3	HQSSSLPWT
VL-Consensus-48 (Table 128)	50705	VL1	RASQGIRNDLG
	50706	VL2	AASSLQS
	50707	VL3	LQHNSYPWS
VL-Consensus-49 (Table 129)	50708	VL1	RASQGISNYLA
	50709	VL2	AASSLQS
	50710	VL3	QQYLSYPIT
VL-Consensus-50 (Table 130)	50711	VL1	RASQSISSSLH
	50712	VL2	YASQSFS
	50713	VL3	HQSSRLPLT
VL-Consensus-51 (Table 131)	50714	VL1	QQDSLRPYYAS

【図５５－４７】

2892/4125

FIGURE 55

	50716	VL3	NSRDSSGNHLVV
VL-Consensus-52 (Table 132)	50717	VL1	RSSQSLVYSDGNTYLN
	50718	VL2	KVSNWDS
	50719	VL3	MQGTHWPLT
VL-Consensus-53 (Table 133)	50720	VL1	RASQSVSRNLA
	50721	VL2	GASTRAT
	50722	VL3	QQYNNWPLT
VL-Consensus-54 (Table 134)	50723	VL1	GGNNIGRKNVH
	50724	VL2	RDSERPS
	50725	VL3	QVWDSSTVV

【図５５－４８】

FIGURE 55

Table 28C

VARIABLE LIGHT CDR CONSENSUS SEQUENCES II

NAME (ORIGINAL AND PATENT)		Parent SEQ ID NO:	CDR:	Sequence:
VL-CONSENSUS-15 TABLE 95	SEQ ID NO: 50122		VL1	X1 X2 Ser X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10, wherein X1 = R or L or a conservative substitution thereof; X2 = A or T or a conservative substitution thereof; X3 = G or R or a conservative substitution thereof; X4 = G or D or A or V or a conservative substitution thereof; X5 = R or E or A or D or a conservative substitution thereof; X6 = R or E or A or N or S or D or T or K or I or a conservative substitution thereof; X7 = A or T or a conservative substitution thereof; X8 = D or N or A or a conservative substitution thereof; X9 = L or P or V or a conservative substitution thereof; X10 = T or A or N or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50123		VL2	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7, wherein X1 = A or T or S or Y or G or D or A or a conservative substitution thereof; X2 = A or T or a conservative substitution thereof; X3 = S or P or C or Y or a conservative substitution thereof; X4 = S or N or T or F or I or a conservative substitution thereof; X5 = L or C or F or S or a conservative substitution thereof; X6 = Q or H or R or a conservative substitution thereof; X7 = S or R or N or T or G or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50124		VL3	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9, wherein X1 = L or V or I or a conservative substitution thereof; X2 = Q or H or R or a conservative substitution thereof; X3 = H or D or Y or N or R or a conservative substitution thereof; X4 = N or D or A or L or V or a conservative substitution thereof; X5 = S or L or P or N or R or T or D or A or L or V or a conservative substitution thereof; X6 = S or R or N or T or G or a conservative substitution thereof; X7 = A or V or S or T or D or S or a conservative substitution thereof; X8 = F or S or a conservative substitution thereof; X9 = T or K or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-16 TABLE 96	SEQ ID NO: 50125		VL1	Ser Gly X1 X2 X3 Gly X4 X5 X6 X7 X8, wherein X1 = D or N or E or Y or S or a conservative substitution thereof; X2 = K or A or L or M or I or a conservative substitution thereof; X3 = Y or F or A or L or M or I or a conservative substitution thereof; X4 = S or N or T or G or a conservative substitution thereof; X5 = S or L or N or R or T or D or A or L or V or a conservative substitution thereof; X6 = L or P or N or R or T or G or a conservative substitution thereof; X7 = T or K or a conservative substitution thereof; X8 = L or a conservative substitution thereof

【図５５－４９】

FIGURE 55

	SEQ ID NO: 50126	VL2	X1 X2 X3 X4 Arg X5 X6, wherein X1 = Q or E or K or a conservative substitution thereof; X2 = D or N or a conservative substitution thereof; X3 = L or P or V or M or T or G or I or a conservative substitution thereof; X4 = K or R or Q or a conservative substitution thereof; X5 = K or R or Q or a conservative substitution thereof; X6 = L or P or V or M or I or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50128	VL3	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10, wherein X1 = Q or E or H or a conservative substitution thereof; X2 = V or A or T or a conservative substitution thereof; X3 = W or R or a conservative substitution thereof; X4 = D or H or V or N or G or a conservative substitution thereof; X5 = S or A or T or G or a conservative substitution thereof; X6 = A or S or N or R or a conservative substitution thereof; X7 = S or T or N or R or G or a conservative substitution thereof; X8 = V or A or T or M or I or G or a conservative substitution thereof; X9 = V or A or I or L or a conservative substitution thereof; X10 = V or I or L or A or M.
VL-CONSENSUS-17 TABLE 97	SEQ ID NO: 50127	VL1	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 Leu X11, wherein X1 = R or W or a conservative substitution thereof; X2 = R or W or L or a conservative substitution thereof; X3 = S or G or L or a conservative substitution thereof; X4 = Q or P or a conservative substitution thereof; X5 = S or N or H or R or a conservative substitution thereof; X6 = V or A or S or N or D or P or I or G or W or a conservative substitution thereof; X7 = Y or F or L or a conservative substitution thereof; X8 = S or T or N or G or L or R or a conservative substitution thereof; X9 = S or A or T or P or a conservative substitution thereof; X10 = Y or F or I or a conservative substitution thereof; X11 = A or V or S or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50128	VL2	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10, wherein X1 = G or D or V or A or a conservative substitution thereof; X2 = A or T or P or V or G or a conservative substitution thereof; X3 = S or P or A or T or C or Y or a conservative substitution thereof; X4 = S or N or T or F or I or G or W or a conservative substitution thereof; X5 = A or S or T or a conservative substitution thereof; X6 = F or I or L or a conservative substitution thereof; X7 = Y or F or S or a conservative substitution thereof; X8 = S or T or N or R or G or a conservative substitution thereof; X9 = S or A or T or P or a conservative substitution thereof; X10 = A or V or S or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50129	VL3	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10, wherein X1 = Q or H or a conservative substitution thereof; X2 = Q or H or R or a conservative substitution thereof; X3 = Y or S or a conservative substitution thereof; X4 = D or N or E or G or Y or T or F or V or a conservative substitution thereof; X5 = N or S or Absent or R or T or I or D or G or a conservative substitution thereof; X6 = Absent or S or a conservative substitution thereof; X7 = A or V or S or T or a conservative substitution thereof; X8 = F or S or a conservative substitution thereof; X9 = T or K or a conservative substitution thereof; X10 = L or a conservative substitution thereof

【図５５－５０】

FIGURE 55

	SEQ ID NO: 50130	VL1	Arg X1 X2 X3 X4 Ile X5 X6 X7 Leu X8, wherein X1 = T or A or a conservative substitution thereof; X2 = S or T or a conservative substitution thereof; X3 = Q or R or a conservative substitution thereof; X4 = G or D or A or N or V or a conservative substitution thereof; X5 = R or D or H or S or G or T or a conservative substitution thereof; X6 = K or D or H or S or G or T or a conservative substitution thereof; X7 = D or I or Y or a conservative substitution thereof; X8 = G or N or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50131	VL2	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7, wherein X1 = A or T or I or V or P or G or R or S or a conservative substitution thereof; X2 = A or T or S or a conservative substitution thereof; X3 = L or C or F or S or a conservative substitution thereof; X4 = S or N or R or G or T or a conservative substitution thereof; X5 = Q or H or R or E or a conservative substitution thereof; X6 = S or R or N or G or T or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50132	VL3	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 The, wherein X1 = L or Q or H or I or a conservative substitution thereof; X2 = H or Q or Y or L or S or a conservative substitution thereof; X3 = H or Q or Y or L or S or a conservative substitution thereof; X4 = Y or N or H or S or T or a conservative substitution thereof; X5 = L or C or P or S or R or D or F or G or a conservative substitution thereof; X6 = S or R or W or F or L or a conservative substitution thereof; X7 = Y or F or P or C or N or T or a conservative substitution thereof; X8 = R or W or F or L or a conservative substitution thereof; X9 = R or W or F or L or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-19 TABLE 99	SEQ ID NO: 50133	VL1	X1 X2 X3 Gln Ser X4 Leu X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12 X13 X14, wherein X1 = K or R, or M or a conservative substitution thereof; X2 = S or G or R or a conservative substitution thereof; X3 = S or T or N or I or G or L or a conservative substitution thereof; X4 = V or A or a conservative substitution thereof; X5 = H or Y or F or S or K or D or L or M or a conservative substitution thereof; X6 = S or N or H or R or a conservative substitution thereof; X7 = S or F or P or a conservative substitution thereof; X8 = N or H or a conservative substitution thereof; X9 = N or K or S or D or E or a conservative substitution thereof; X10 = S or T or V or Y or K or H or R or A or F or W or a conservative

【図５５－５１】

FIGURE 55

	SEQ ID NO: 50229	VL2	conservative substitution thereof; X12 = Y or S or a conservative substitution thereof; X13 = L or P or a conservative substitution thereof; X14 = A or T or V or G or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50134	VL3	Trp X1 X2 X3 X4 X5 X6, wherein X1 = A or T or S or a conservative substitution thereof; X2 = S or F or a conservative substitution thereof; X3 = L or C or F or S or a conservative substitution thereof; X4 = H or Y or F or a conservative substitution thereof; X5 = E or K or A or H or R or a conservative substitution thereof; X6 = S or N or H or R or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-20 TABLE 100	SEQ ID NO: 50135	VL1	Arg X1 Ser Gln X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8, wherein X1 = A or T or a conservative substitution thereof; X2 = G or D or A or V or a conservative substitution thereof; X3 = L or M or a conservative substitution thereof; X4 = R or S or a conservative substitution thereof; X5 = N or K or S or D or T or a conservative substitution thereof; X6 = D or H or S or G or T or a conservative substitution thereof; X7 = L or F or a conservative substitution thereof; X8 = G or D or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50136	VL2	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7, wherein X1 = A or P or T or G or T or R or V or a conservative substitution thereof; X2 = A or V or a conservative substitution thereof; X3 = S or T or a conservative substitution thereof; X4 = S or N or R or G or T or a conservative substitution thereof; X5 = L or V or a conservative substitution thereof; X6 = Q or L or a conservative substitution thereof; X7 = S or T or D or T or G or R or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50137	VL3	X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9, wherein X1 = L or I or a conservative substitution thereof; X2 = Q or H or L or R or a conservative substitution thereof; X3 = H or Y or L or a conservative substitution thereof; X4 = N or Y or T or H or G or I or a conservative substitution thereof; X5 = S or R or D or T or G or N or a conservative substitution thereof; X6 = S or R or N or T or G or a conservative substitution thereof; X7 = A or T or S or Y or K or H or R or A or F or W or a conservative

【図５５－５２】

2897/4125

FIGURE 55

				conservative substitution thereof; X8 = F or L or a conservative substitution thereof; X9 = T or K or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-23 TABLE 101	SEQ ID NO: 90138	VL1	Arg-X1-X2-Gln-X3-Ile-X4-X5-X6-Leu-X7, wherein X1 = A or S or T or a conservative substitution thereof; X2 = S or N or a conservative substitution thereof; X3 = G or D or A or V or S or a conservative substitution thereof; X4 = S or G or N or R or A or a conservative substitution thereof; X5 = T or V or a conservative substitution thereof; X6 = Y or I or a conservative substitution thereof; X7 = A or C or D or a conservative substitution thereof.	
	SEQ ID NO: 90139	VL2	Val-X1-X2-Leu-X3-X4-Leu-X5-X6-X7-X8-Gly-X9-Thr-X10, wherein X1 = T or V or D or G or a conservative substitution thereof; X2 = A or T or V or a conservative substitution thereof; X3 = S or P or a conservative substitution thereof; X4 = Q or I, or F or H or a conservative substitution thereof; X5 = Q or N or a conservative substitution thereof; X6 = S or G or N or T or a conservative substitution thereof; X7 = S or L or a conservative substitution thereof; X8 = T or I or a conservative substitution thereof; X9 = T or K or a conservative substitution thereof; X10 = A or V or S or a conservative substitution thereof.	
VL-CONSENSUS-24 TABLE 102	SEQ ID NO: 90140	VL1	Met-X1-X2-X3-X4-X5-X6-Pro-X7-X8, wherein X1 = Q or L or H or a conservative substitution thereof; X2 = Q or H or R or Y or a conservative substitution thereof; X3 = Y or S or L or a conservative substitution thereof; X4 = S or A or a conservative substitution thereof; X5 = T or N or S or K or Q or E or a conservative substitution thereof; X6 = Y or F or I or a conservative substitution thereof; X7 = L or V or F or a conservative substitution thereof; X8 = T or I or Q or S or a conservative substitution thereof.	
	SEQ ID NO: 90141	VL1	Arg-X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7-X8-Leu-X9, wherein X1 = A or T or a conservative substitution thereof; X2 = S or T or a conservative substitution thereof; X3 = Q or H or R or a conservative substitution thereof; X4 = N or S or A or T or a conservative substitution thereof; X5 = T or S or P or F or N or I or L or a conservative substitution thereof; X6 = P or T or I or A or S or a conservative substitution thereof; X7 = L or V or F or a conservative substitution thereof; X8 = T or I or Q or S or a conservative substitution thereof; X9 = N or H or a conservative substitution thereof.	
	SEQ ID NO: 90142	VL2	Gly-X1-Ile-X2-X3-X4-X5-X6-X7-X8-Leu-X9, wherein X1 = T or A or V or A or T or a conservative substitution thereof; X2 = S or N or R or T or a conservative substitution thereof; X3 = Q or E or A or T or a conservative substitution thereof; X4 = N or S or A or T or a conservative substitution thereof; X5 = T or S or P or F or N or I or L or a conservative substitution thereof; X6 = P or T or I or A or S or a conservative substitution thereof; X7 = L or V or F or a conservative substitution thereof; X8 = T or I or Q or S or a conservative substitution thereof; X9 = N or H or a conservative substitution thereof.	

【図５５－５３】

2898/4125

FIGURE 55

				X6 = S or G or T or N or R or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-25 TABLE 103	SEQ ID NO: 90143	VL1	Val-X1-Leu-X2-X3-X4-X5-X6-X7-Ile, wherein X1 = Q or L or A or T or a conservative substitution thereof; X2 = S or T or N or P or a conservative substitution thereof; X3 = Y or H or C or D or F or N or a conservative substitution thereof; X4 = S or A or T or P or a conservative substitution thereof; X5 = T or S or P or F or N or I or L or a conservative substitution thereof; X6 = P or T or I or A or S or a conservative substitution thereof; X7 = L or V or F or a conservative substitution thereof.	
VL-CONSENSUS-26 TABLE 104	SEQ ID NO: 90144	VL1	Met-X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7-X8-X9-Leu-X10, wherein X1 = Q or L or H or a conservative substitution thereof; X2 = Q or T or a conservative substitution thereof; X3 = Y or H or R or a conservative substitution thereof; X4 = S or A or T or a conservative substitution thereof; X5 = T or N or S or K or Q or E or a conservative substitution thereof; X6 = Y or F or I or a conservative substitution thereof; X7 = L or V or F or a conservative substitution thereof; X8 = T or I or Q or S or a conservative substitution thereof; X9 = N or H or a conservative substitution thereof; X10 = A or V or S or a conservative substitution thereof.	
	SEQ ID NO: 90145	VL2	Thr-X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7, wherein X1 = A or V or G or T or a conservative substitution thereof; X2 = A or S or V or a conservative substitution thereof; X3 = S or G or N or R or A or a conservative substitution thereof; X4 = S or A or T or a conservative substitution thereof; X5 = T or S or P or F or N or I or L or a conservative substitution thereof; X6 = Q or R or H or L or E or a conservative substitution thereof; X7 = S or T or a conservative substitution thereof.	
	SEQ ID NO: 90146	VL3	Val-X1-X2-Leu-X3-X4-X5-X6-X7-X8-X9-X10, wherein X1 = Q or H or L or R or a conservative substitution thereof; X2 = Q or R or A or I or a conservative substitution thereof; X3 = Q or D or a conservative substitution thereof; X4 = S or G or T or a conservative substitution thereof; X5 = T or S or P or F or N or I or L or a conservative substitution thereof; X6 = Y or F or V or I or a conservative substitution thereof; X7 = F or V or I or a conservative substitution thereof; X8 = T or K or a conservative substitution thereof; X9 = T or K or a conservative substitution thereof; X10 = A or V or S or a conservative substitution thereof.	
VL-CONSENSUS-27 TABLE 105	SEQ ID NO: 90147	VL1	Arg-X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7-Ile, wherein X1 = Q or L or A or T or a conservative substitution thereof; X2 = S or T or N or P or a conservative substitution thereof; X3 = Y or H or C or D or F or N or a conservative substitution thereof; X4 = S or A or T or P or a conservative substitution thereof; X5 = T or S or P or F or N or I or L or a conservative substitution thereof; X6 = P or T or I or A or S or a conservative substitution thereof; X7 = L or V or F or a conservative substitution thereof.	

【図５５－５４】

2899/4125

FIGURE 55

				conservative substitution thereof; X5 = I or V or F or a conservative substitution thereof; X6 = S or T or R or N or K or T or D or I or G or a conservative substitution thereof; X7 = K or S or T or a conservative substitution thereof; X8 = A or T or V or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-28 TABLE 106	SEQ ID NO: 90148	VL2	X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7, wherein X1 = A or G or T or V or a conservative substitution thereof; X2 = S or T or V or a conservative substitution thereof; X3 = S or Y or a conservative substitution thereof; X4 = S or R or Y or a conservative substitution thereof; X5 = T or G or I or a conservative substitution thereof; X6 = A or Q or E or a conservative substitution thereof; X7 = S or G or R or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 90149	VL3	X1-Gln-X2-X3-X4-X5-Pro-X6-Thr, wherein X1 = Q or G or S or V or D or a conservative substitution thereof; X2 = N or D or K or S or a conservative substitution thereof; X3 = F or L or I or a conservative substitution thereof; X4 = F or L or I or a conservative substitution thereof; X5 = L or R or V or F or a conservative substitution thereof; X6 = P or I or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-29 TABLE 107	SEQ ID NO: 90150	VL1	X1-Ser-X2-X3-X4-Leu-X5-X6-X7-X8-Gly-X9-Thr-X10-X11-X12, wherein X1 = K or M or R or T or a conservative substitution thereof; X2 = S or G or T or a conservative substitution thereof; X3 = S or R or N or T or a conservative substitution thereof; X4 = H or T or a conservative substitution thereof; X5 = L or I or a conservative substitution thereof; X6 = F or I or a conservative substitution thereof; X7 = S or L or R or V or a conservative substitution thereof; X8 = T or I or a conservative substitution thereof; X9 = T or K or a conservative substitution thereof; X10 = A or V or S or a conservative substitution thereof; X11 = Y or F or a conservative substitution thereof; X12 = Y or F or T or C or S or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 90151	VL2	X1-X2-Ser-X3-Arg-X4-X5-Leu-X6-X7-X8-Leu-X9-T, wherein X1 = T or A or V or S or a conservative substitution thereof; X2 = S or T or A or V or a conservative substitution thereof; X3 = N or K or H or I or S or a conservative substitution thereof; X4 = F or L or I or a conservative substitution thereof; X5 = T or S or P or F or N or I or L or a conservative substitution thereof; X6 = P or T or I or A or S or a conservative substitution thereof; X7 = L or V or F or a conservative substitution thereof; X8 = T or I or Q or S or a conservative substitution thereof; X9 = N or H or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 90152	VL3	X1-Gln-X2-X3-Pro-X4-Thr, wherein X1 = M or K or A or a conservative substitution thereof; X2 = S or T or A or V or a conservative substitution thereof; X3 = F or L or I or a conservative substitution thereof; X4 = Q or H or a conservative substitution thereof.

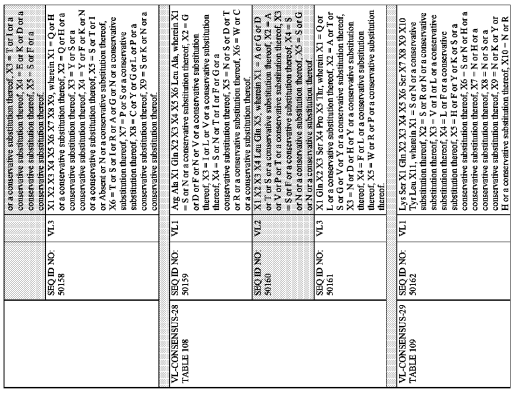
【図５５－５５】

2900/4125

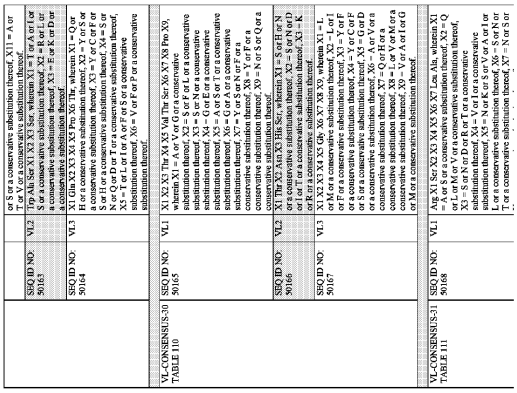
FIGURE 55

				F or a conservative substitution thereof; X6 = W or R or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-30 TABLE 108	SEQ ID NO: 90153	VL1	Arg-X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7-X8-X9-X10, wherein X1 = A or S or T or a conservative substitution thereof; X2 = S or G or T or a conservative substitution thereof; X3 = Y or H or C or D or F or N or a conservative substitution thereof; X4 = S or T or V or a conservative substitution thereof; X5 = I or F or N or R or Y or T or A or G or L or a conservative substitution thereof; X6 = S or I or F or N or R or Y or T or A or G or L or a conservative substitution thereof; X7 = T or H or K or A or I or a conservative substitution thereof; X8 = Y or F or H or K or a conservative substitution thereof; X9 = L or V or F or I or a conservative substitution thereof; X10 = N or I or H or Y or F or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 90154	VL2	X1-X2-X3-X4-Leu-X5-X6, wherein X1 = A or G or T or V or I or a conservative substitution thereof; X2 = A or S or T or a conservative substitution thereof; X3 = S or N or T or V or a conservative substitution thereof; X4 = Absent or A or S or a conservative substitution thereof; X5 = Pro or T or I or K or A or L or a conservative substitution thereof; X6 = Thr or I or A or S or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 90155	VL3	Gln-X1-X2-X3-X4-X5-X6-Phe-X7, wherein X1 = S or T or Y or a conservative substitution thereof; X2 = Y or F or H or a conservative substitution thereof; X3 = S or E or N or H or I or a conservative substitution thereof; X4 = Absent or A or S or a conservative substitution thereof; X5 = Absent or A or S or a conservative substitution thereof; X6 = Absent or A or S or a conservative substitution thereof; X7 = T or A or S or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-31 TABLE 109	SEQ ID NO: 90156	VL1	X1-Ser-X2-Gln-X3-X4-Leu-X5-X6-Ser-X7-X8-X9-X10-X11-Leu-X12, wherein X1 = K or R or T or a conservative substitution thereof; X2 = S or I or a conservative substitution thereof; X3 = S or N or a conservative substitution thereof; X4 = H or T or a conservative substitution thereof; X5 = Y or H or S or F or a conservative substitution thereof; X6 = S or N or I or D or a conservative substitution thereof; X7 = S or T or a conservative substitution thereof; X8 = N or Y or a conservative substitution thereof; X9 = N or Y or R or E or A or M or Q or a conservative substitution thereof; X10 = K or E or Q or a conservative substitution thereof; X11 = Y or F or a conservative substitution thereof; X12 = A or T or D or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: [illegible]	VL2	Pro-X1-X2-X3-X4-X5, wherein X1 = A or T or G or L or a conservative substitution thereof; X2 = [illegible]	

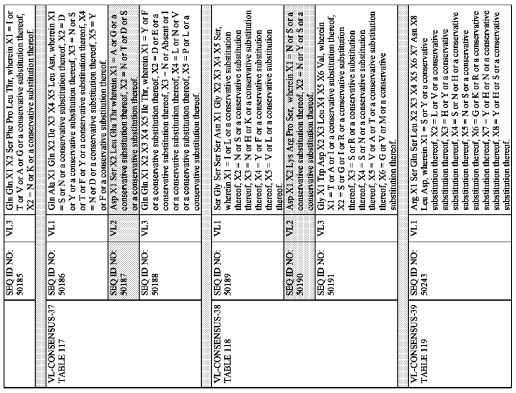
【図５５－５６】


2901/4125
FIGURE 55
SEQ ID NO: 50158 VL3 X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9, wherein X1 = Q or H, X2 = V or I, X3 = S or T, X4 = V or A, X5 = S or T, X6 = S or T, X7 = P or S or A or a conservative substitution thereof, X8 = C or Y or G or L or P or a conservative substitution thereof, X9 = S or A or N or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-28 TABLE 108
SEQ ID NO: 50159 VL1 Arg Ala X1 Gln X2 X3 X4 X5 X6 Leu Ala, wherein X1 = Q or D or P or N or V or a conservative substitution thereof, X2 = G or D or P or N or V or a conservative substitution thereof, X3 = I or L or V or a conservative substitution thereof, X4 = S or H or T or L or P or G or a conservative substitution thereof, X5 = W or R or T or G or a conservative substitution thereof, X6 = W or C or R or a conservative substitution thereof.
SEQ ID NO: 50160 VL2 Gly Ala Ser X1 Arg Ala X2, wherein X1 = T or S or a conservative substitution thereof, X2 = A or G or P or a conservative substitution thereof.
SEQ ID NO: 50161 VL3 X1 Gln X2 X3 Ser X4 Pro X5 Thr, wherein X1 = Q or L or a conservative substitution thereof, X2 = A or T or S or a conservative substitution thereof, X3 = N or D or H or Y or a conservative substitution thereof, X4 = F or L or a conservative substitution thereof, X5 = W or R or P or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-29 TABLE 109
SEQ ID NO: 50162 VL1 Lys Ser X1 Gln X2 X3 X4 X5 X6 Ser X7 X8 X9 X10 Tyr Leu X11, wherein X1 = S or N or a conservative substitution thereof, X2 = S or P or L or a conservative substitution thereof, X3 = V or I or L or a conservative substitution thereof, X4 = L or P or a conservative substitution thereof, X5 = H or G or T or K or S or a conservative substitution thereof, X6 = S or N or a conservative substitution thereof, X7 = N or H or a conservative substitution thereof, X8 = N or S or a conservative substitution thereof, X9 = S or T or H or a conservative substitution thereof, X10 = N or R or S or a conservative substitution thereof, X11 = A or T or S or a conservative substitution thereof.

【図５５－５７】


2902/4125
FIGURE 55
SEQ ID NO: 50163 VL2 X1 Ala Ser X2 X3 X4 X5 X6 X7 X8 X9 X10 X11 X12 X13 X14 X15 X16 X17 X18 X19 X20 X21 X22 X23 X24 X25 X26 X27 X28 X29 X30 X31 X32 X33 X34 X35 X36 X37 X38 X39 X40 X41

【図５５－６０】

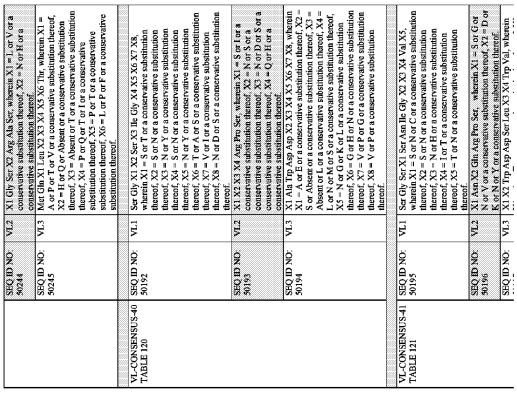


2905/4125

FIGURE 55

	SEQ ID NO: 50185	VL3	Gln Gln X1 X2 Ser Pro Pro Leu Thr, wherein X1 = Ile or Leu, X2 = Arg or a conservative substitution thereof, X2 = Asn or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-37 TABLE 117	SEQ ID NO: 50186	VL1	Gln Ala X1 Gln X2 Ile X3 X4 X5 Leu Asn, wherein X1 = S or A or a conservative substitution thereof, X2 = S or N or a conservative substitution thereof, X3 = N or S or T or F or Y or a conservative substitution thereof, X4 = N or Q or a conservative substitution thereof, X5 = V or I or L or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50187	VL2	Asp X1 Ser X2 Leu Gln, The wherein X1 = A or G or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50188	VL1	Gln Gln X1 X2 X3 X4 X5 Thr, wherein X1 = Y or F or a conservative substitution thereof, X2 = D or E or a conservative substitution thereof, X3 = N or Absent or I or a conservative substitution thereof, X4 = L or N or V or a conservative substitution thereof, X5 = P or L or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-38 TABLE 118	SEQ ID NO: 50189	VL1	Ser Gly Ser Ser Asn Asn X1 Gly X2 X3 X4 X5 Ser, wherein X1 = Ile or a conservative substitution thereof, X2 = N or S or a conservative substitution thereof, X3 = Asn or Ile or K or a conservative substitution thereof, X4 = Ile or Val or a conservative substitution thereof, X5 = V or L or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50190	VL2	Asp X1 X2 Lys Arg Pro Ser, wherein X1 = Asn or Ser a conservative substitution thereof, X2 = Asn or Ser a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50191	VL3	Gly X1 Trp Asp X2 X3 Leu X4 X5 X6 Val, wherein X1 = Tyr or a conservative substitution thereof, X2 = Ile or Val or a conservative substitution thereof, X3 = Ser or a conservative substitution thereof, X4 = Ser or Asn or a conservative substitution thereof, X5 = Val or Ile or a conservative substitution thereof, X6 = Ile or Val or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-39 TABLE 119	SEQ ID NO: 50245	VL1	Arg X1 Ser Gln Ser Leu X2 X3 X4 X5 X6 X7 Asn X8 Tyr Leu Asp, wherein X1 = Ile or a conservative substitution thereof, X2 = Ile or Val or a conservative substitution thereof, X3 = His or Tyr or a conservative substitution thereof, X4 = Ser or Ile or a conservative substitution thereof, X5 = Ser or Asn or a conservative substitution thereof, X6 = Gly or Ile or a conservative substitution thereof, X7 = Tyr or Ile or Asn or a conservative substitution thereof, X8 = Tyr or Ile or Ser or a conservative substitution thereof

【図５５－６１】

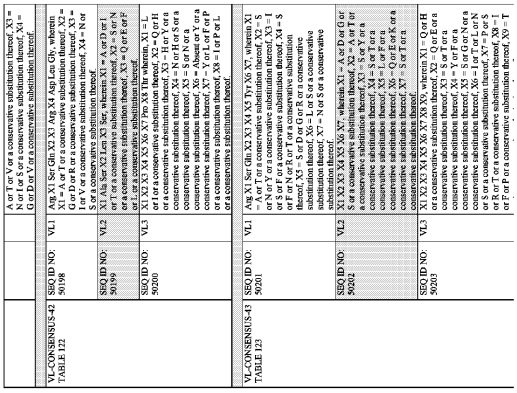


2906/4125

FIGURE 55

	SEQ ID NO: 50244	VL2	Xl Gly Ser X2 Arg Ala Ser, wherein Xl = Ile or Val or a conservative substitution thereof, X2 = Asn or Ile or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50245	VL3	Met Gln X1 Leu X2 X3 X4 X5 X6 Thr, wherein X1 = A or Pro or T or Val or a conservative substitution thereof, X2 = Ile or Leu or Absent or a conservative substitution thereof, X3 = Pro or Gln or Ile or a conservative substitution thereof, X4 = Pro or Gln or Ile or a conservative substitution thereof, X5 = Pro or Ile or a conservative substitution thereof, X6 = Leu or Phe or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-40 TABLE 120	SEQ ID NO: 50192	VL1	Ser Gly X1 X2 Ser X3 Ile Gly X4 X5 X6 X7 X8, wherein X1 = Ser or a conservative substitution thereof, X2 = Asn or Ser or a conservative substitution thereof, X3 = Asn or Val or a conservative substitution thereof, X4 = Ser or Asn or a conservative substitution thereof, X5 = Ile or Asn or a conservative substitution thereof, X6 = Ile or Val or a conservative substitution thereof, X7 = Val or Ile or a conservative substitution thereof, X8 = Asn or Ser or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50193	VL2	Xl Xl X3 X4 Arg Pro Ser, wherein X1 = S or Ile or a conservative substitution thereof, X2 = N or S or a conservative substitution thereof, X3 = Asn or Ser or a conservative substitution thereof, X4 = Gln or Ile or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50194	VL3	Xl Ala Trp Asp Asp Xl X3 X4 X5 X6 X7 X8, wherein X1 = A or Ile or a conservative substitution thereof, X2 = Ile or Absent or Leu or a conservative substitution thereof, X3 = Leu or N or M or S or a conservative substitution thereof, X4 = Ile or N or Gln or Val or a conservative substitution thereof, X5 = Ser or Gln or Ile or a conservative substitution thereof, X6 = Ile or Leu or a conservative substitution thereof, X7 = Val or Ile or Gln or a conservative substitution thereof, X8 = Val or Ile or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-41 TABLE 121	SEQ ID NO: 50195	VL1	Ser Gly Ser Xl Asn Ile Gly X2 X3 X4 Val X5, wherein X1 = S or N or C or a conservative substitution thereof, X2 = S or Ile or a conservative substitution thereof, X3 = T or N or a conservative substitution thereof, X4 = I or T or a conservative substitution thereof, X5 = T or N or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50196	VL2	Xl Asn X2 Gln Arg Pro Ser, wherein Xl = S or G or N or V or a conservative substitution thereof, X2 = D or K or N or T or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO:	VL3	Xl Xl Trp Asp Asp Ser Leu X3 X4 Trp Val, wherein...

【図５５－６２】

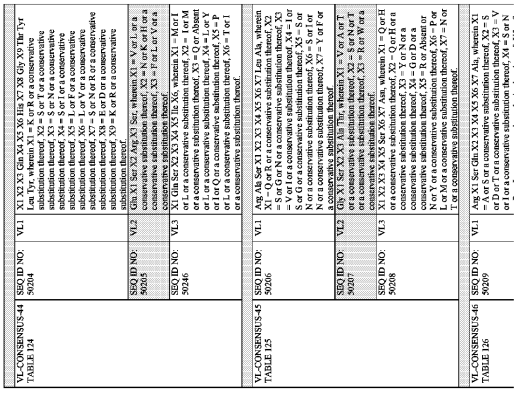


2907/4125

FIGURE 55

			A or T or V or a conservative substitution thereof, X1 = N or Leu or a conservative substitution thereof, X1 = Q or Leu or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-42 TABLE 122	SEQ ID NO: 50198	VL1	Arg X1 Ser Gln X2 X3 Arg X4 Asp Leu Gly, wherein X1 = Ile or a conservative substitution thereof, X2 = Gln or D or E or a conservative substitution thereof, X3 = I or V or a conservative substitution thereof, X4 = N or S or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50199	VL2	Xl Xl Ser X2 Ser Leu Gln, The wherein X1 = A or D or F or I or a conservative substitution thereof, X2 = S or N or a conservative substitution thereof, X3 = Q or E or F or L or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50200	VL3	Xl Xl X3 X4 X5 X6 X7 Thr, wherein X1 = L or I or a conservative substitution thereof, X2 = Q or H or a conservative substitution thereof, X3 = H or Y or a conservative substitution thereof, X4 = N or H or S or a conservative substitution thereof, X5 = Absent or S or a conservative substitution thereof, X6 = Absent or Y or a conservative substitution thereof, X7 = Y or L or F or a conservative substitution thereof, X8 = I or P or L or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-43 TABLE 123	SEQ ID NO: 50201	VL1	Arg X1 Ser Gln X2 X3 X4 X5 Tyr X6 X7, wherein X1 = A or T or a conservative substitution thereof, X2 = S or N or a conservative substitution thereof, X3 = T or F or a conservative substitution thereof, X4 = S or N or R or a conservative substitution thereof, X5 = L or S or a conservative substitution thereof, X7 = N or S or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50202	VL2	Xl Xl X3 X4 X5 X6 X7, wherein X1 = A or D or G or S or a conservative substitution thereof, X2 = A or T or a conservative substitution thereof, X3 = S or Y or a conservative substitution thereof, X4 = S or T or a conservative substitution thereof, X5 = Q or E or K or a conservative substitution thereof, X7 = S or T or a
	SEQ ID NO: 50203	VL3	Xl Xl Xl X4 X5 X6 X7, wherein X1 = Q or H or a conservative substitution thereof, X2 = Q or E or a conservative substitution thereof, X3 = S or T or a conservative substitution thereof, X4 = Y or F or a conservative substitution thereof, X5 = S or N or a conservative substitution thereof, X6 = I or T or L or N or S or a conservative substitution thereof, X7 = P or S or T or F or a conservative substitution thereof, X9 = T

【図５５－６３】



2908/4125

FIGURE 55

			Leu Tyr, wherein X1 = S or T or a conservative substitution thereof, X2 = S or T or a conservative substitution thereof, X3 = S or N or a conservative substitution thereof, X4 = S or I or a conservative substitution thereof, X5 = Y or F or a conservative substitution thereof, X6 = I or V or a conservative substitution thereof, X7 = S or N or R or a conservative substitution thereof, X8 = D or D or a conservative substitution thereof, X9 = K or R or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-44 TABLE 124	SEQ ID NO: 50204	VL1	X1 X2 X3 Gln X4 X5 X6 His X7 X8 Gly X9 Thr Tyr Leu, wherein X1 = Ser or a conservative substitution thereof, X2 = S or T or a conservative substitution thereof, X3 = S or N or a conservative substitution thereof, X4 = S or I or a conservative substitution thereof, X5 = Y or F or a conservative substitution thereof, X6 = I or V or a conservative substitution thereof, X7 = S or N or R or a conservative substitution thereof, X8 = D or D or a conservative substitution thereof, X9 = K or R or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50205	VL2	Gln X1 Ser X2 Arg X3 Ser, wherein X1 = Val or Leu or a conservative substitution thereof, X2 = Asn or Lys or a conservative substitution thereof, X3 = Phe or Leu or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50246	VL3	Xl Gln Ser X2 X3 X4 X5 His X6, wherein X1 = Met or Leu or a conservative substitution thereof, X2 = Ile or Met or a conservative substitution thereof, X3 = Ser or Leu or a conservative substitution thereof, X4 = Leu or Val or a conservative substitution thereof, X5 = Ile or Asn or a conservative substitution thereof, X6 = Ile or Thr or Leu or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-45 TABLE 125	SEQ ID NO: 50206	VL1	Arg Ala Ser X1 X2 X3 X4 X5 X6 Tyr Leu Ala, wherein X1 = Ser or Gly or a conservative substitution thereof, X2 = Ser or Gly or Asn or a conservative substitution thereof, X3 = Val or Ile or a conservative substitution thereof, X4 = Ile or Asn or a conservative substitution thereof, X5 = Ser or Asn or a conservative substitution thereof, X6 = Ile or Thr or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50207	VL2	Gly X1 Ser X2 X3 Ala Thr, wherein X1 = Val or Ala or a conservative substitution thereof, X2 = Ile or Asn or a conservative substitution thereof, X3 = Ile or Val or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50208	VL3	X1 X2 X3 X4 X5 Ser X6 X7 Asn, wherein X1 = Gln or Ile or a conservative substitution thereof, X2 = Gln or Ile or a conservative substitution thereof, X3 = Ile or Val or a conservative substitution thereof, X4 = Ile or Asn or a conservative substitution thereof, X5 = Ile or Asn or a conservative substitution thereof, X6 = Ile or Thr or a conservative substitution thereof, X7 = Ile or Val or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-46 TABLE 126	SEQ ID NO: 50209	VL1	Arg X1 Ser Gln X2 X3 X4 X5 X6 X7 Ala, wherein X1 = A or S or a conservative substitution thereof, X2 = S or D or T or a conservative substitution thereof, X3 = V or Ile or Leu or a conservative substitution thereof, X4 = S or N or a conservative substitution thereof, X5 = Ser or Asn or a conservative substitution thereof, X6 = Ser or Asn or a conservative substitution thereof, X7 = Ile or Val or a conservative substitution thereof

【図５５－６４】

FIGURE 55

			or I or T or a conservative substitution thereof, X6 = N or T or a conservative substitution thereof, X7 = I, or I or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50210	V1.2	Gly Ala Ser Thr Arg Ala X1, wherein X1 = T or S or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-47 TABLE 127	SEQ ID NO: 50211	V1.3	Gly Ala X1 X2 X3 Ala Ala Asn X6, wherein X1 = Q or E or a conservative substitution thereof, X2 = Y or S or a conservative substitution thereof, X3 = N or D or F or H or a conservative substitution thereof, X4 = D or F or N or a conservative substitution thereof, X6 = T or a conservative substitution thereof;
	SEQ ID NO: 50256	V1.1	Arg Ala Ser Gln X1 Ile Gly X2 X3 Leu His, wherein X1 = S or N or a conservative substitution thereof, X2 = S or N or a conservative substitution thereof, X3 = S or T or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50257	V1.2	X1 Ala Ser Gln Ser Ile Gly X2 X3 Leu His, wherein X1 = S or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50258	V1.3	X1 Gln Ser X2 Ser X3 Pro X4 Thr, wherein X1 = H or Q or a conservative substitution thereof, X2 = S or T or a conservative substitution thereof, X3 = S or T or a conservative substitution thereof, X4 = W or R or Q or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-48 TABLE 128	SEQ ID NO: 50247	V1.1	Arg Ala Ser Gln X1 Ile X2 X3 Asp Leu Gly, wherein X1 = G or A or a conservative substitution thereof, X2 = R or G or a conservative substitution thereof, X3 = N or S or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50248	V1.2	Ala Xl Ser Leu Gln Ser, wherein X1 = A or T or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50249	V1.3	Leu Gln His X1 X2 X3 Pro X4 Ser, wherein X1 = Y or F or a conservative substitution thereof, X2 = S or W or a conservative substitution thereof, X3 = Y or F or a conservative substitution thereof, X4 = R or Y or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-49 TABLE 129	SEQ ID NO: 50212	V1.1	X1 Ala Ser Gln X2 Ile X3 X4 X5 Leu X6, wherein X1 = R or Q or a conservative substitution thereof, X2 = G or A or a conservative substitution thereof, X3 = S or N or a conservative substitution thereof, X4 = N or K or a conservative substitution thereof, X5 = Y or F or a conservative substitution thereof, X6 = A or V or a conservative substitution thereof.

【図５５－６５】

FIGURE 55

	SEQ ID NO: 50213	V1.2	X1 Ala X2 X3 Leu X4 X5, wherein X1 = A or D or G or T or a conservative substitution thereof, X2 = S or T or a conservative substitution thereof, X3 = S or R or N or a conservative substitution thereof, X4 = Q or H or L or V or a conservative substitution thereof, X5 = S or T or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-50 TABLE 130	SEQ ID NO: 50214	V1.3	X1 Ser Ser X2 X3 Pro X4 Thr, wherein X1 = Q or H or L or a conservative substitution thereof, X2 = Q or H or D or K or N or Y or a conservative substitution thereof, X3 = L or H or a conservative substitution thereof, X4 = S or T or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50215	V1.1	X1 Ala X2 Gln Ser X3 Gly Ser Leu His, wherein X1 = S or N or a conservative substitution thereof, X2 = S or N or a conservative substitution thereof, X3 = S or R or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50216	V1.2	Tyr Ala Ser Gln Ser Xl Ser, wherein X1 = F or L or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50217	V1.3	His Gln X1 X2 X3 Leu Pro Leu Thr, wherein X1 = S or T or a conservative substitution thereof, X2 = R or G or S or a conservative substitution thereof, X3 = R or S or T or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-51 TABLE 131	SEQ ID NO: 50218	V1.1	Gln Gly Arg X1 Leu Arg X2 Tyr Tyr X3 X4, wherein X1 = S or T or K or a conservative substitution thereof, X2 = P or N or S or T or a conservative substitution thereof, X3 = A or S or a conservative substitution thereof, X4 = S or N or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50219	V1.2	X1 Tyr Asn X2 Arg Pro Ser, wherein X1 = G or A or T or a conservative substitution thereof, X2 = N or S or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50220	V1.3	Asn Ser Arg Asp Ser X1 X2 X3 X4 X5 X6 X7, wherein X1 = S or G or Absent or a conservative substitution thereof, X2 = N or G or a conservative substitution thereof, X3 = H or Absent or a conservative substitution thereof, X4 = H or a conservative substitution thereof, X5 = V or L or a conservative substitution thereof, X6 = V or L or a conservative substitution thereof, X7 = V or L or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-52 TABLE 132	SEQ ID NO: 50221	V1.1	Arg Ser X1 Gln Ser Leu Val Tyr Ser Asp Gly Asn Thr X2 Leu Asn wherein X1 = S or G or a conservative substitution thereof, X2 = Y or S or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50222	V1.2	X1 Ala Ser Thr Arg Asp X2, wherein X1 = K or E or a conservative substitution thereof, X2 = N or K or a

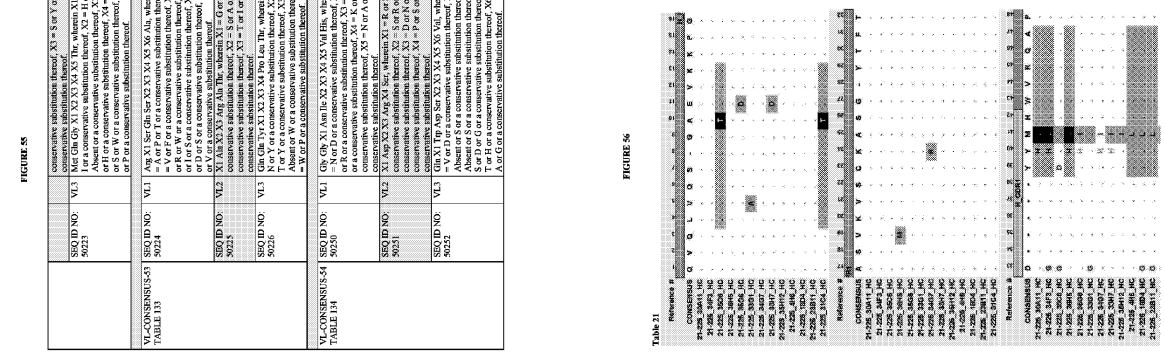
【図５５－６６】

FIGURE 55

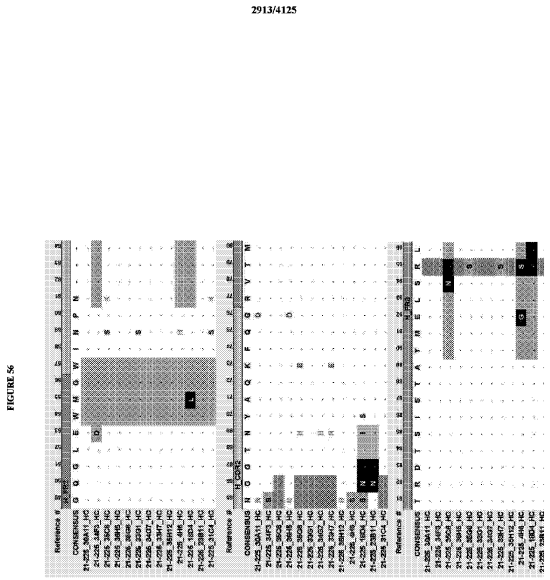
			conservative substitution thereof, X3 = S or Y or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50223	V1.3	Met Gln Gly X1 X2 X3 X4 X5 Thr, wherein X1 = T or I or a conservative substitution thereof, X2 = H or Absent or a conservative substitution thereof, X3 = W or P or a conservative substitution thereof, X4 = L or S or W or a conservative substitution thereof, X5 = L or P or a conservative substitution thereof.
VL-CONSENSUS-53 TABLE 133	SEQ ID NO: 50224	V1.1	Arg X1 Ser Gln Ser X2 X3 X4 X5 X6 Ala, wherein X1 = A or P or T or a conservative substitution thereof, X3 = S or V or P or a conservative substitution thereof, X4 = R or K or W or a conservative substitution thereof, X5 = A or D or S or a conservative substitution thereof, X6 = L or V or a conservative substitution thereof
	SEQ ID NO: 50225	V1.2	X1 Ala X2 X3 Arg Ala Thr, wherein X1 = G or D or a conservative substitution thereof, X2 = S or A or a conservative substitution thereof, X3 = T or I or A or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50226	V1.3	Gln Gln Tyr X1 X2 X3 X4 Pro Leu Thr, wherein X1 = S or T or Y or a conservative substitution thereof, X2 = Y or T or Y or a conservative substitution thereof, X3 = Absent or W or a conservative substitution thereof, X4 = W or F or A or a conservative substitution thereof
VL-CONSENSUS-54 TABLE 134	SEQ ID NO: 50230	V1.1	Gly Gly X1 Asn Ile X2 X3 X4 X5 Val His, wherein X1 = N or D or a conservative substitution thereof, X2 = G or K or a conservative substitution thereof, X3 = R or S or a conservative substitution thereof, X4 = N or A or a conservative substitution thereof, X5 = N or A or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50231	V1.2	X1 Ala Ser Gln Ser X2 X3 Leu Ala, wherein X1 = R or S or a conservative substitution thereof, X2 = S or R or a conservative substitution thereof, X3 = D or N or Y or a conservative substitution thereof.
	SEQ ID NO: 50232	V1.3	Gln X1 Hp Asp Ser X2 X3 X4 X5 X6 Val, wherein X1 = V or D or a conservative substitution thereof, X2 = Absent or S or a conservative substitution thereof, X3 = Absent or S or a conservative substitution thereof, X4 = S or D or G or a conservative substitution thereof, X5 = T or H or a conservative substitution thereof, X6 = V or A or G or a conservative substitution thereof.

【図５６－１】

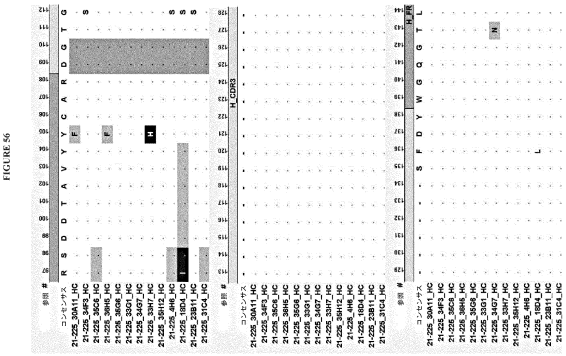
FIGURE 56



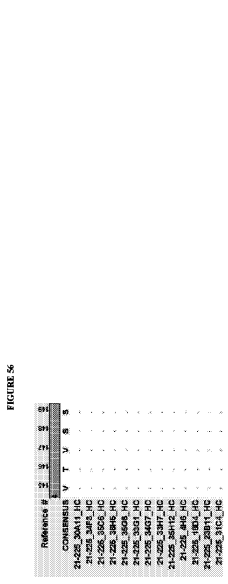
【図５６－２】



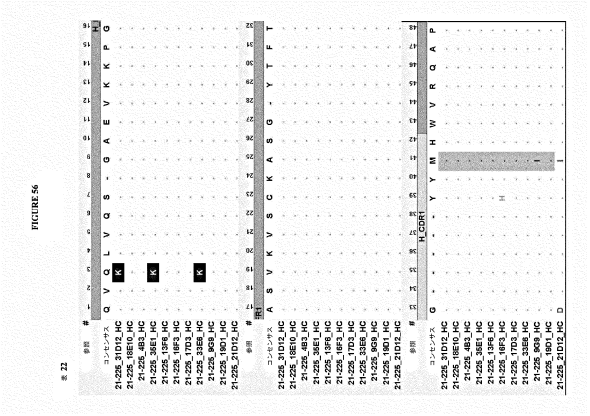
【図５６－３】



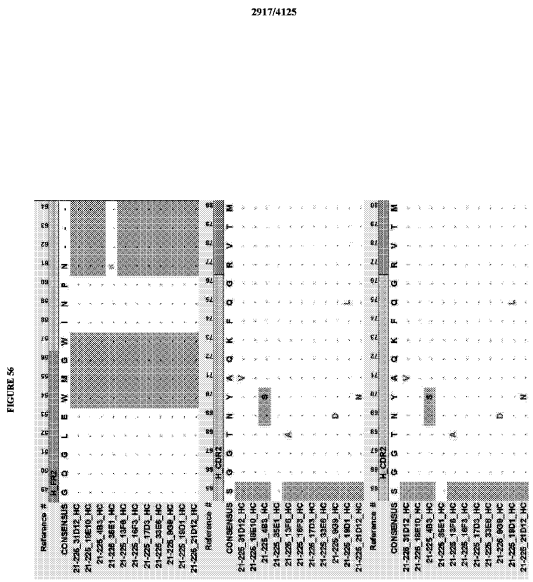
【図５６－４】



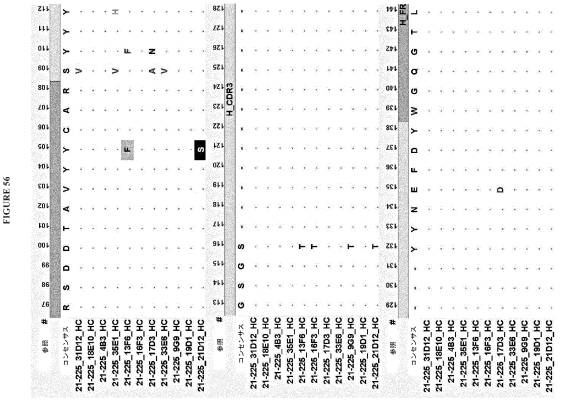
【図５６－５】



【図５６－６】

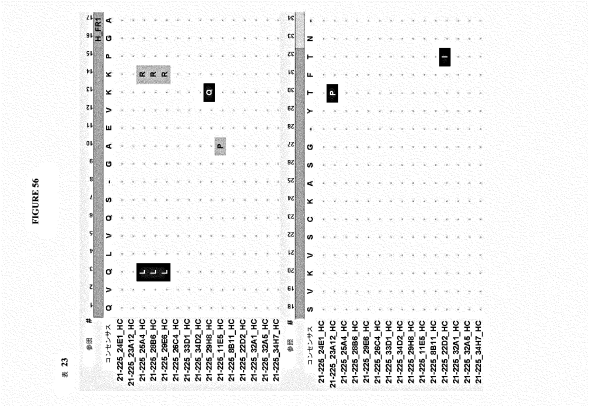


【図５６－７】



【図５６－８】

【図５６－９】



【図５６－１０】

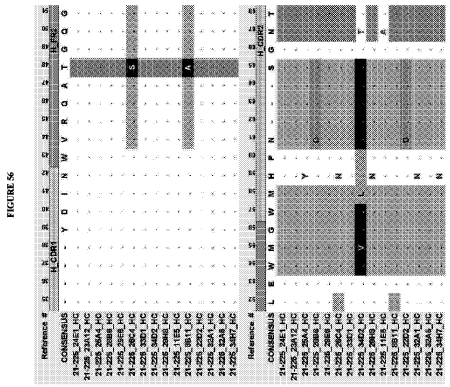


FIGURE 56

【図５６－１１】

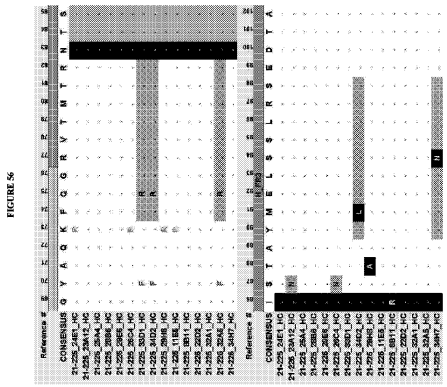


FIGURE 56

【図５６－１２】

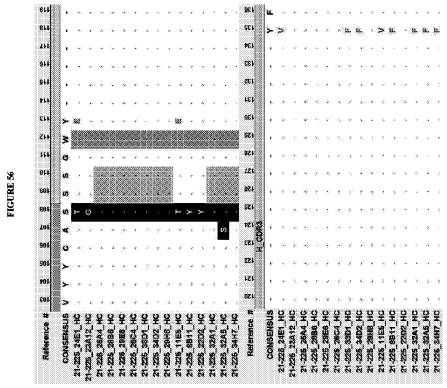


FIGURE 56

【図５６－１３】

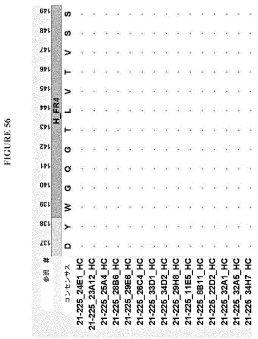
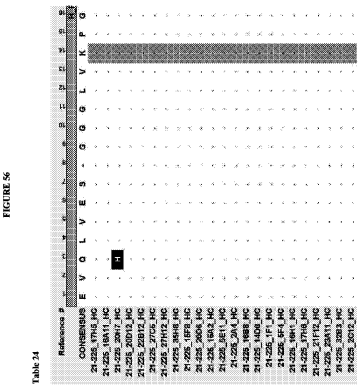
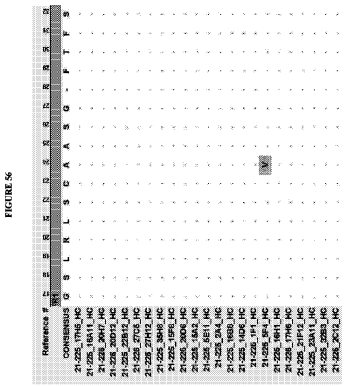


FIGURE 56

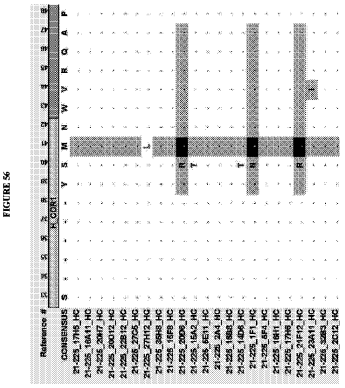
【図５６－１４】



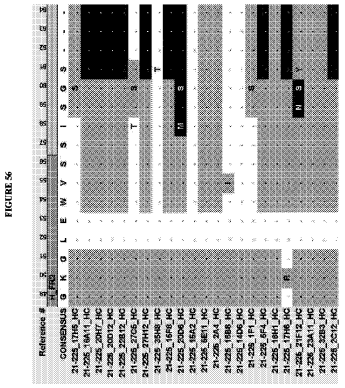
【図５６－１５】



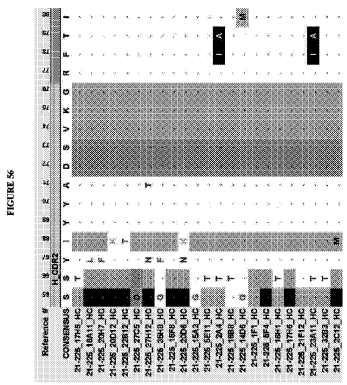
【図５６－１６】



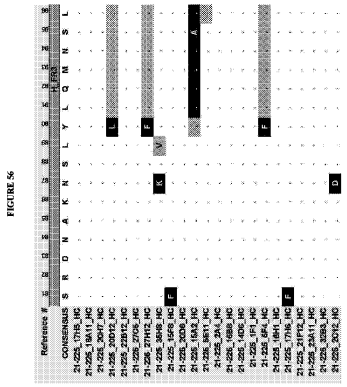
【図５６－１７】



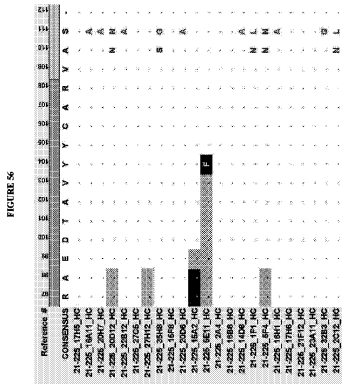
【図５６－１８】



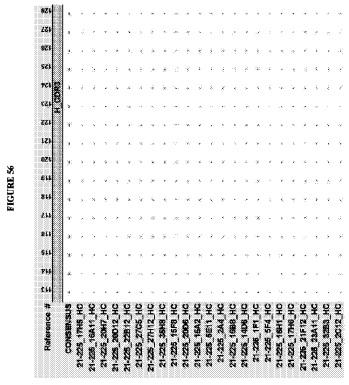
【図５６－１９】



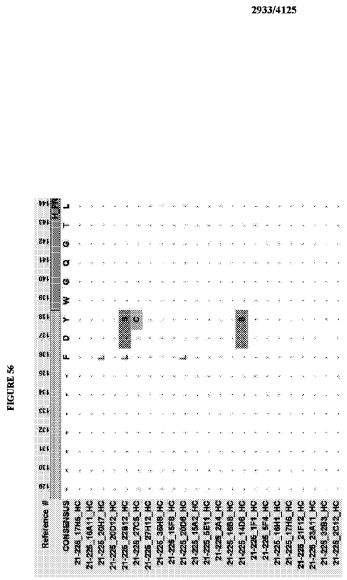
【図５６－２０】



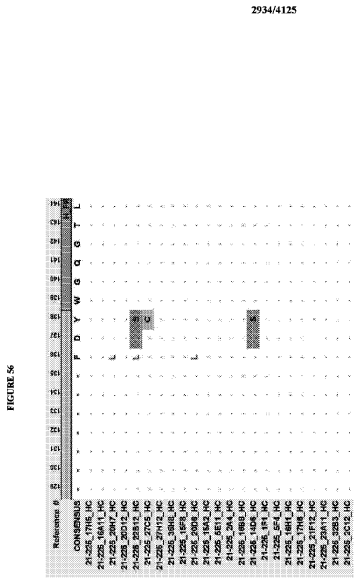
【図５６－２１】



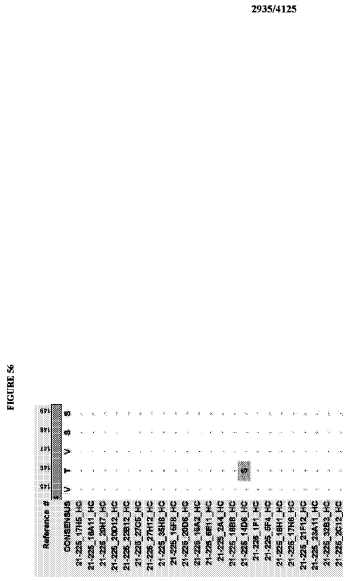
【図５６－２２】



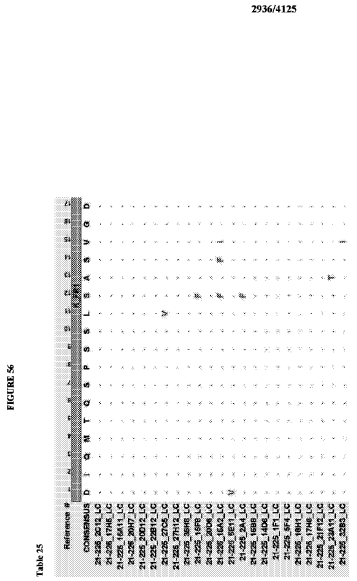
【図５６－２３】



【図５６－２４】

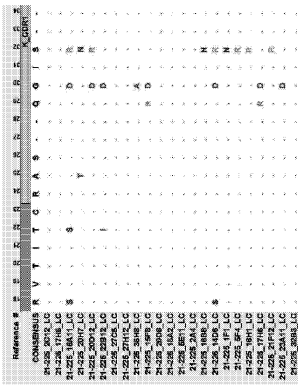


【図５６－２５】



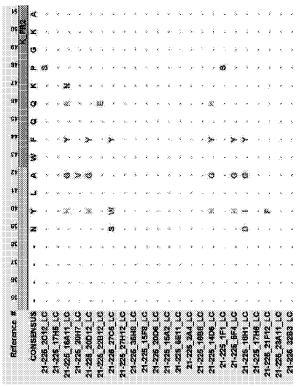
【図５６－２６】

FIGURE 56



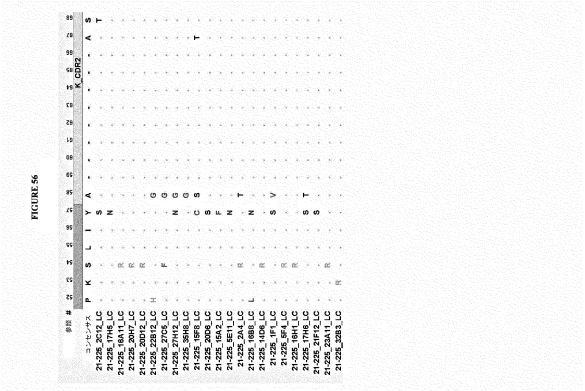
【図５６－２７】

FIGURE 56



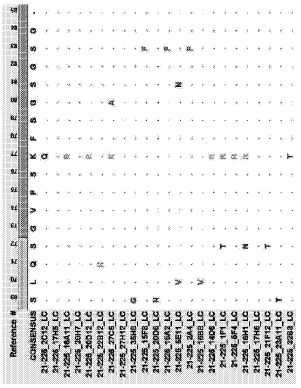
【図５６－２８】

FIGURE 56



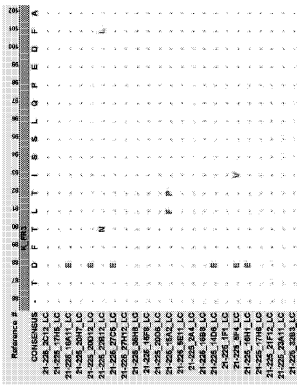
【図５６－２９】

FIGURE 56



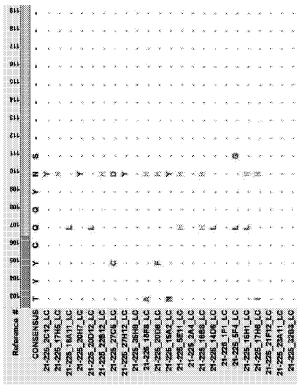
【図５６－３０】

FIGURE 56



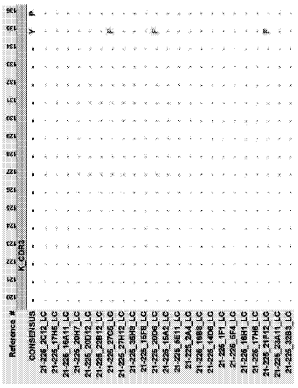
【図５６－３１】

FIGURE 56



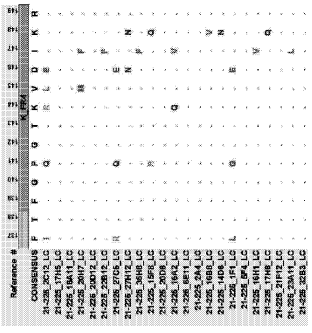
【図５６－３２】

FIGURE 56

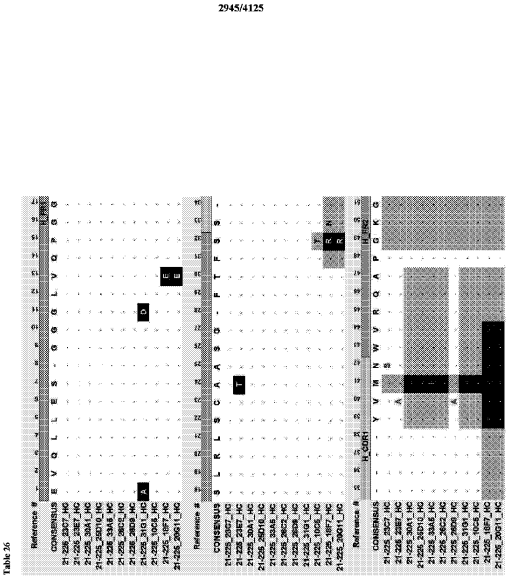


【図５６－３３】

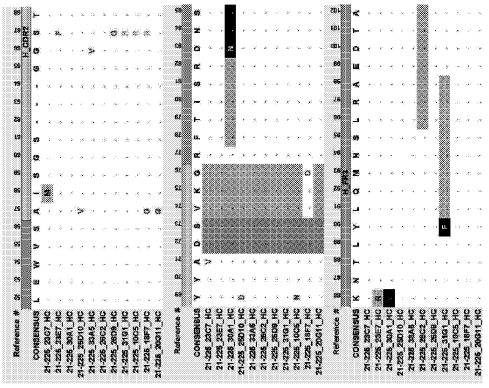
FIGURE 56



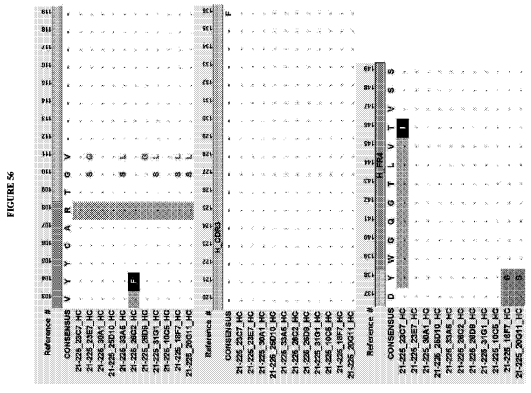
【図５６－３４】



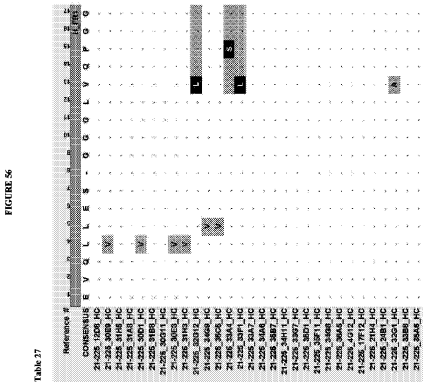
【図５６－３５】



【図５６－３６】

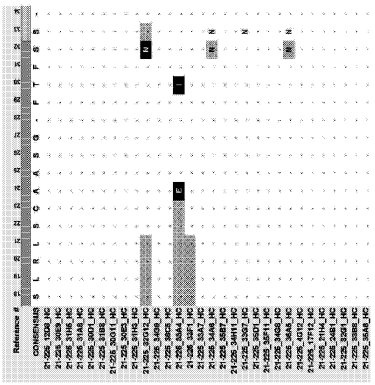


【図５６－３７】



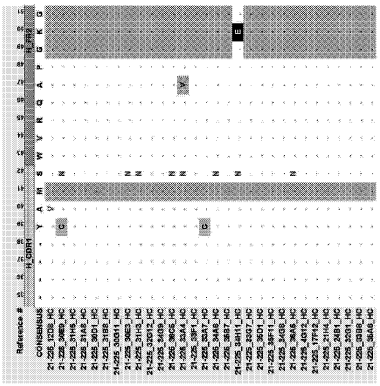
【図５６－３８】

FIGURE 56



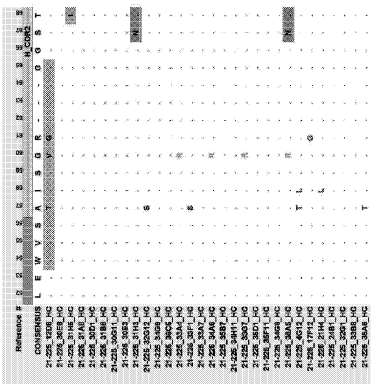
【図５６－３９】

FIGURE 56



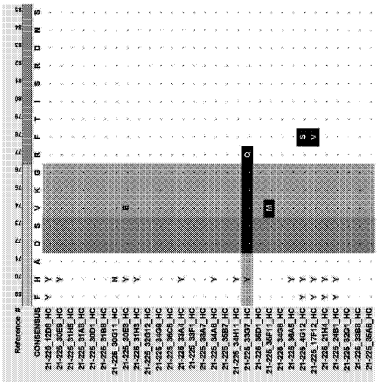
【図５６－４０】

FIGURE 56



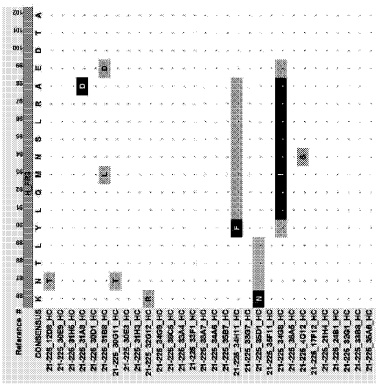
【図５６－４１】

FIGURE 56



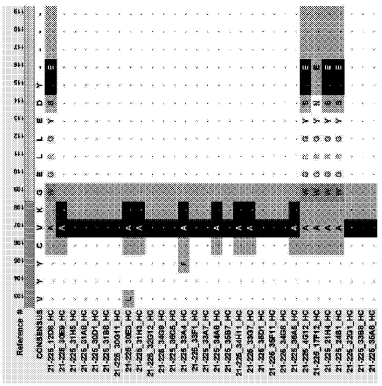
【図５６－４２】

FIGURE 56



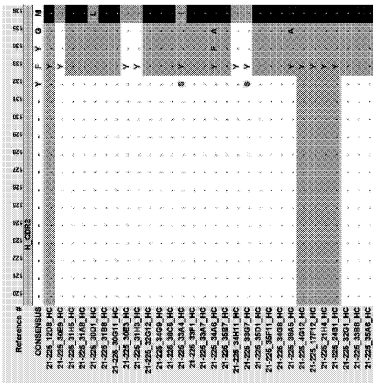
【図５６－４３】

FIGURE 56



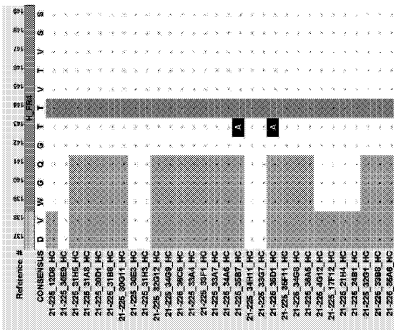
【図５６－４４】

FIGURE 56

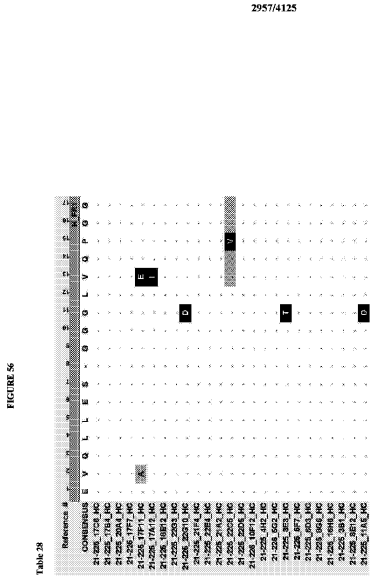


【図５６－４５】

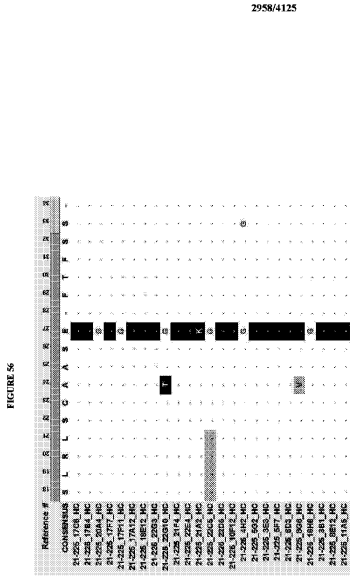
FIGURE 56



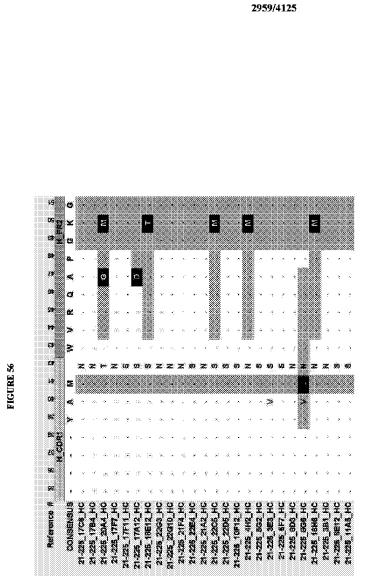
【図５６－４６】



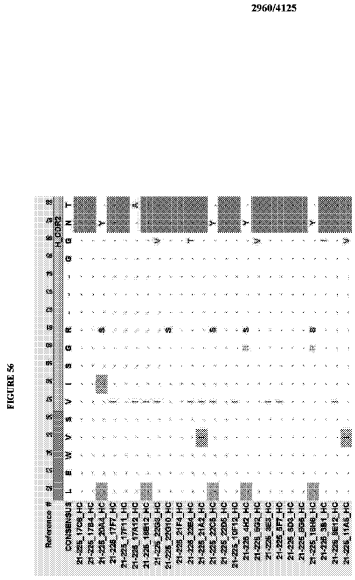
【図５６－４７】



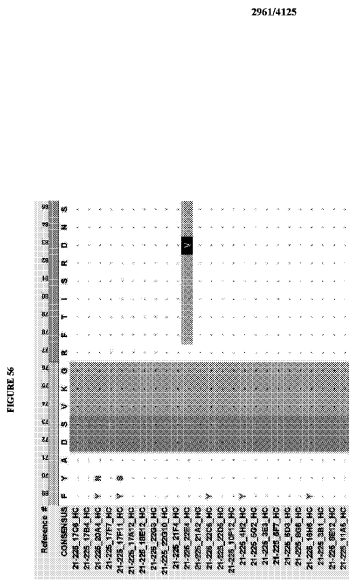
【図５６－４８】



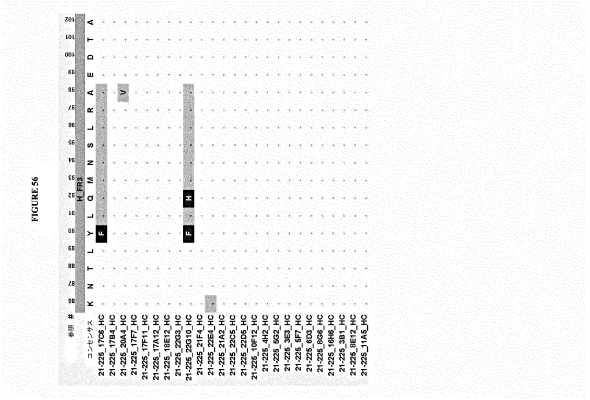
【図５６－４９】



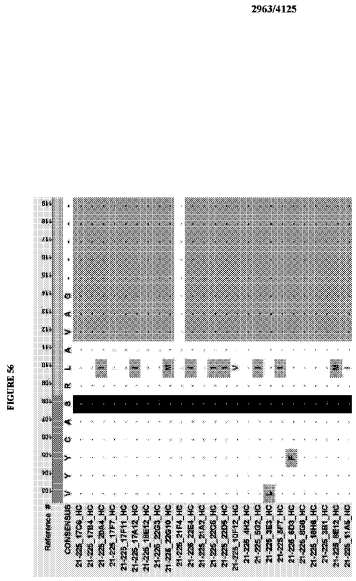
【図５６－５０】



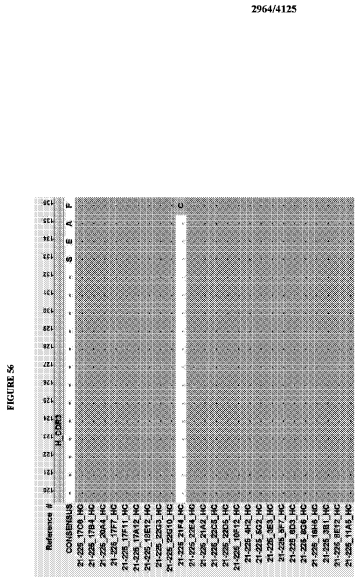
【図５６－５１】



【図５６－５２】

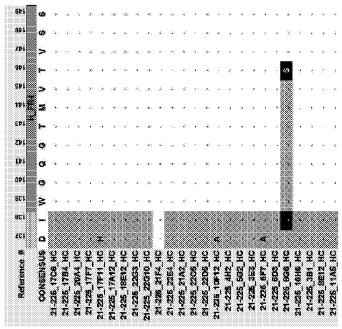


【図５６－５３】



【図５６－５４】

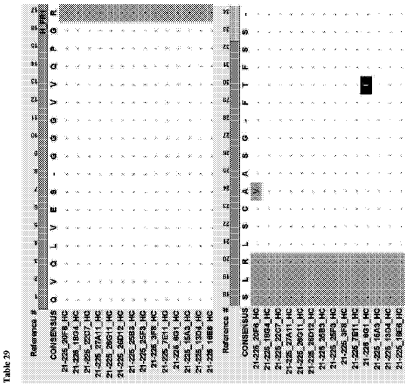
FIGURE 56



【図５６－５５】

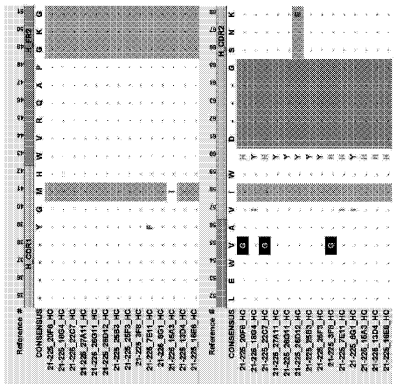
FIGURE 56

Table 29



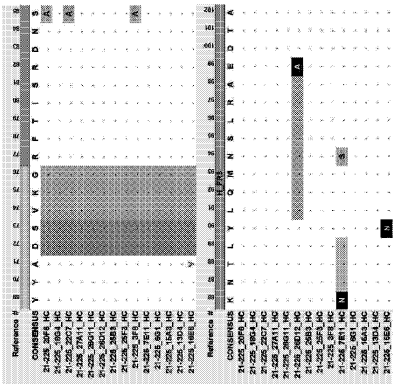
【図５６－５６】

FIGURE 56

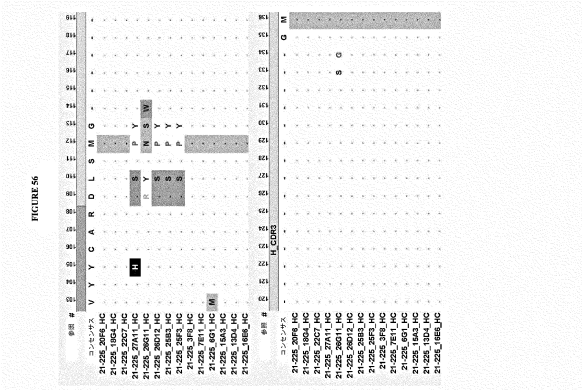


【図５６－５７】

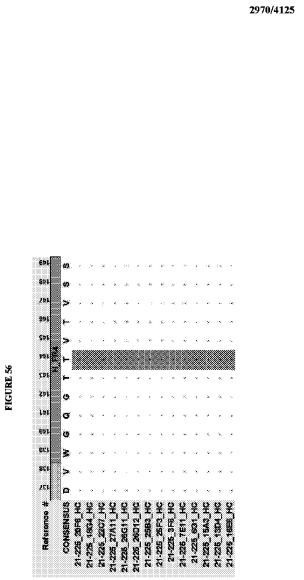
FIGURE 56



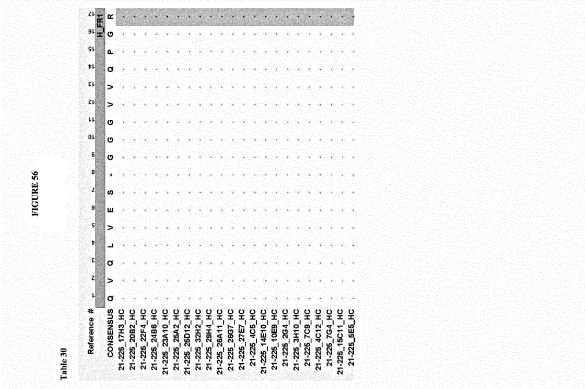
【図５６－５８】



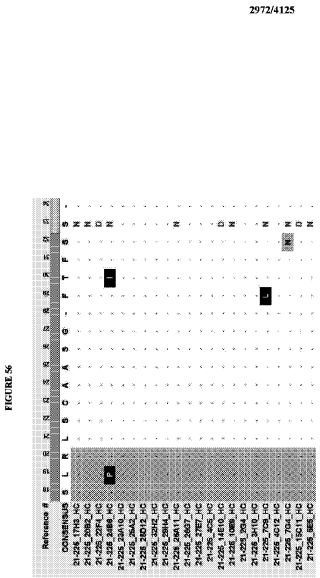
【図５６－５９】



【図５６－６０】

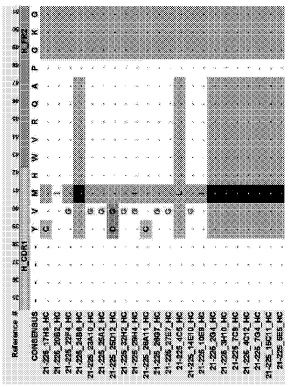


【図５６－６１】



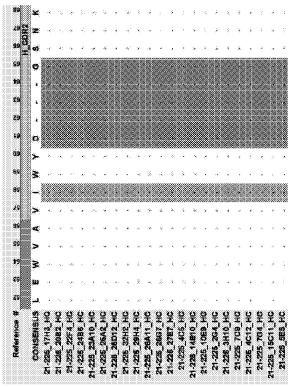
【図５６－６２】

FIGURE 56



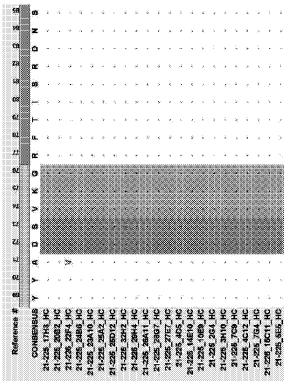
【図５６－６３】

FIGURE 56



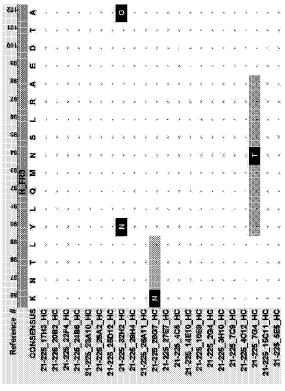
【図５６－６４】

FIGURE 56

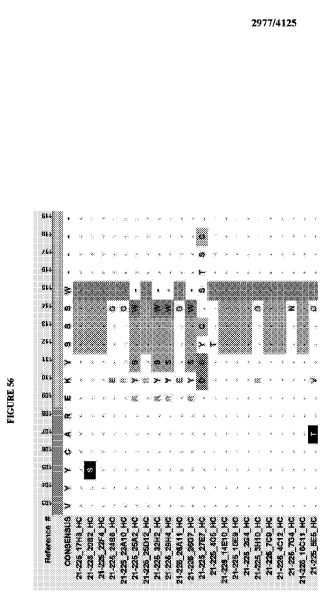


【図５６－６５】

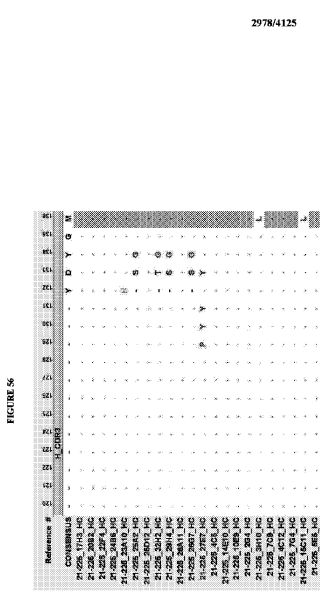
FIGURE 56



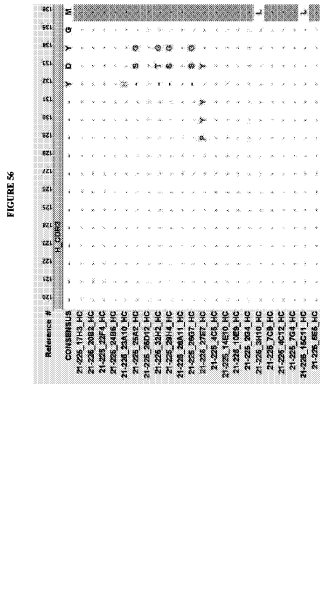
【図５６－６６】



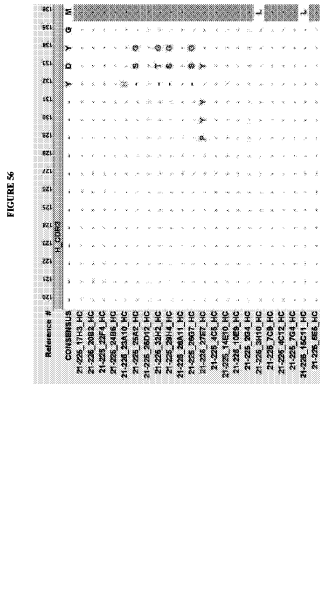
【図５６－６７】



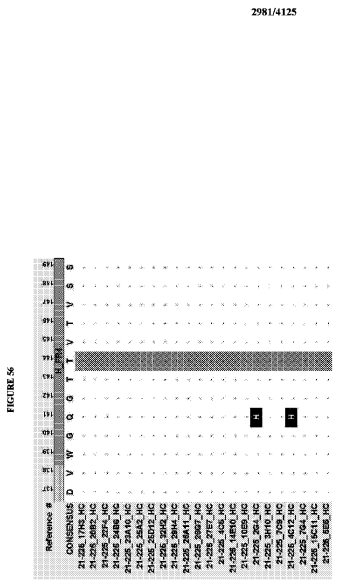
【図５６－６８】



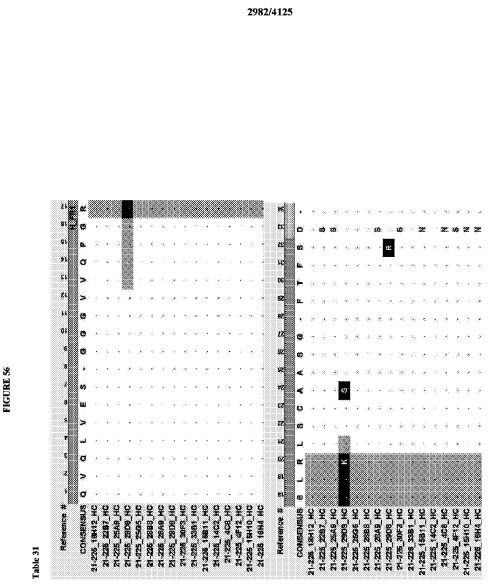
【図５６－６９】



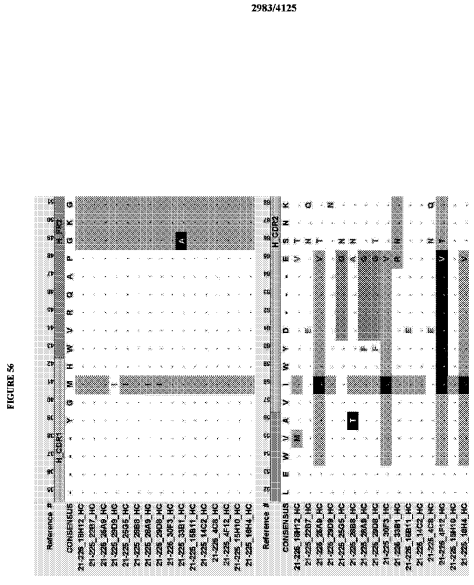
【図５６－７０】



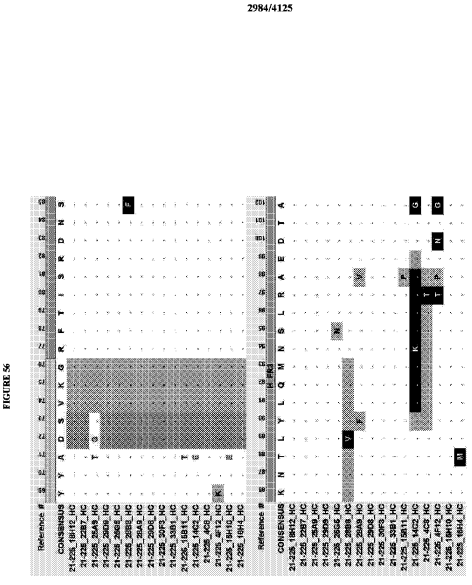
【図５６－７１】



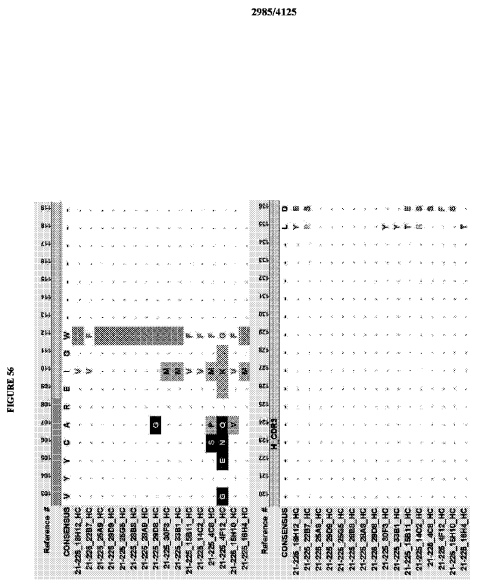
【図５６－７２】



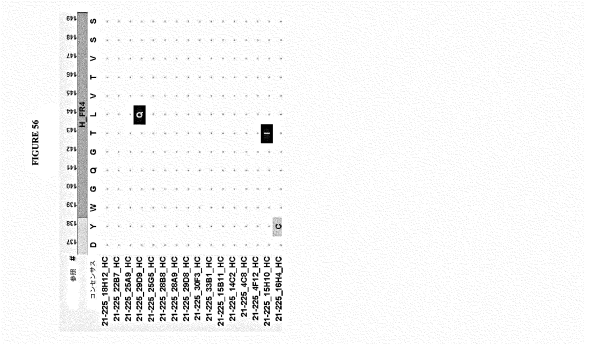
【図５６－７３】



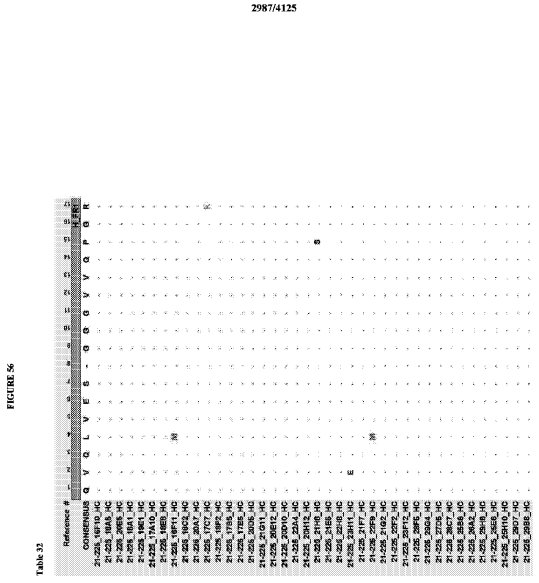
【図５６－７４】



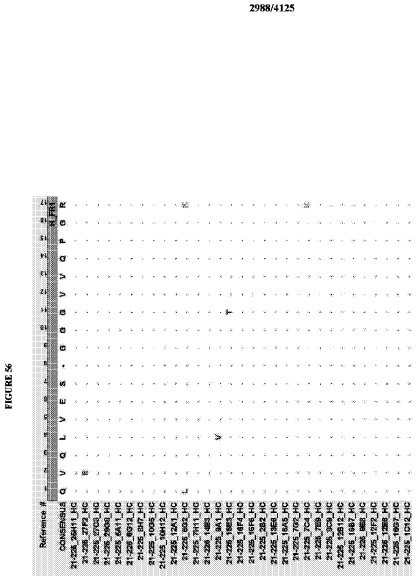
【図５６－７５】



【図５６－７６】

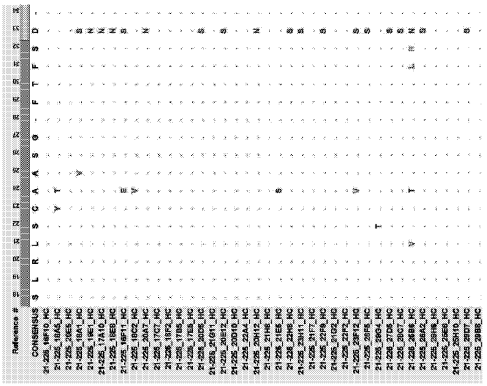


【図５６－７７】



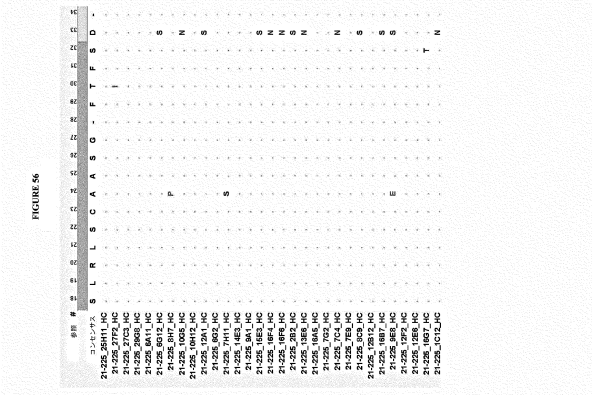
【図５６－７８】

FIGURE 56



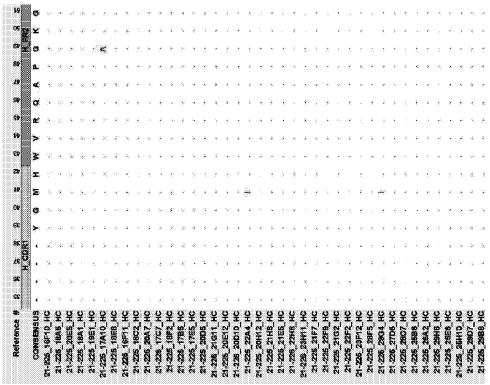
【図５６－７９】

FIGURE 56



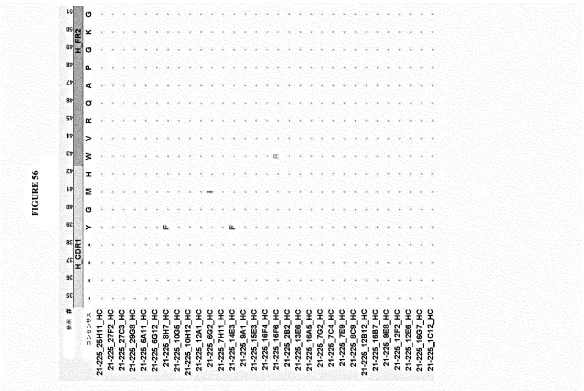
【図５６－８０】

FIGURE 56

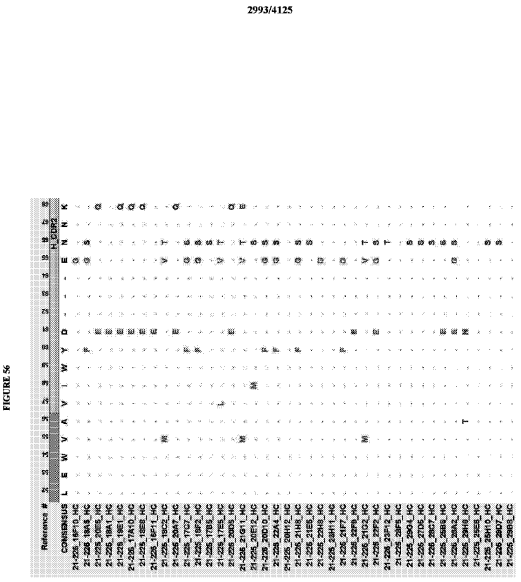


【図５６－８１】

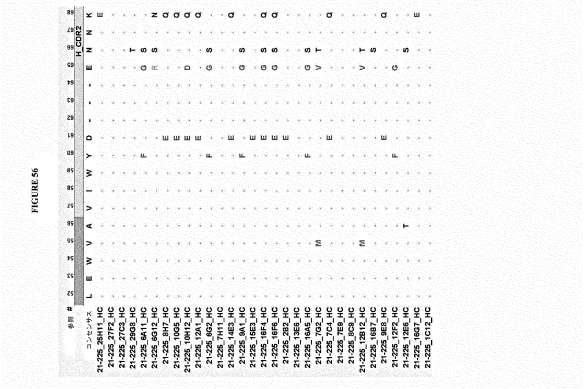
FIGURE 56



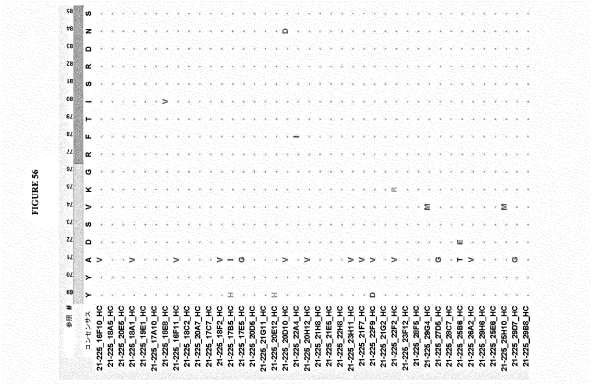
【図５６－８２】



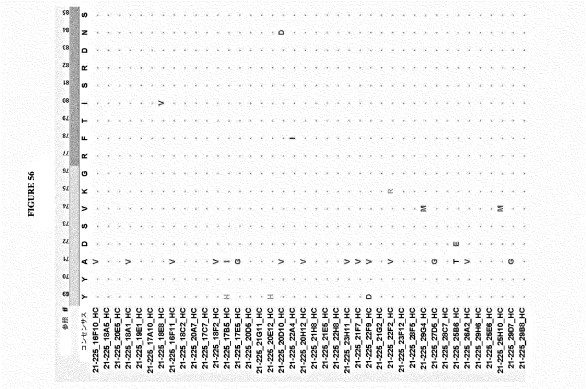
【図５６－８３】



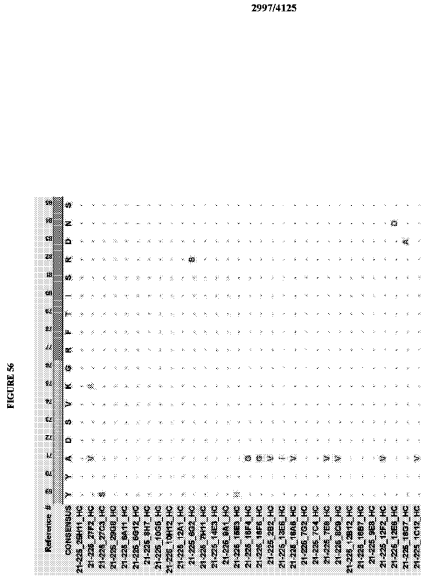
【図５６－８４】



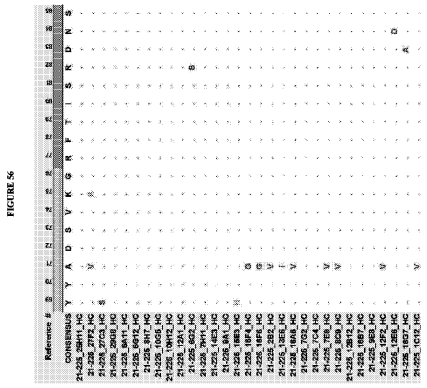
【図５６－８５】



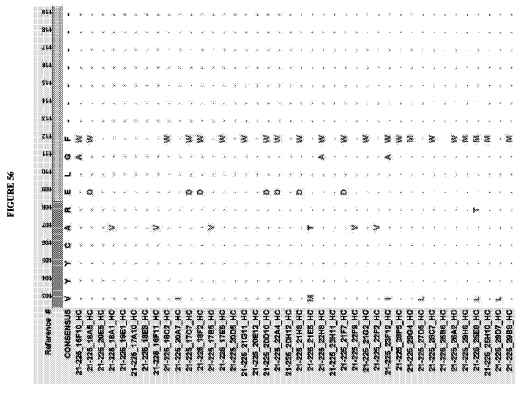
【図５６－８６】



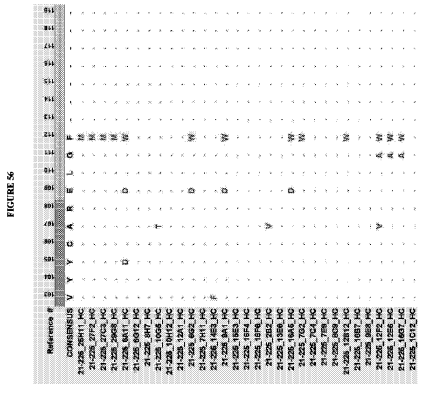
【図５６－８７】



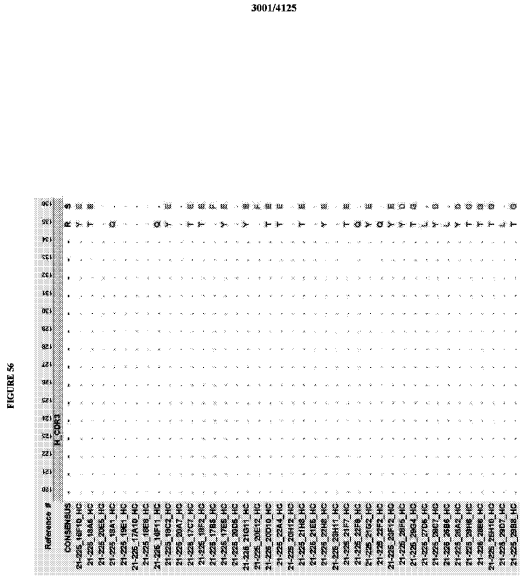
【図５６－８８】



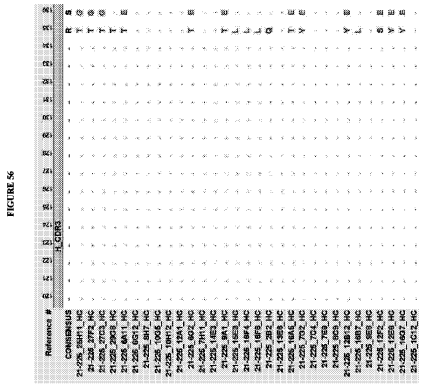
【図５６－８９】



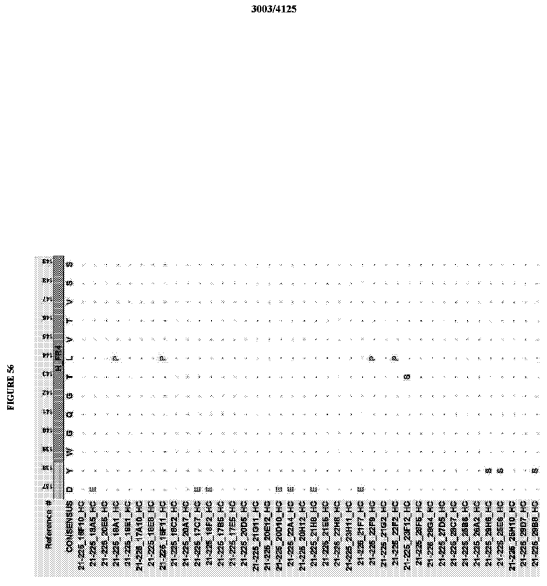
【図５６－９０】



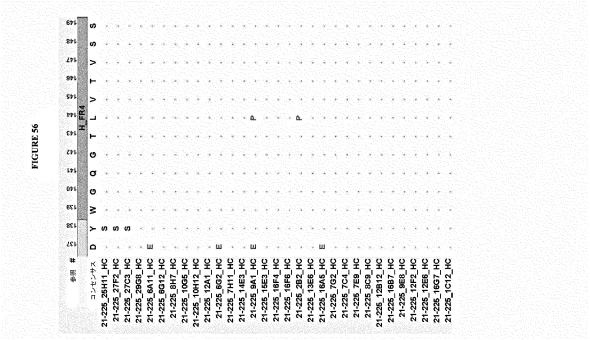
【図５６－９１】



【図５６－９２】



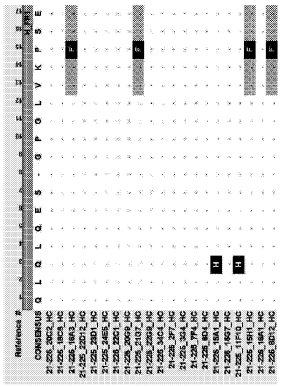
【図５６－９３】



【図５６－９４】

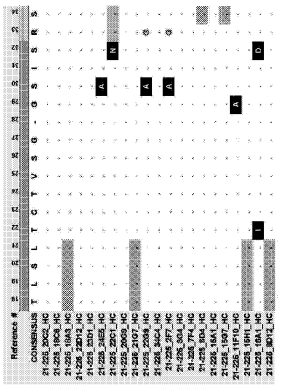
FIGURE 56

Table 33



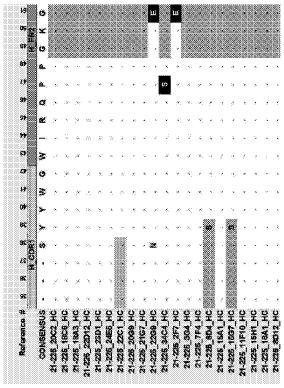
【図５６－９５】

FIGURE 56



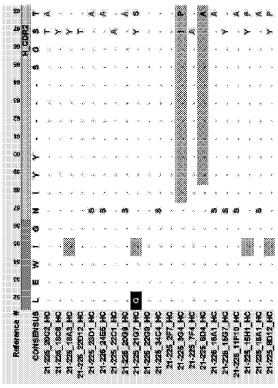
【図５６－９６】

FIGURE 56

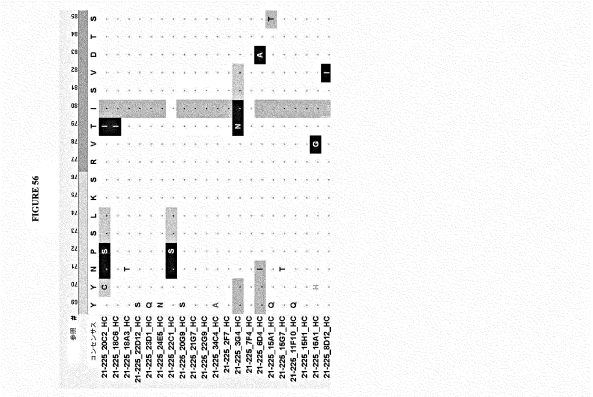


【図５６－９７】

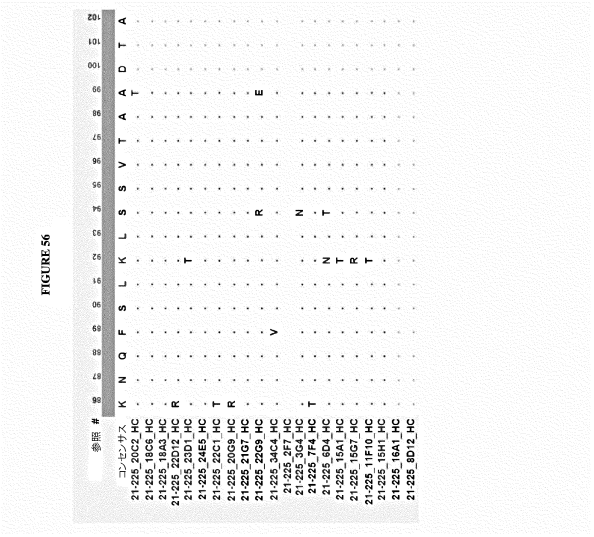
FIGURE 56



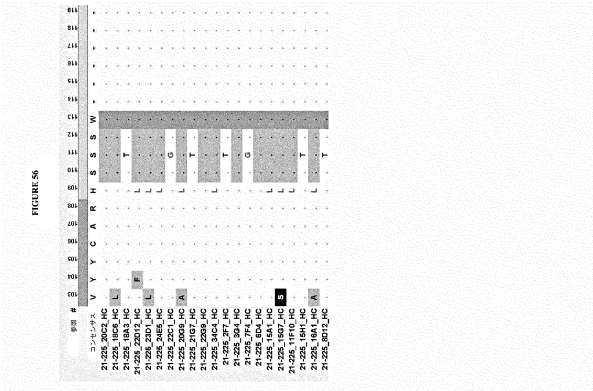
【図５６－９８】



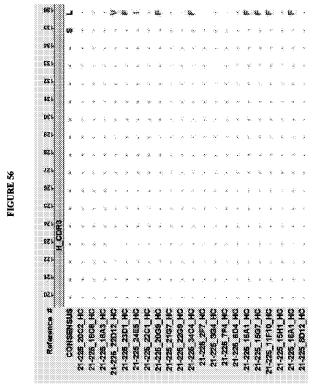
【図５６－９９】



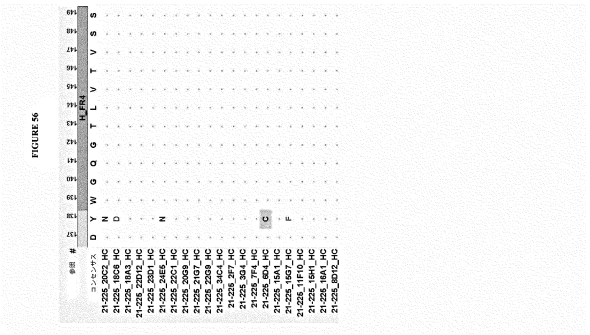
【図５６－１００】



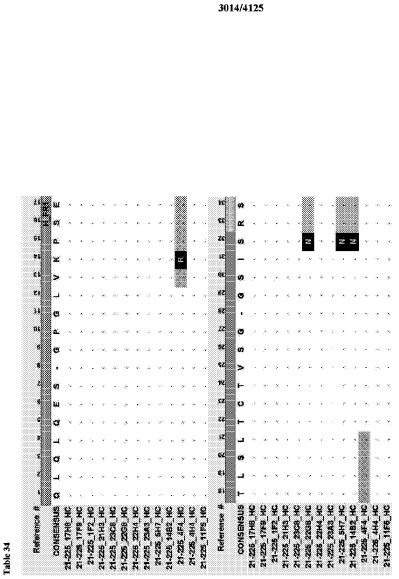
【図５６－１０１】



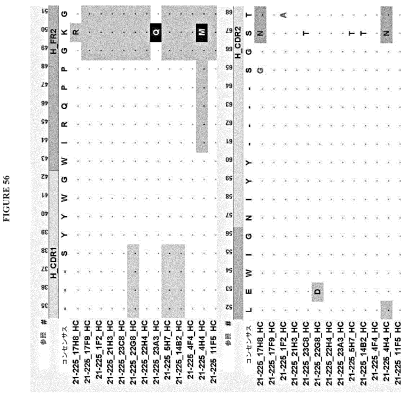
【図５６－１０２】



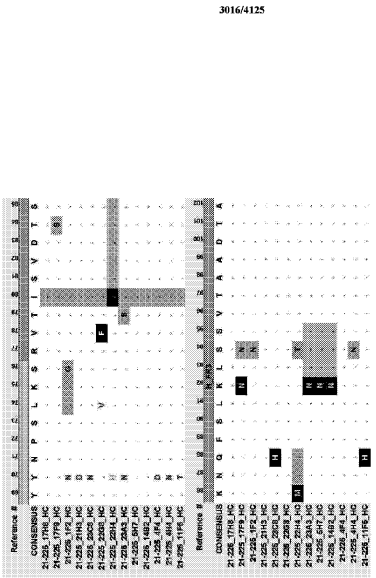
【図５６－１０３】



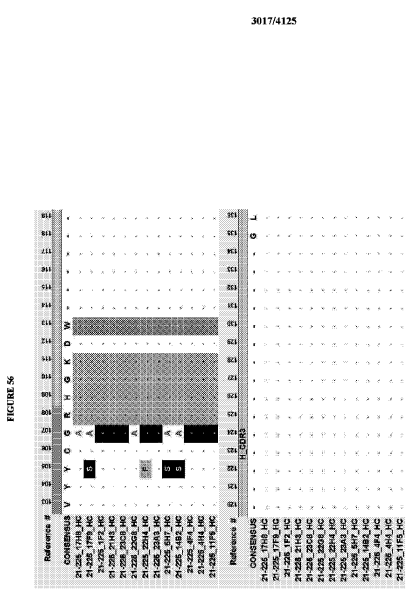
【図５６－１０４】



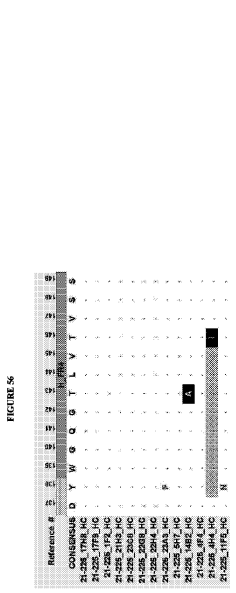
【図５６－１０５】



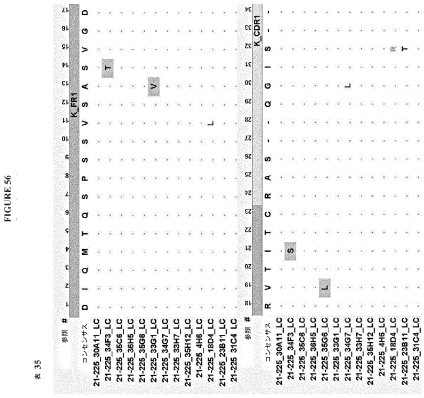
【図５６－１０６】



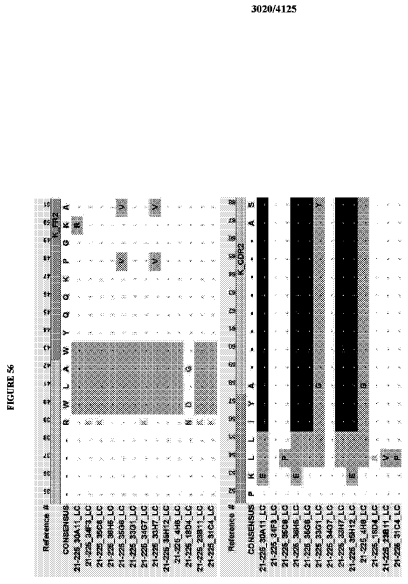
【図５６－１０７】



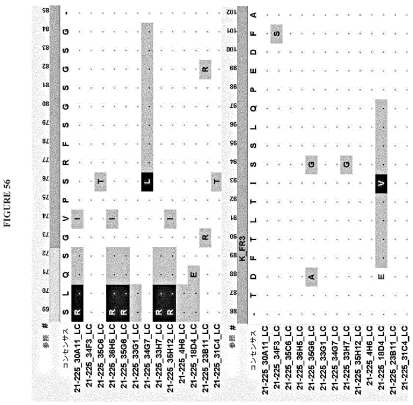
【図５６－１０８】



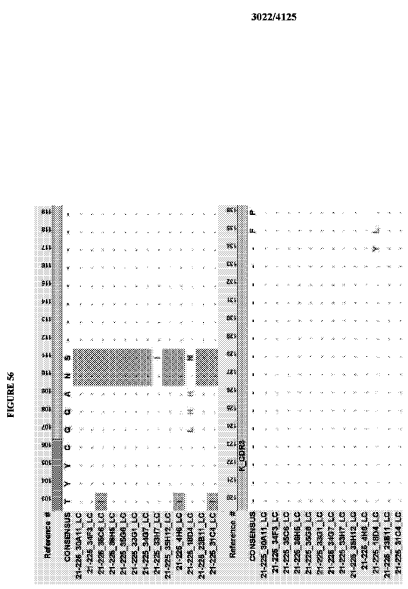
【図５６－１０９】



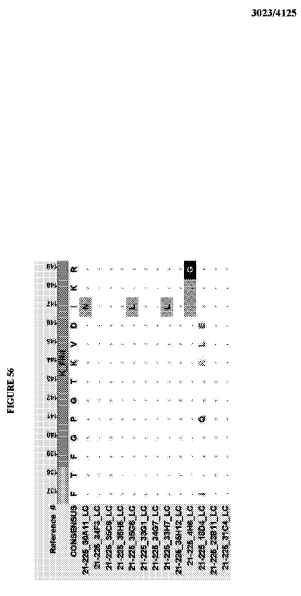
【図５６－１１０】



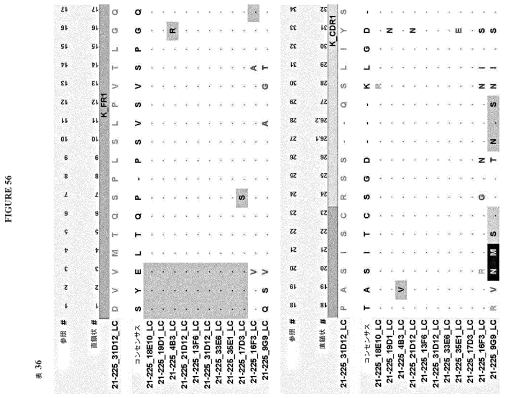
【図５６－１１１】



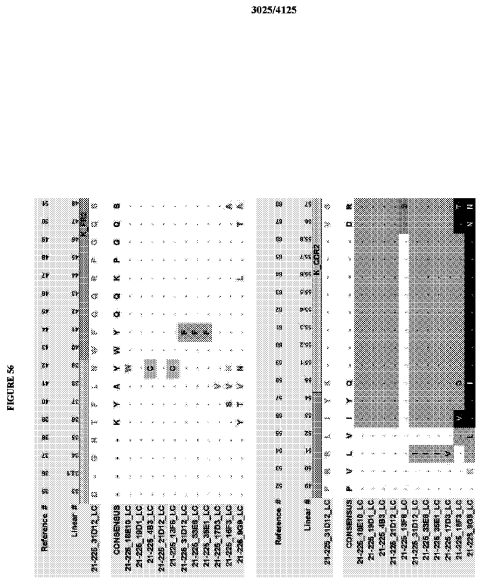
【図５６－１１２】



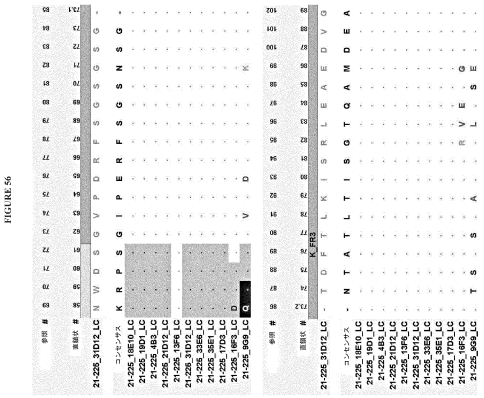
【図５６－１１３】



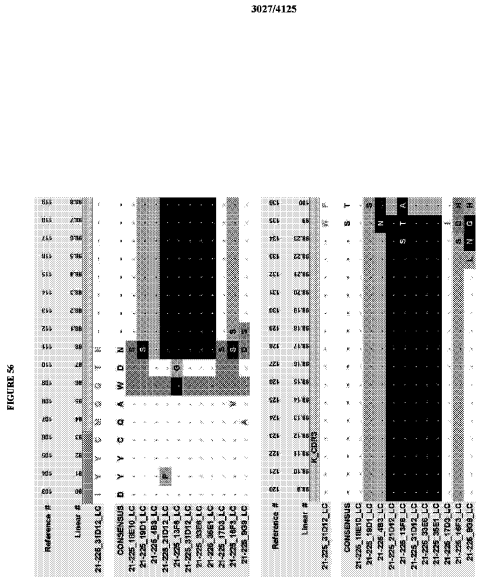
【図５６－１１４】



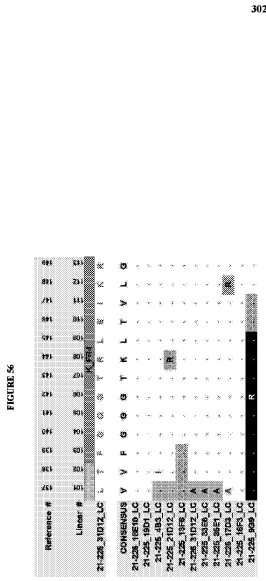
【図５６－１１５】



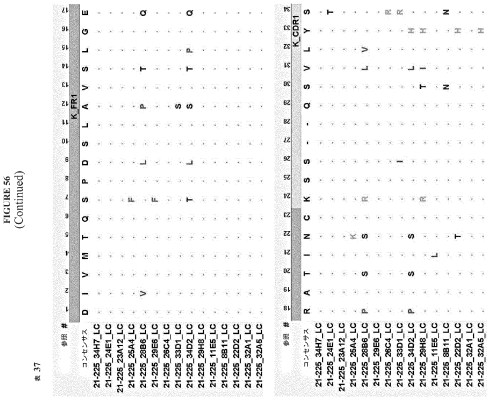
【図５６－１１６】



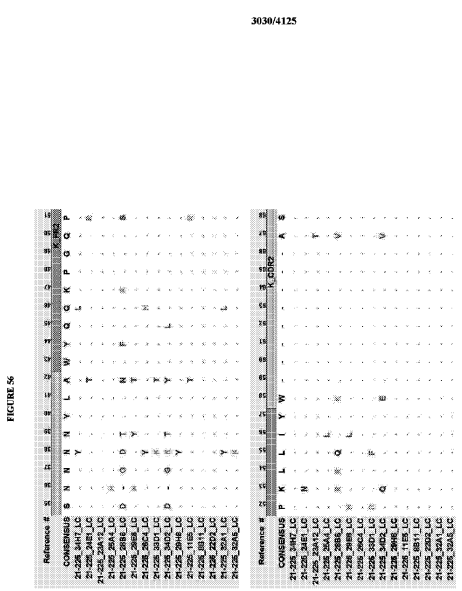
【図５６－１１７】



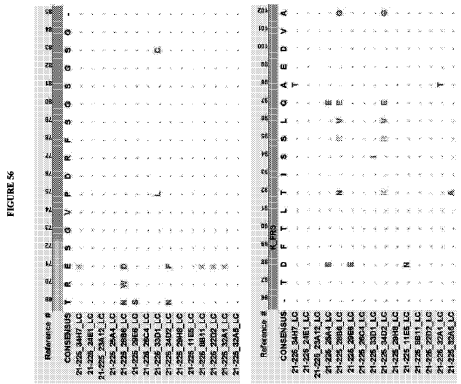
【図５６－１１８】



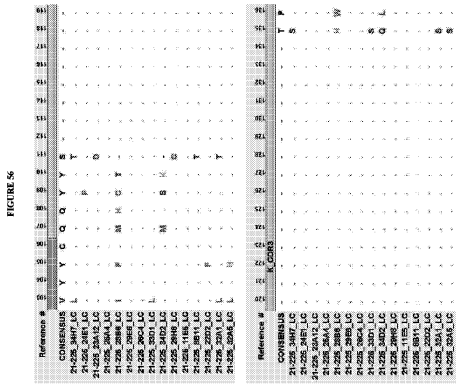
【図５６－１１９】



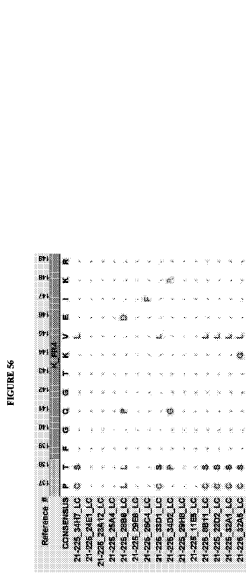
【図５６－１２０】



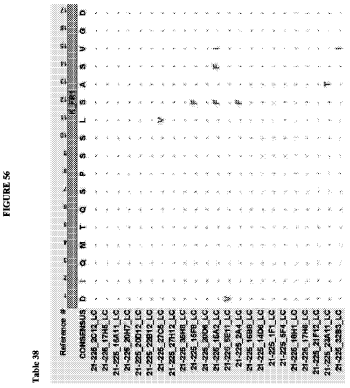
【図５６－１２１】



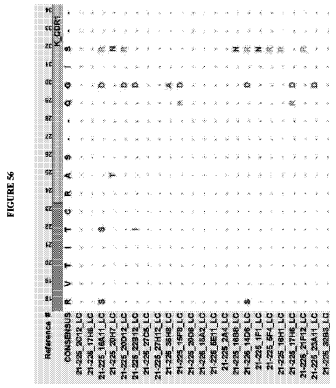
【図５６－１２２】



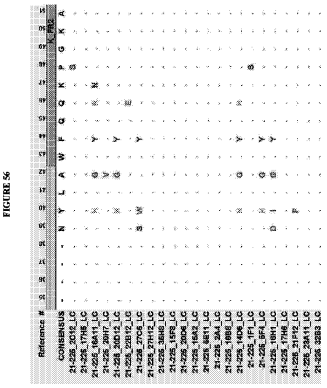
【図５６－１２３】



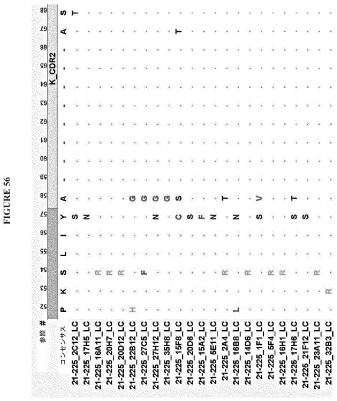
【図５６－１２４】



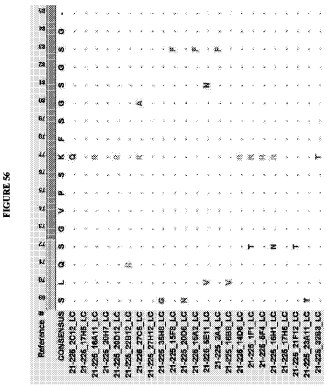
【図５６－１２５】



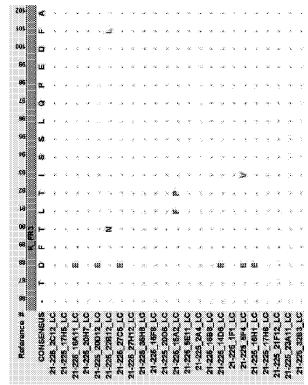
【図５６－１２６】



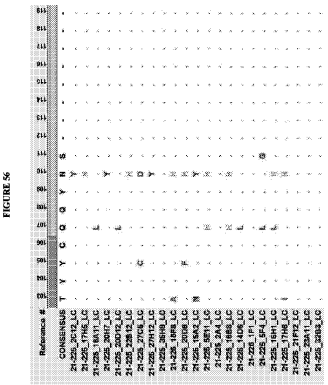
【図５６－１２７】



【図５６－１２８】

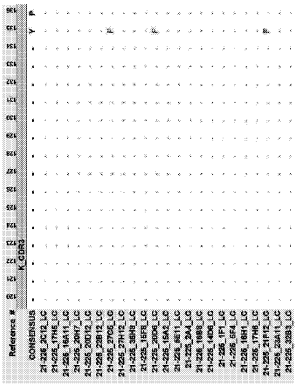


【図５６－１２９】



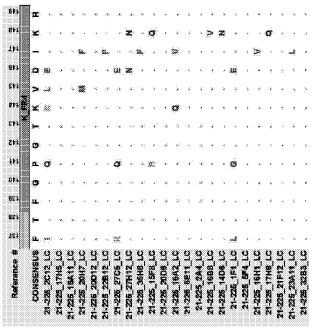
【図５６－１３０】

FIGURE 56



【図５６－１３１】

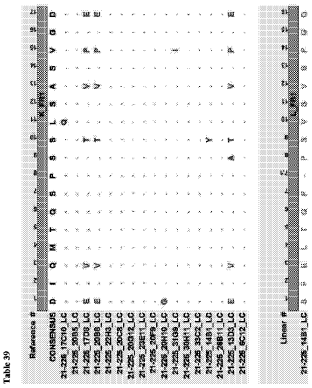
FIGURE 56



【図５６－１３２】

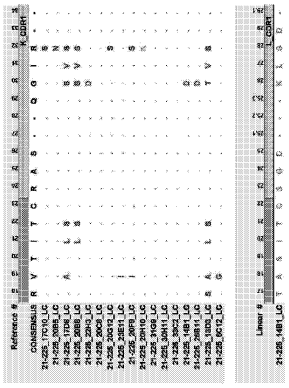
FIGURE 56

Table 39



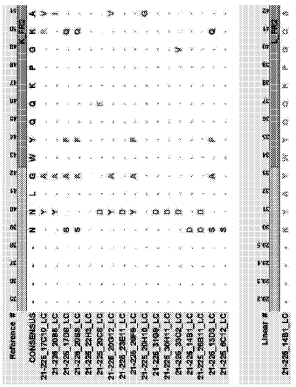
【図５６－１３３】

FIGURE 56



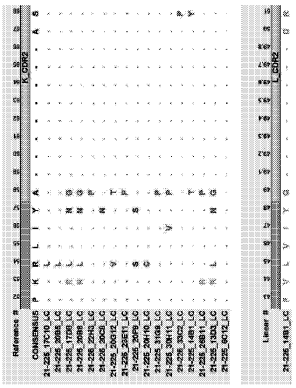
【図５６－１３４】

FIGURE 56



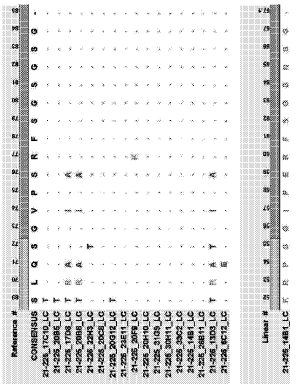
【図５６－１３５】

FIGURE 56



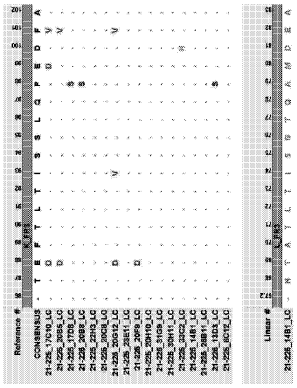
【図５６－１３６】

FIGURE 56

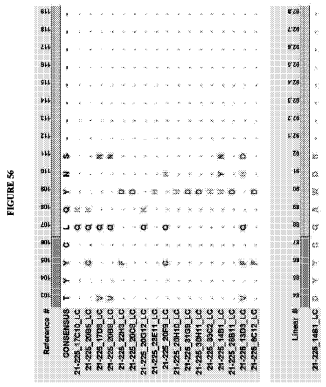


【図５６－１３７】

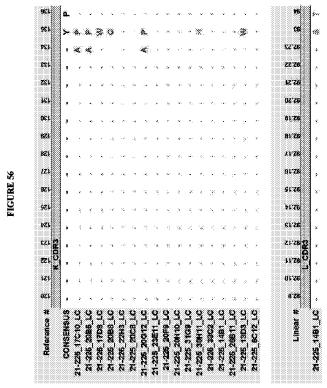
FIGURE 56



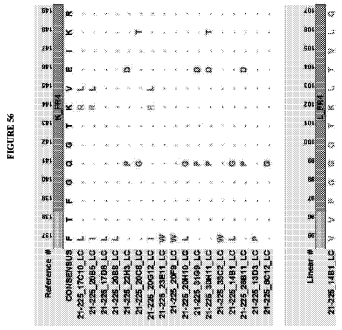
【図５６－１３８】



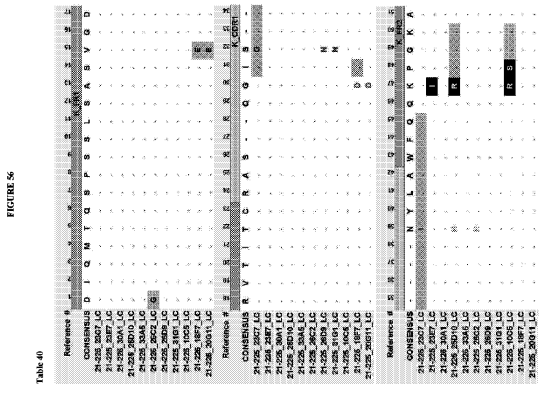
【図５６－１３９】



【図５６－１４０】

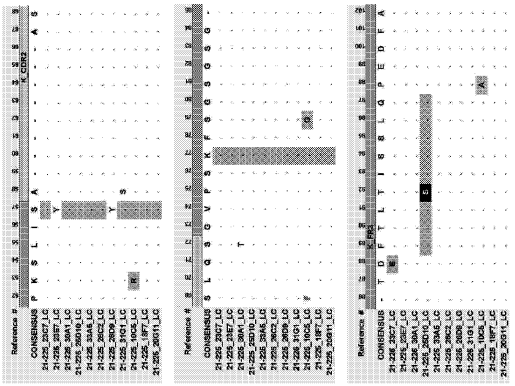


【図５６－１４１】



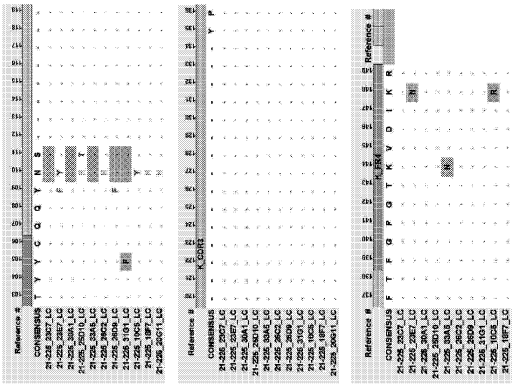
【図５６－１４２】

FIGURE 56



【図５６－１４３】

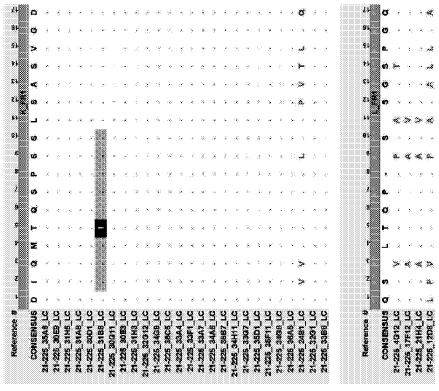
FIGURE 56



【図５６－１４４】

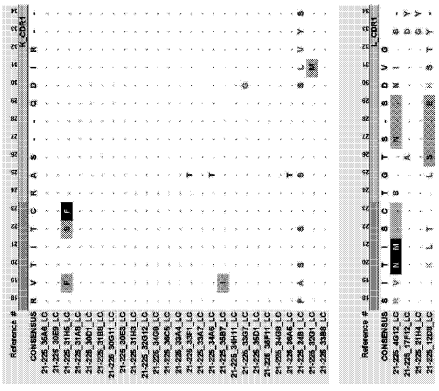
FIGURE 56

Table 41

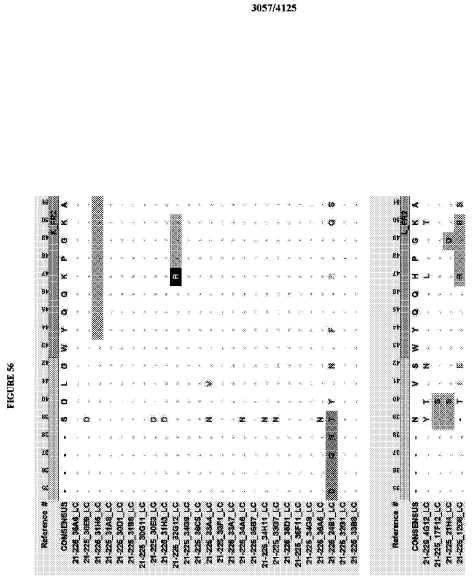


【図５６－１４５】

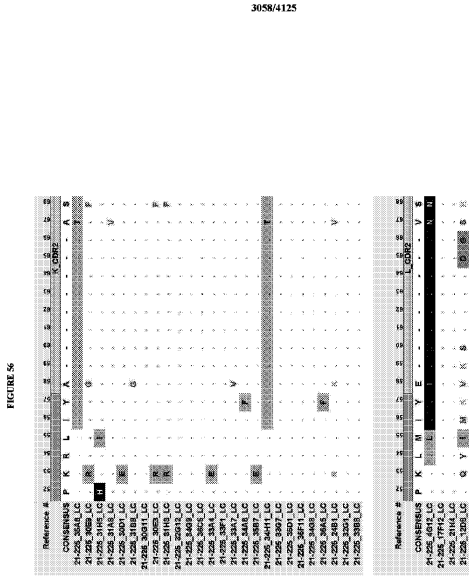
FIGURE 56



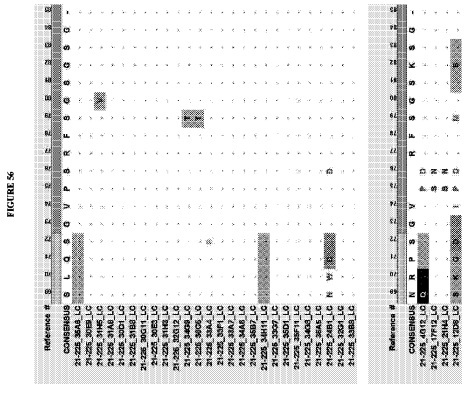
【図５６－１４６】



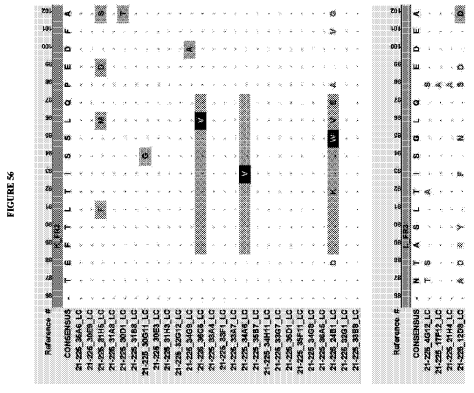
【図５６－１４７】



【図５６－１４８】

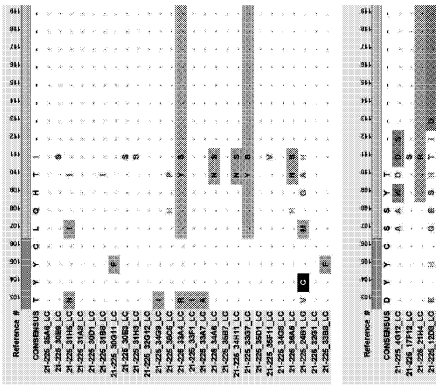


【図５６－１４９】



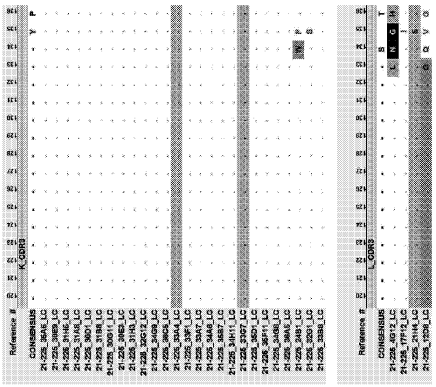
【図５６－１５０】

FIGURE 56



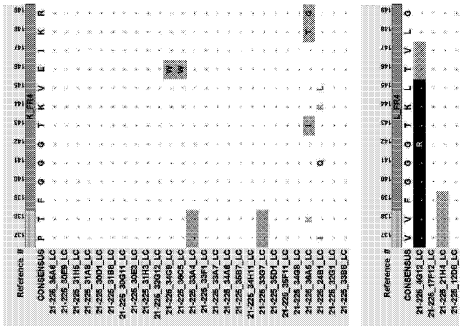
【図５６－１５１】

FIGURE 56



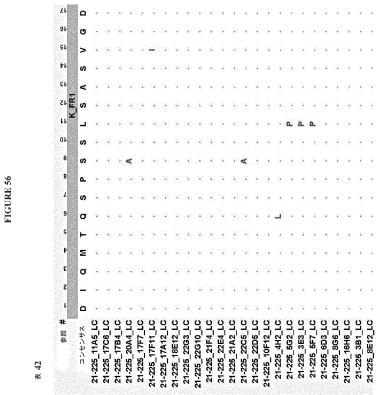
【図５６－１５２】

FIGURE 56



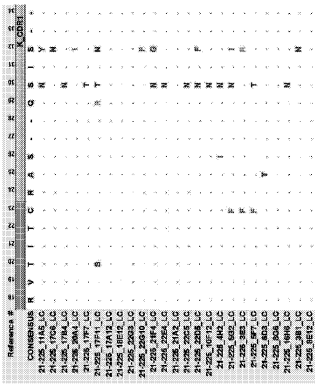
【図５６－１５３】

FIGURE 56



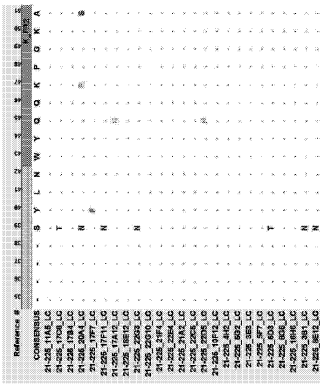
【図５６－１５４】

FIGURE 56



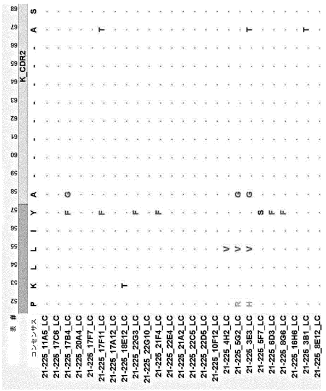
【図５６－１５５】

FIGURE 56



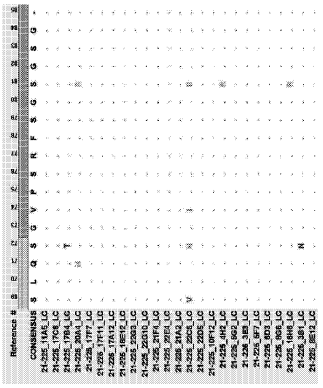
【図５６－１５６】

FIGURE 56

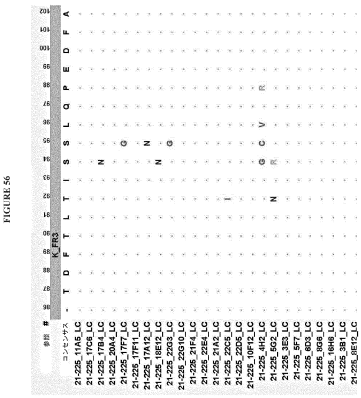


【図５６－１５７】

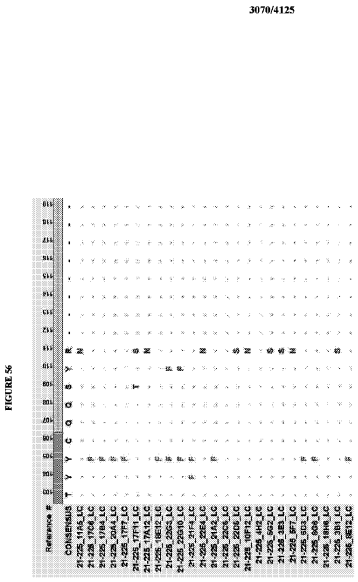
FIGURE 56



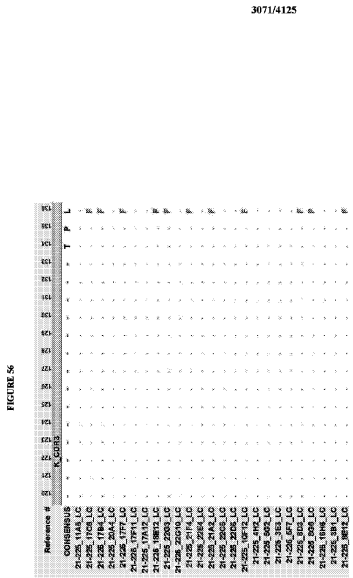
【図５６－１５８】



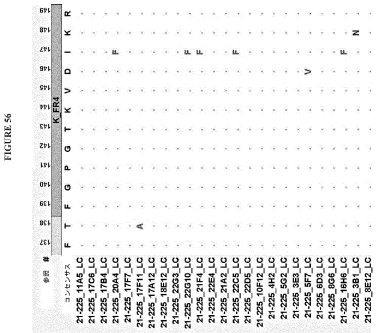
【図５６－１５９】



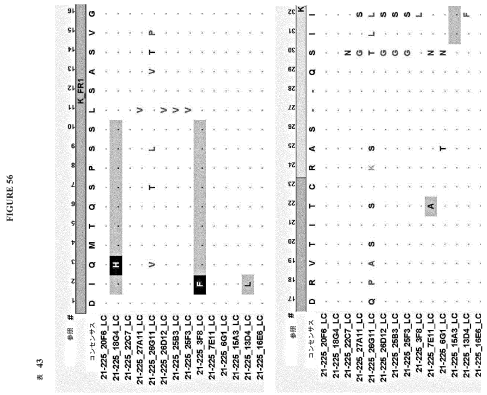
【図５６－１６０】



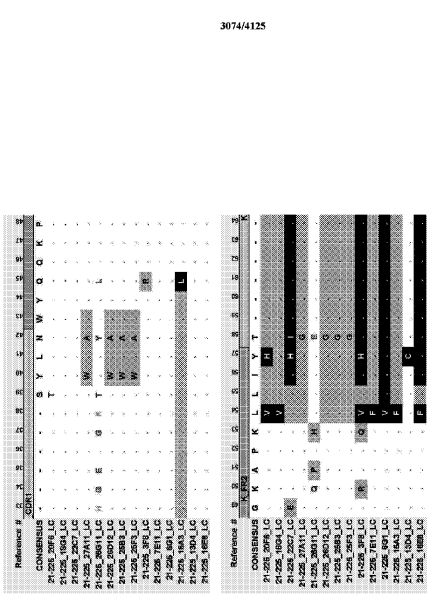
【図５６－１６１】



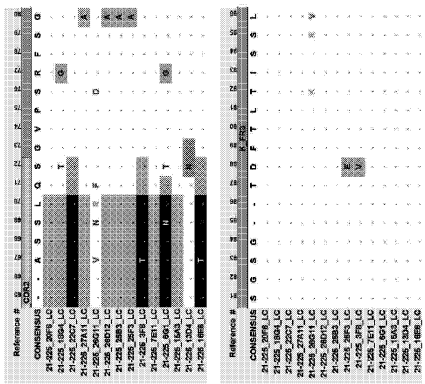
【図５６－１６２】



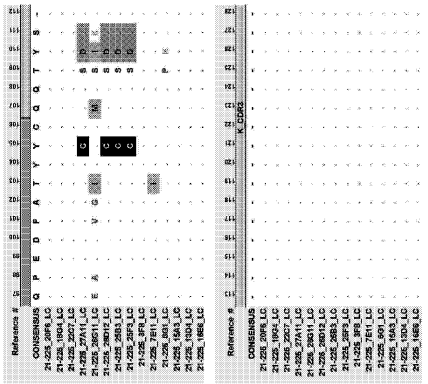
【図５６－１６３】



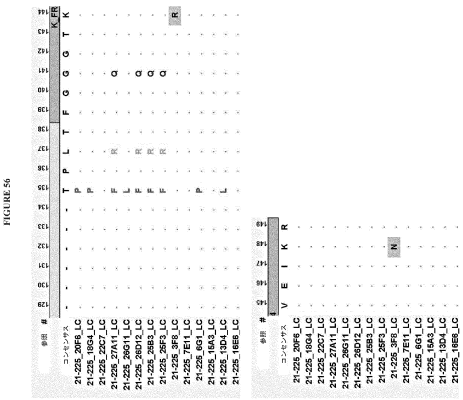
【図５６－１６４】



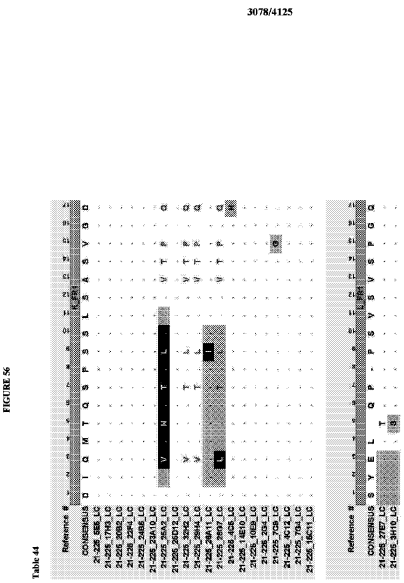
【図５６－１６５】



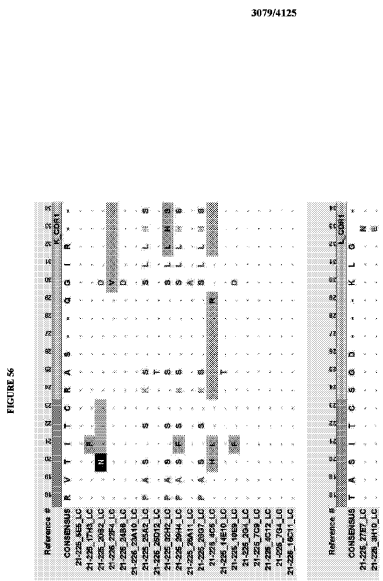
【図５６－１６６】



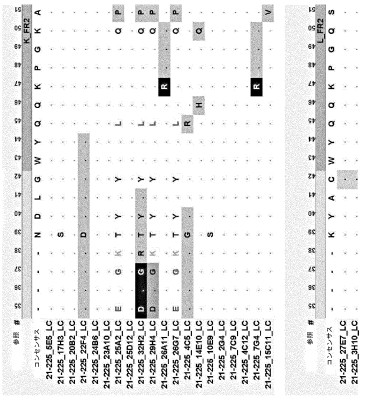
【図５６－１６７】



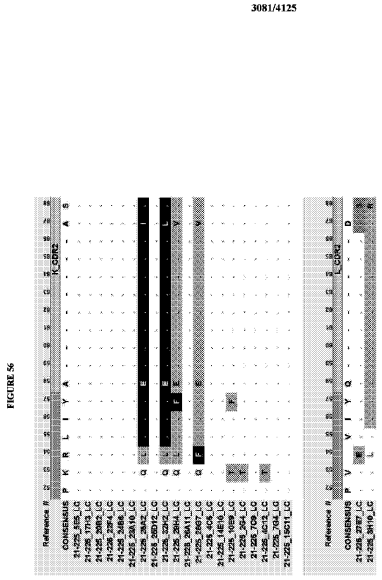
【図５６－１６８】



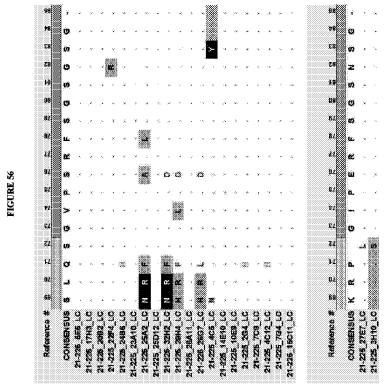
【図５６－１６９】



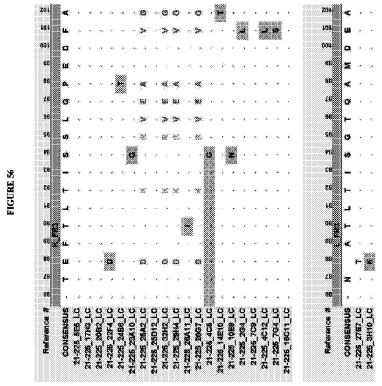
【図５６－１７０】



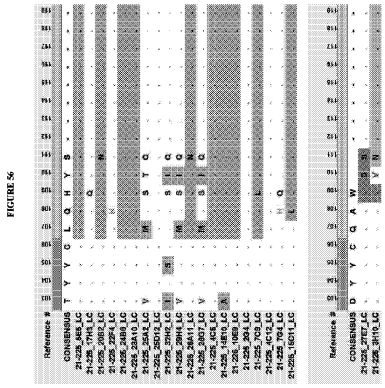
【図５６－１７１】



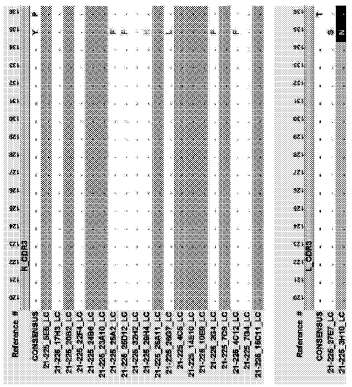
【図５６－１７２】



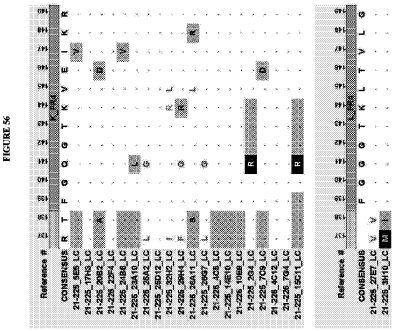
【図５６－１７３】



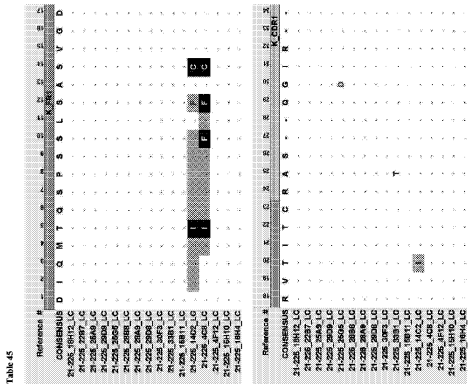
【図５６－１７４】



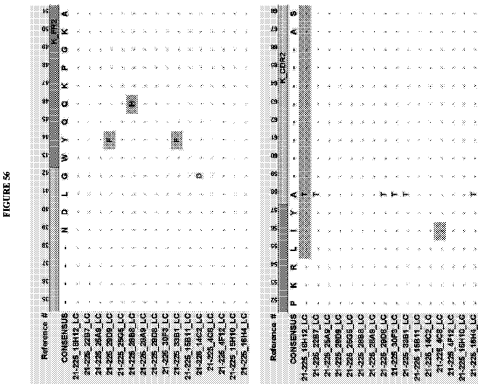
【図５６－１７５】



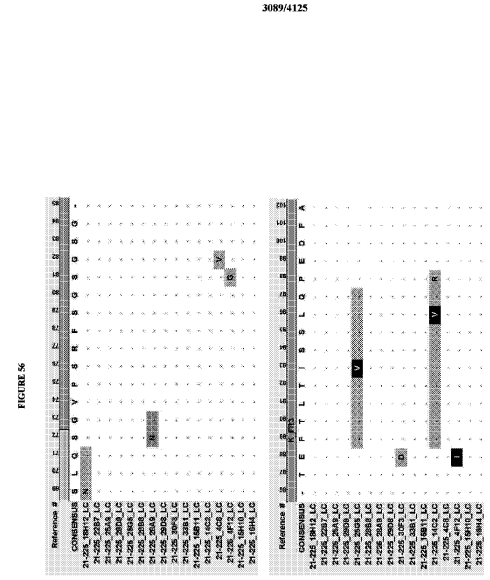
【図５６－１７６】



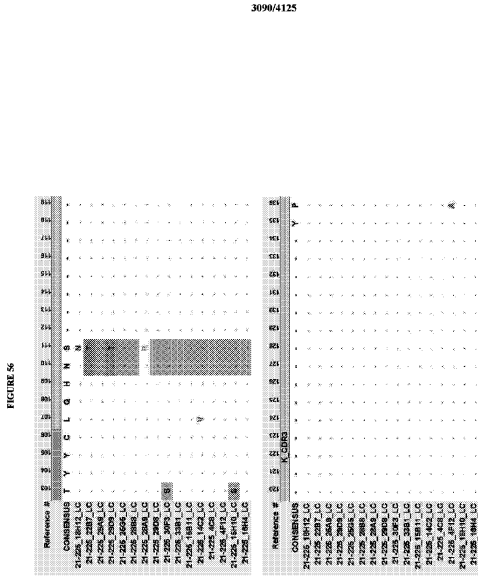
【図５６－１７７】



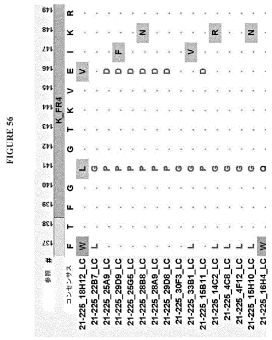
【図５６－１７８】



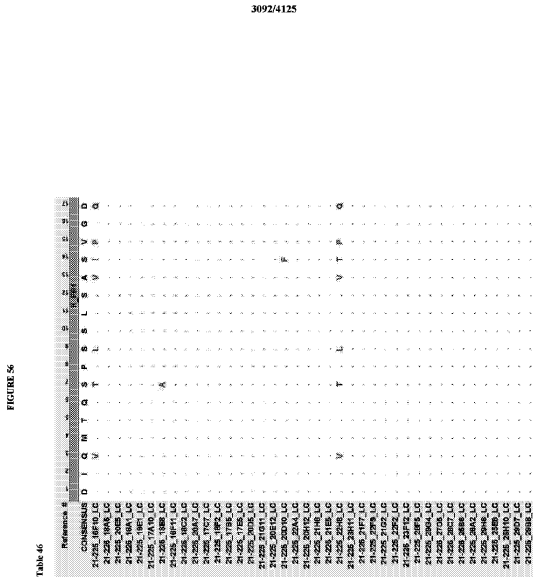
【図５６－１７９】



【図５６－１８０】

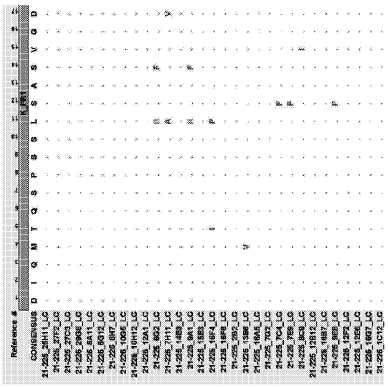


【図５６－１８１】



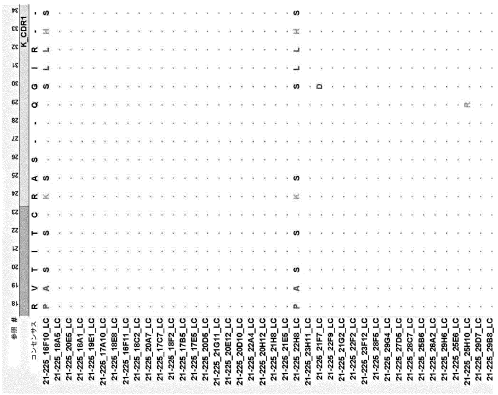
【図５６－１８２】

FIGURE 56



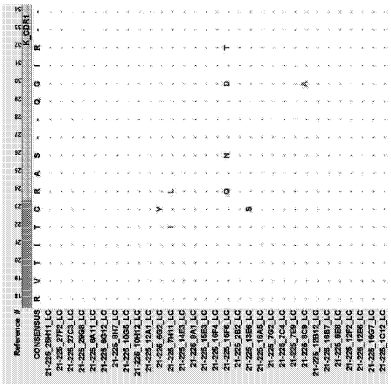
【図５６－１８３】

FIGURE 56



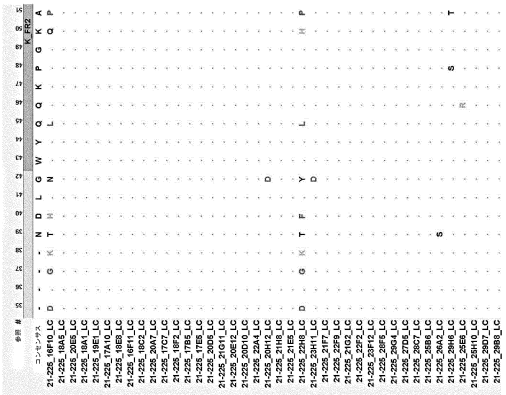
【図５６－１８４】

FIGURE 56



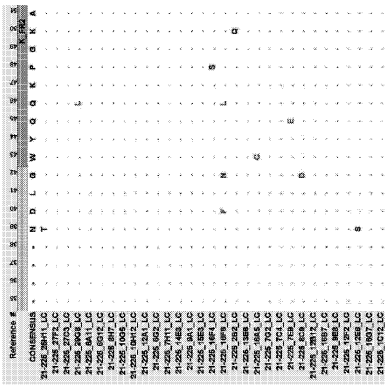
【図５６－１８５】

FIGURE 56



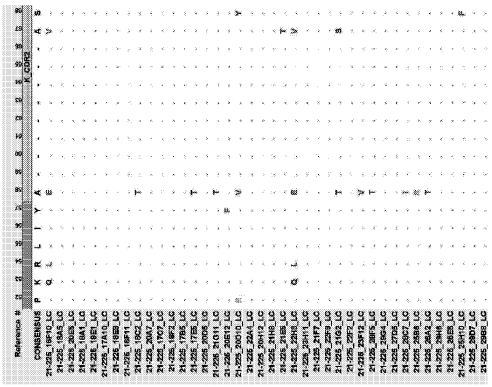
【図５６－１８６】

FIGURE 56



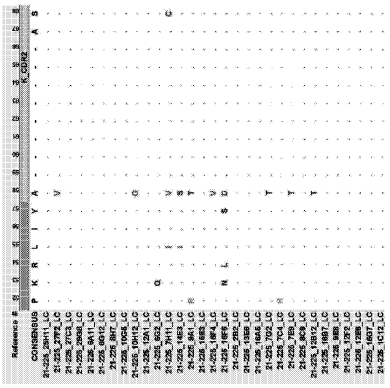
【図５６－１８７】

FIGURE 56



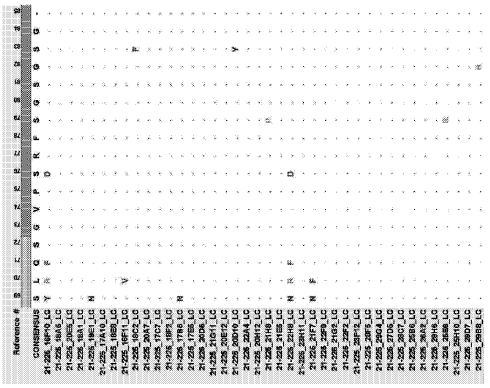
【図５６－１８８】

FIGURE 56

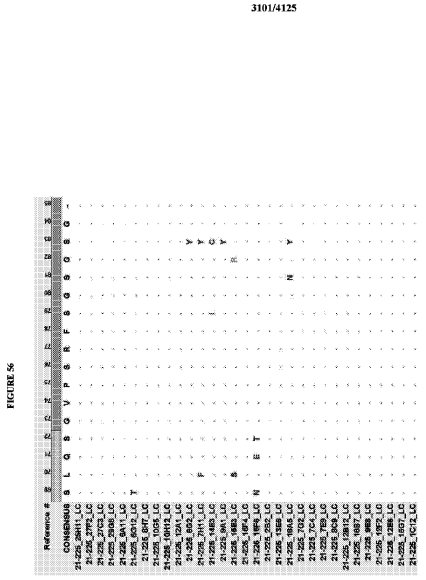


【図５６－１８９】

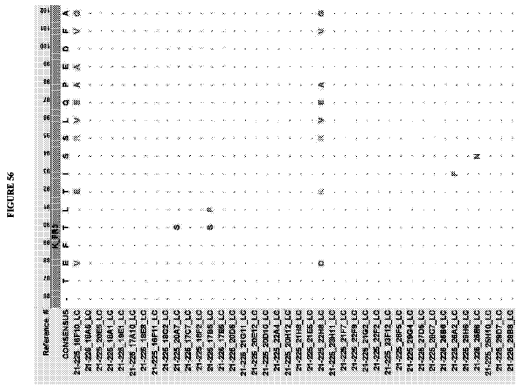
FIGURE 56



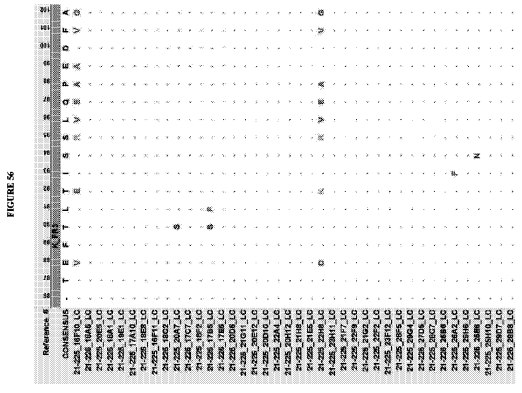
【図５６－１９０】



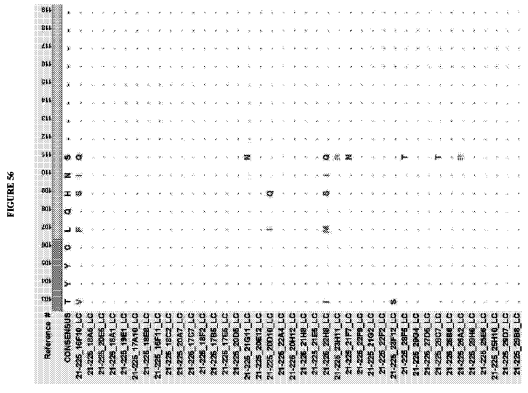
【図５６－１９１】



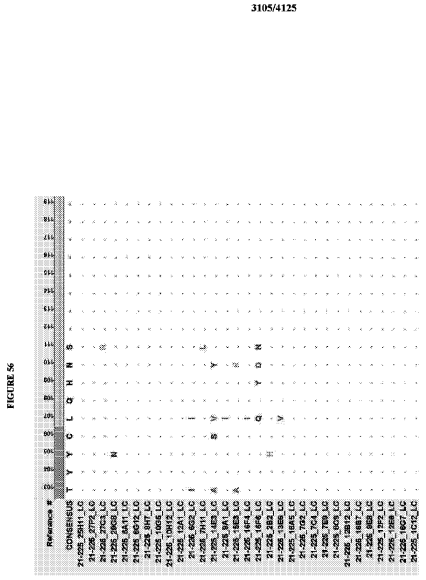
【図５６－１９２】



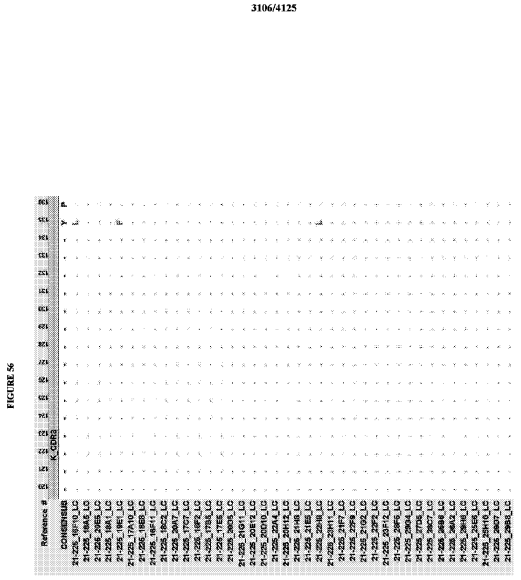
【図５６－１９３】



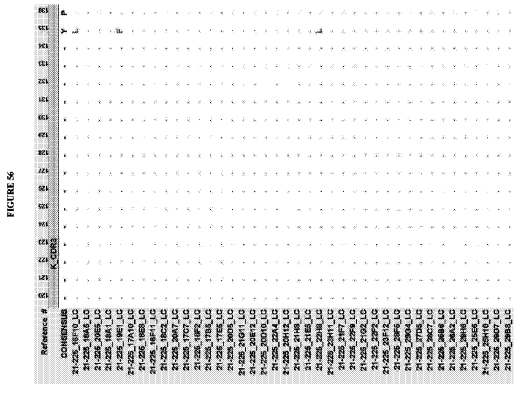
【図５６－１９４】



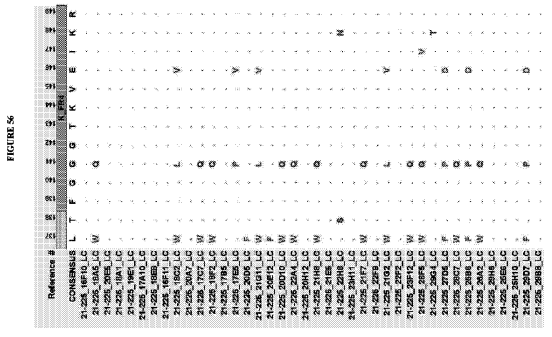
【図５６－１９５】



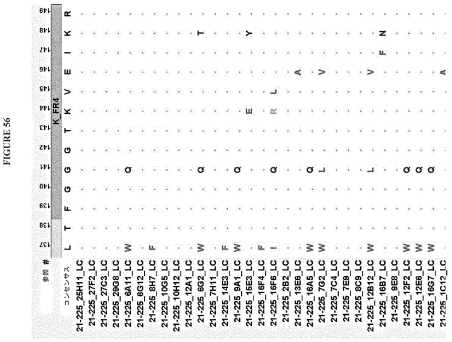
【図５６－１９６】



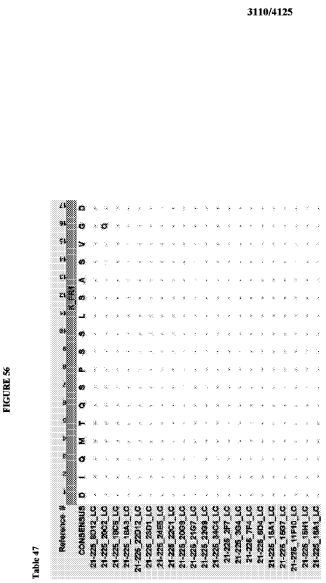
【図５６－１９７】



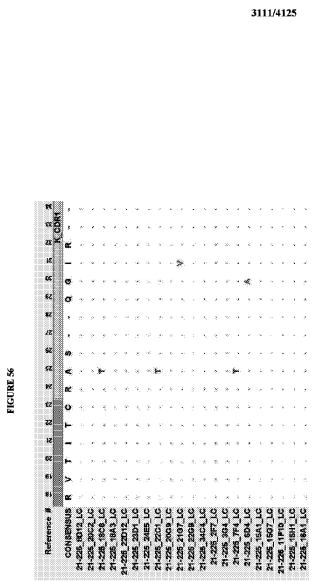
【図５６－１９８】



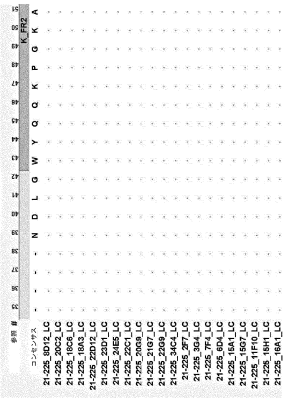
【図５６－１９９】



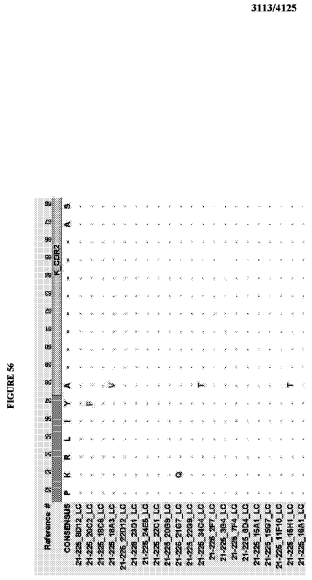
【図５６－２００】



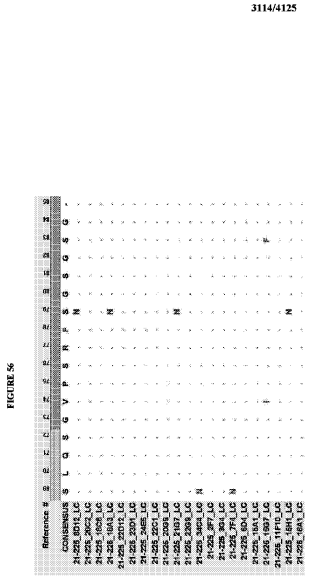
【図５６－２０１】



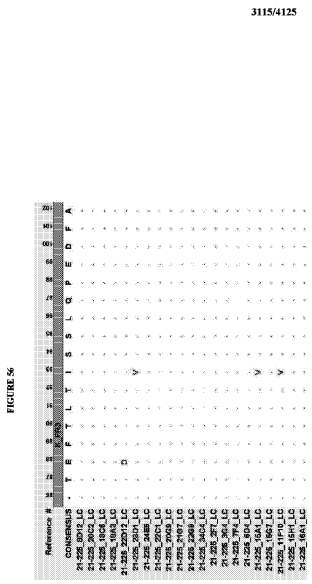
【図５６－２０２】



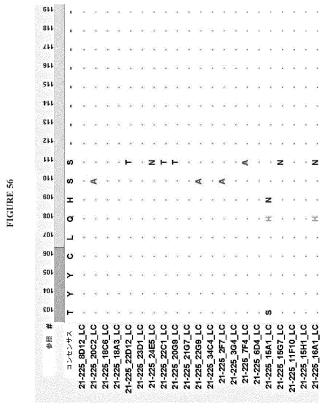
【図５６－２０３】



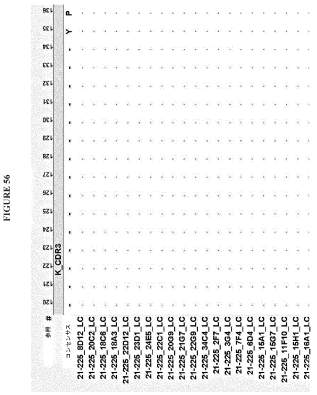
【図５６－２０４】



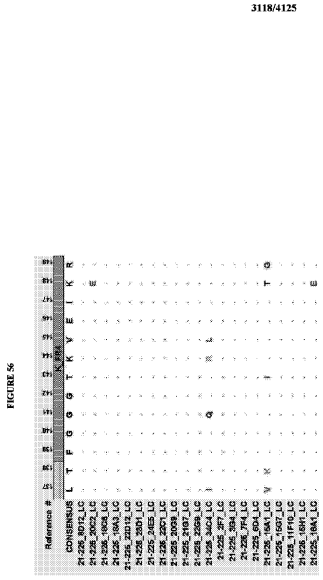
【図５６－２０５】



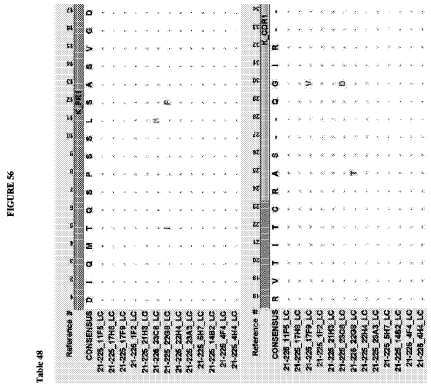
【図５６－２０６】



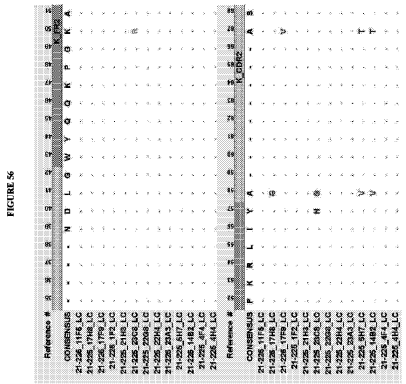
【図５６－２０７】



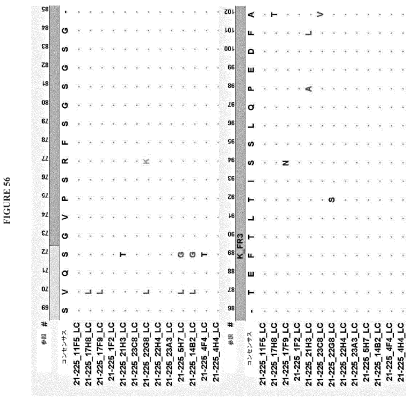
【図５６－２０８】



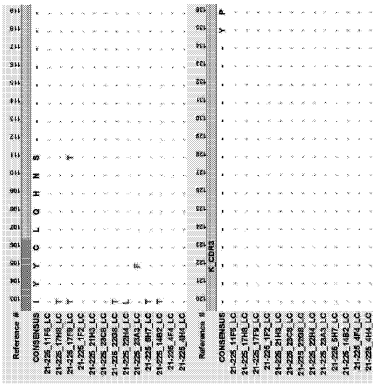
【図５６－２０９】



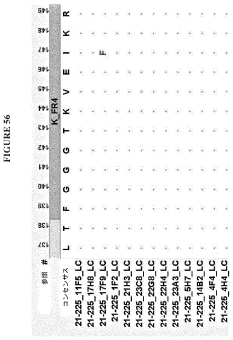
【図５６－２１０】



【図５６－２１１】



【図５６－２１２】



【図５７－１】

FIGURE 57

Table 49: Consensus 15-VH1-08/D6-19/RFL/JH4 (SEQ ID NO: 50266)

QVQLVQS-GAEVKKPGASVKVSCKASG-YTFTN----YDINWVRQATGQGLEWMGWMHPN---

SGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCASSSGNWY----------YFDYWGQGTLVTVSS wherein:

N at position 33 can be substituted with H

I at position 41 can be substituted with V or L

W at position 57 can be substituted with R

M at position 58 can be substituted with V or L

H at position 59 can be substituted with N, Y or T

N at position 61 can be substituted with D or H

G at position 66 can be substituted with H

N at position 67 can be substituted with S, Q, A, D, K or T

T at position 68 can be substituted with A, V or E

G at position 69 can be substituted with D

Y at position 70 can be substituted with F or C

A at position 71 can be substituted with P

Q at position 72 can be substituted with K

K at position 73 can be substituted with R or N

Q at position 75 can be substituted with R

G at position 76 can be substituted with V

Y at position 113 can be substituted with E, N or T

【図５７－２】

FIGURE 57

Y at position 135 can be substituted with F, K, I, R, V, L, M, W, H or S

Y at position 138 can be substituted with F, S or N

Xaa Tyr Asp Xaa Asn (SEQ ID NO: 50001)

Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50002)

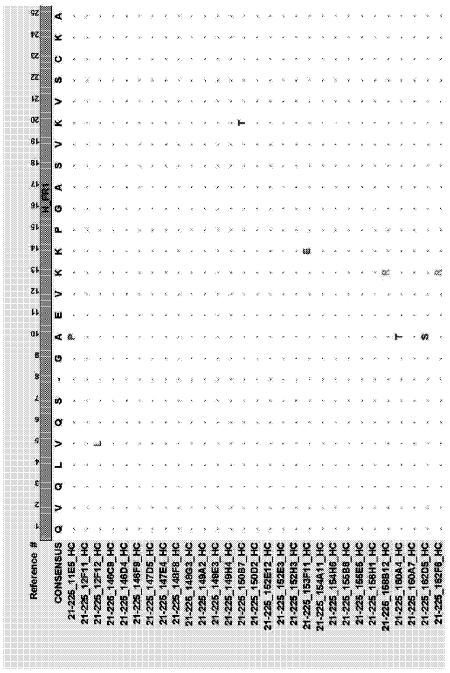
Ser Ser Gly Trp Xaa Xaa Phe Asp Xaa (SEQ ID NO: 50003)

Asn Tyr Asp Ile Asn (SEQ ID NO: 50468)

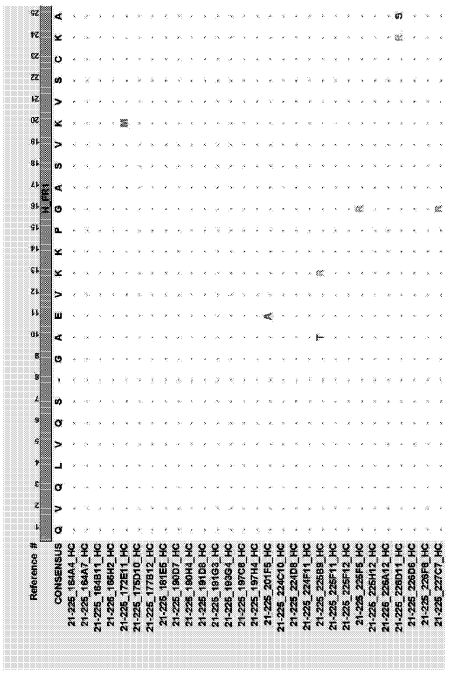
Trp Met His Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50469)

Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50470)

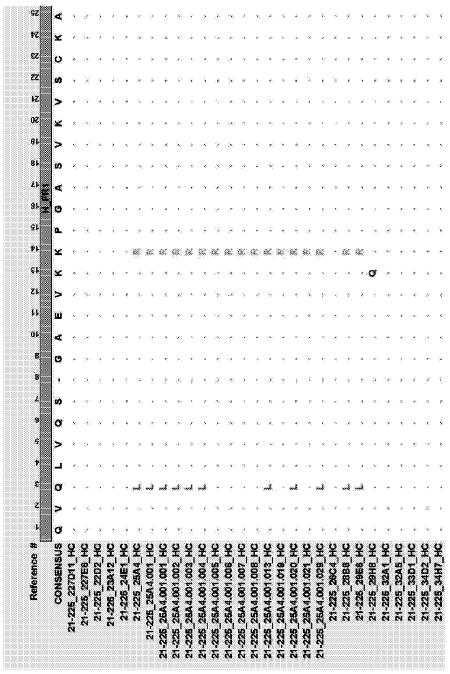
【図５７－３】



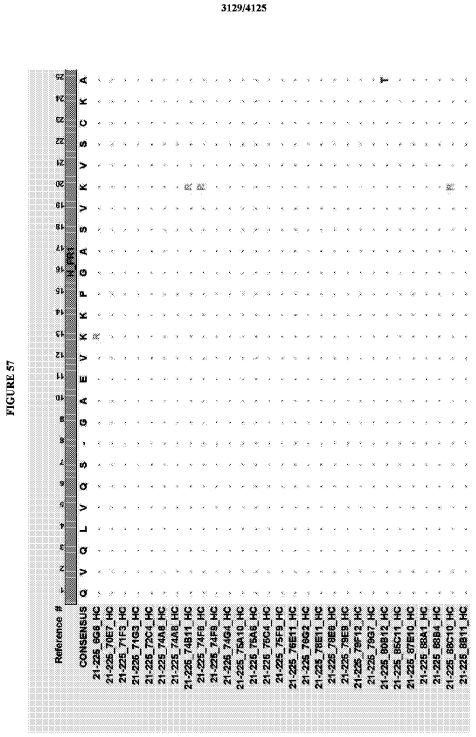
【図５７－４】



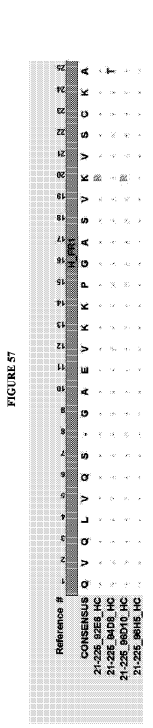
【図５７－５】



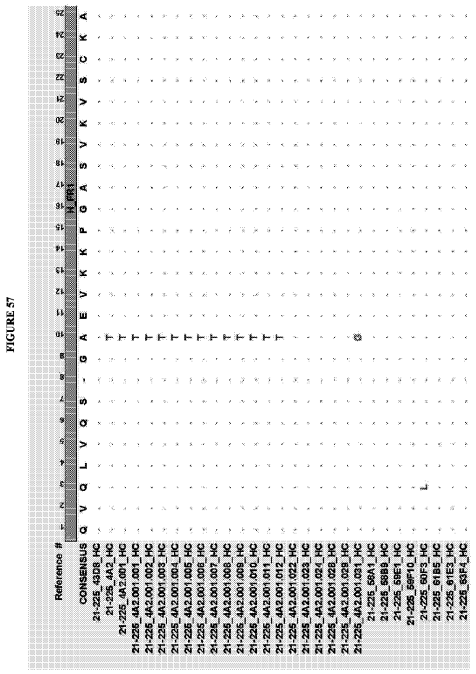
【図５７－６】



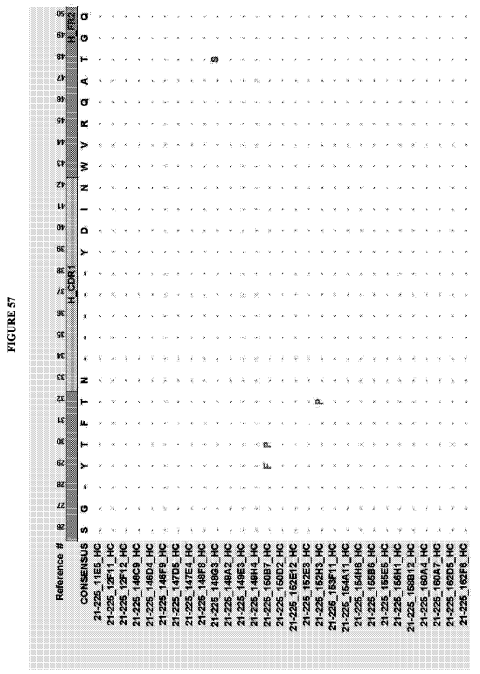
【図５７－７】



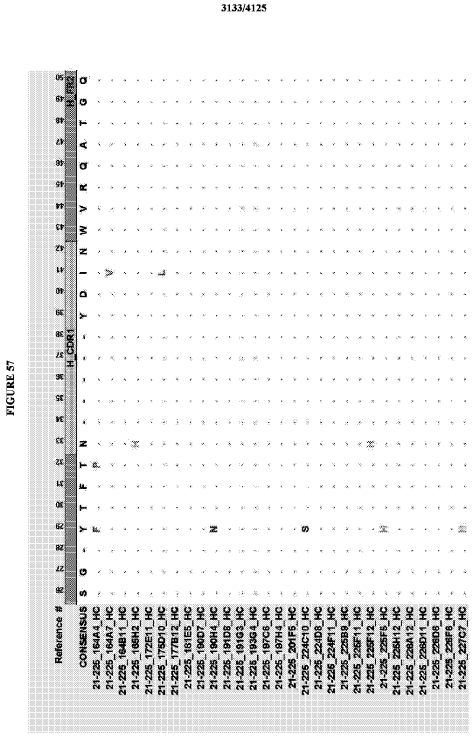
【図５７－８】



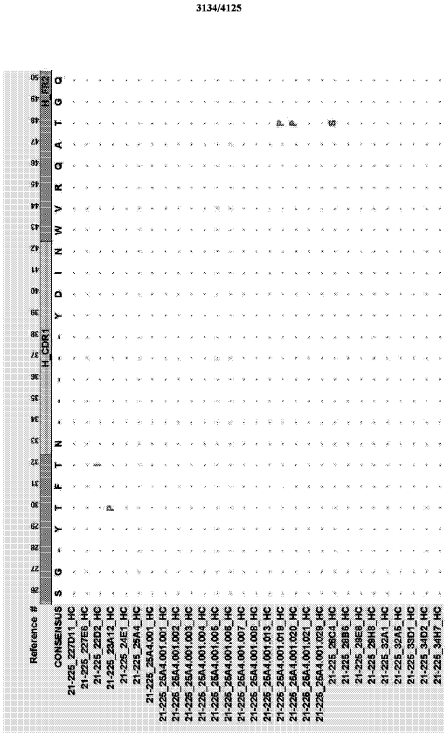
【図５７－９】



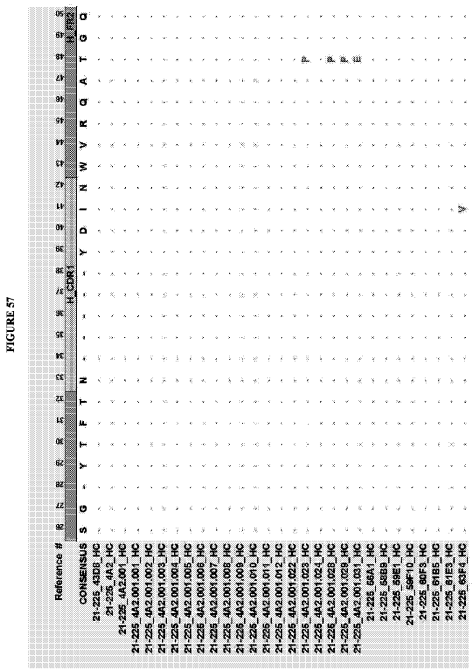
【図５７－１０】



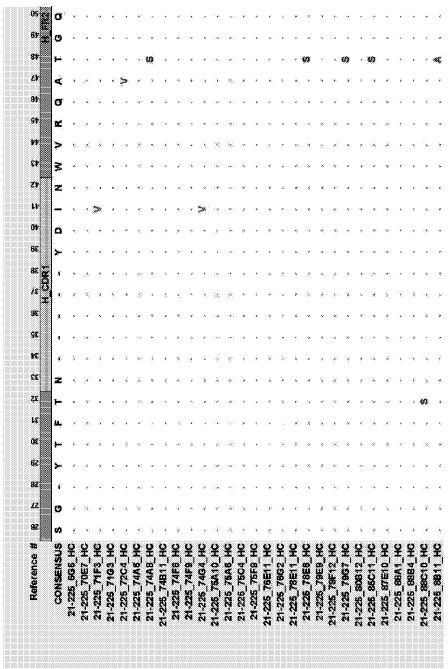
【図５７－１１】



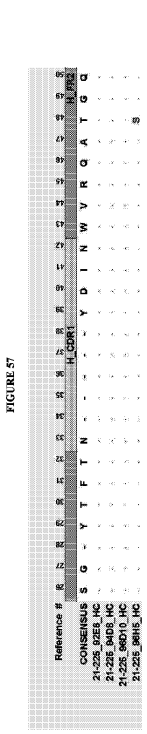
【図５７－１２】



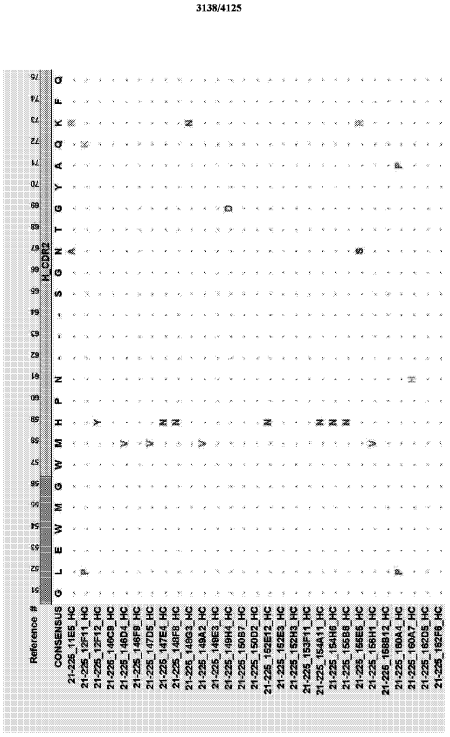
【図５７－１３】



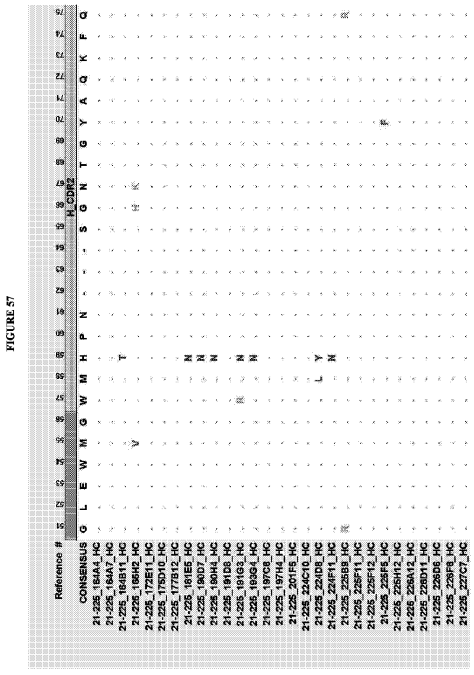
【図５７－１４】



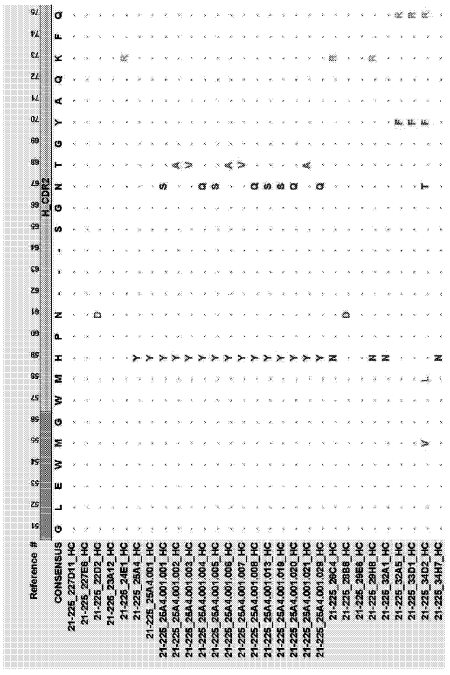
【図５７－１５】



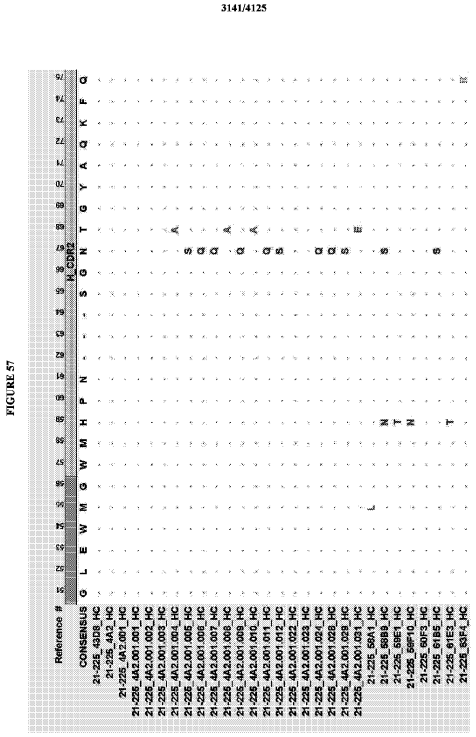
【図５７－１６】



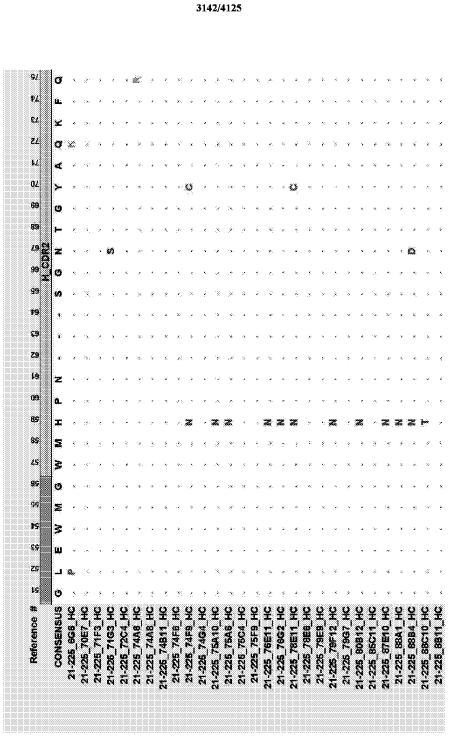
【図５７－１７】



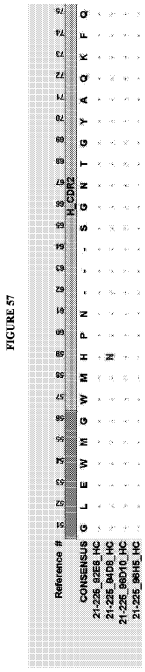
【図５７－１８】



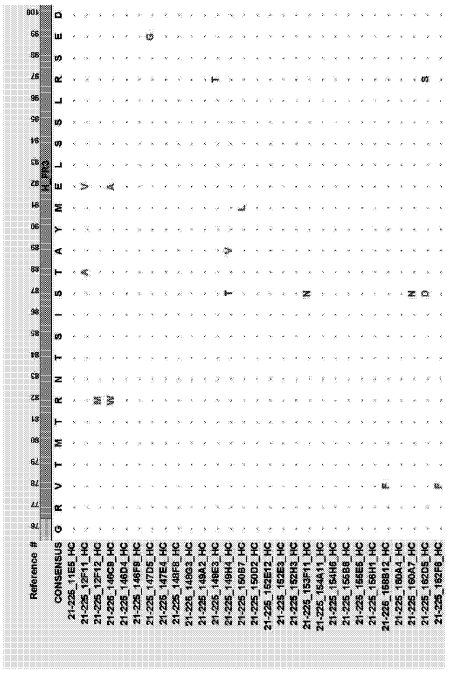
【図５７－１９】



【図５７－２０】



【図５７－２１】



【図５７－２２】

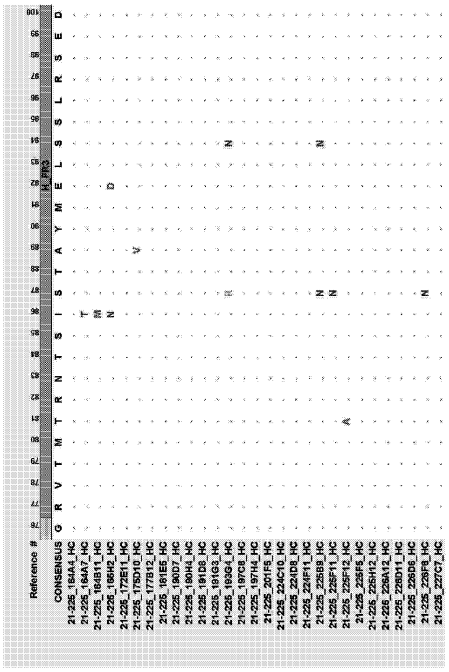


FIGURE 57

【図５７－２３】

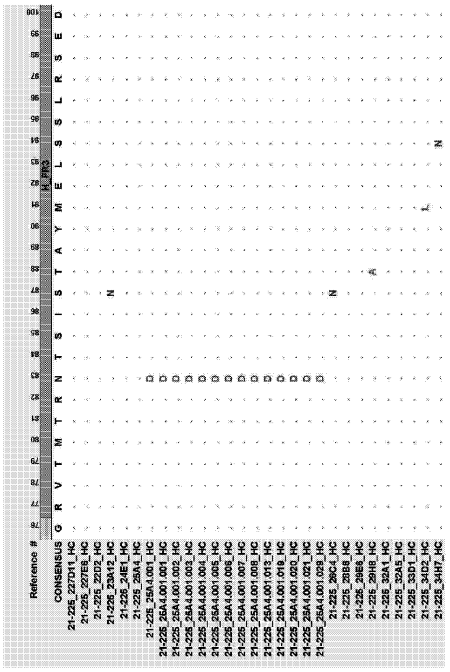


FIGURE 57

【図５７－２４】

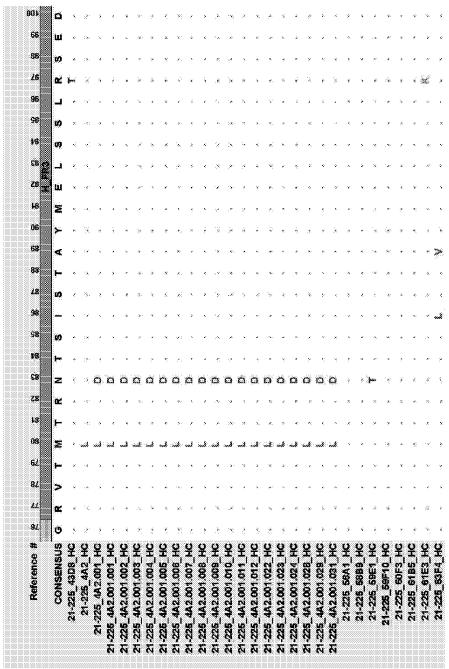


FIGURE 57

【図５７－２５】

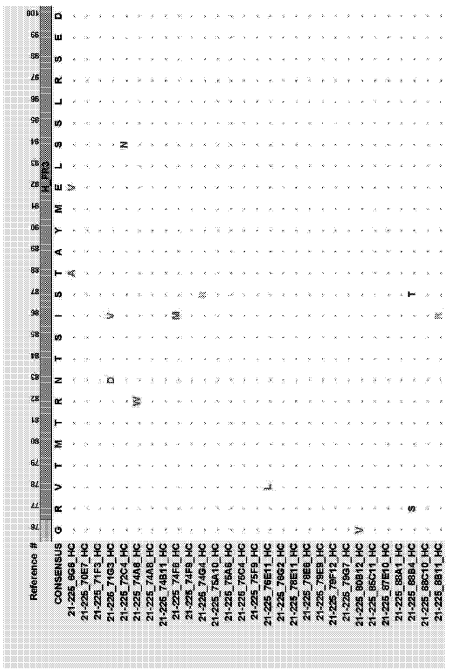
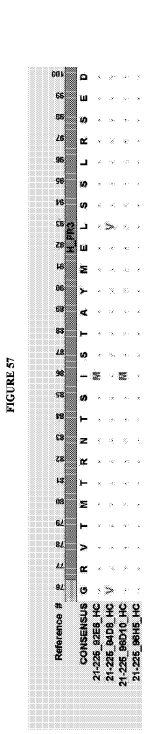
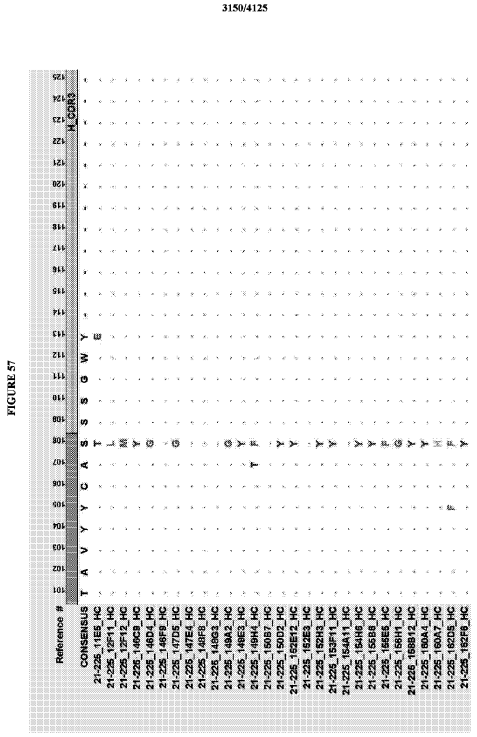


FIGURE 57

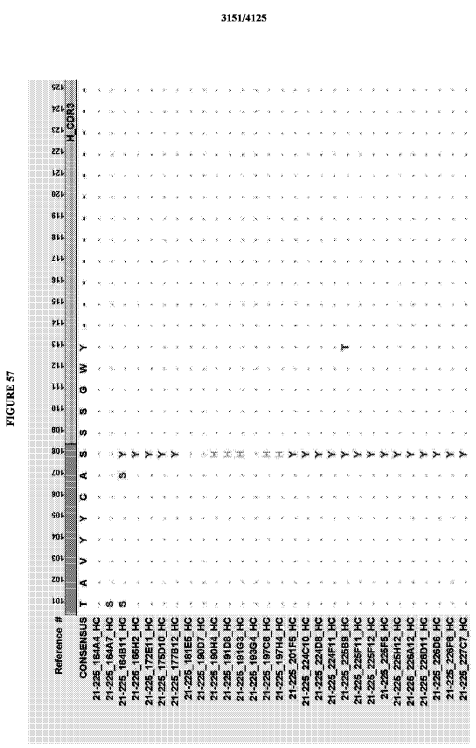
【図５７－２６】



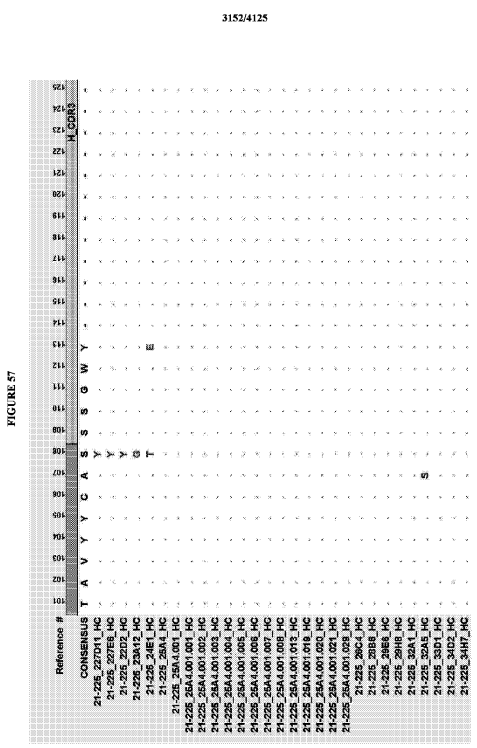
【図５７－２７】



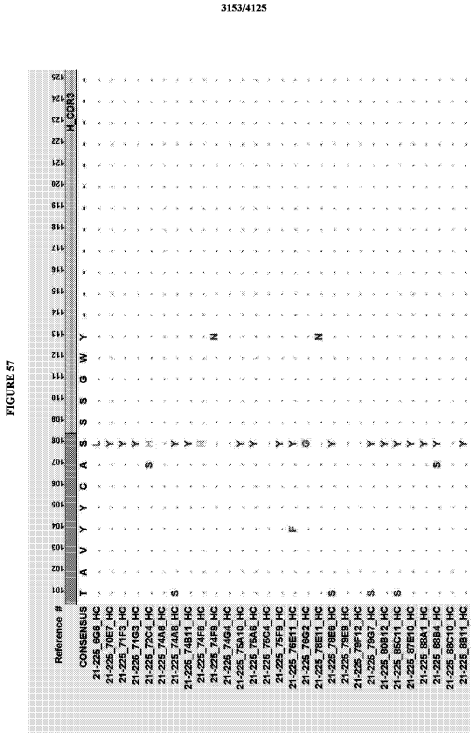
【図５７－２８】



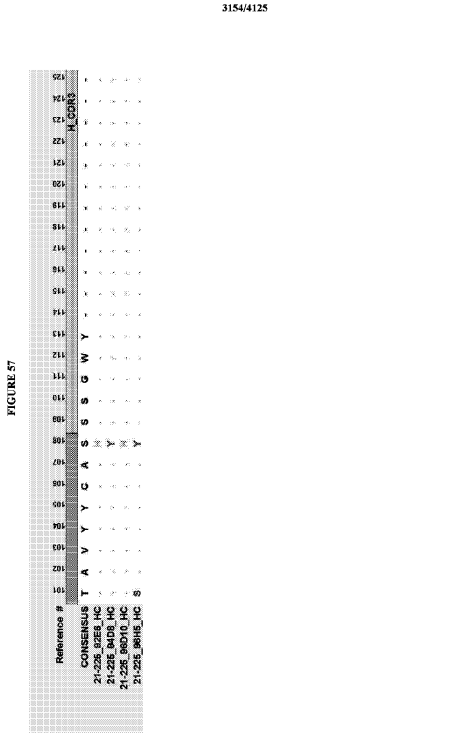
【図５７－２９】



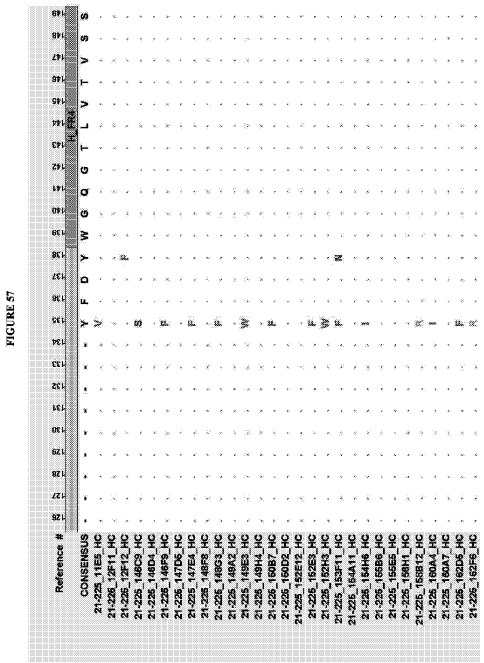
【図５７－３０】



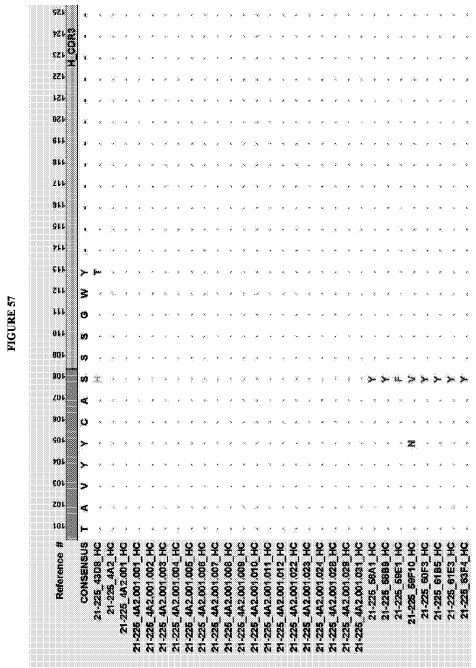
【図５７－３１】



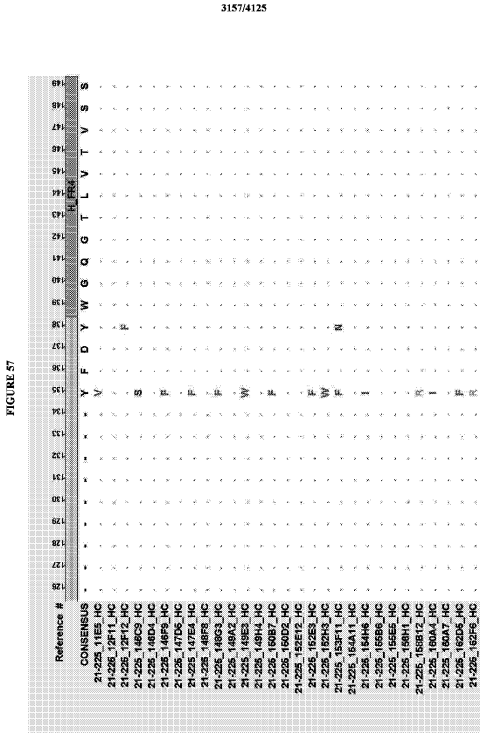
【図５７－３２】



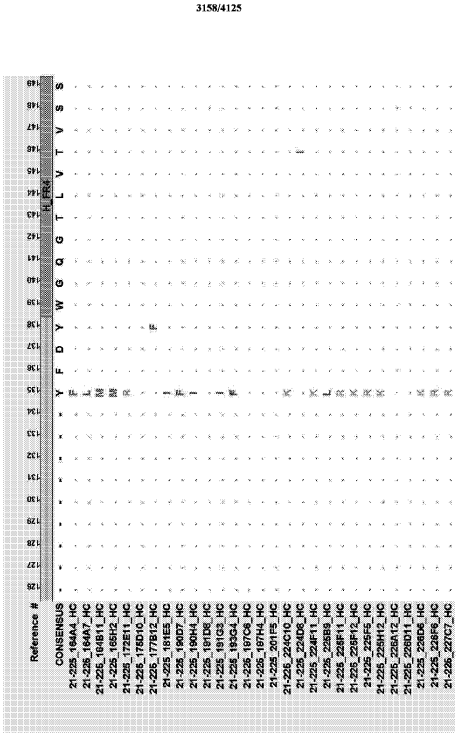
【図５７－３３】



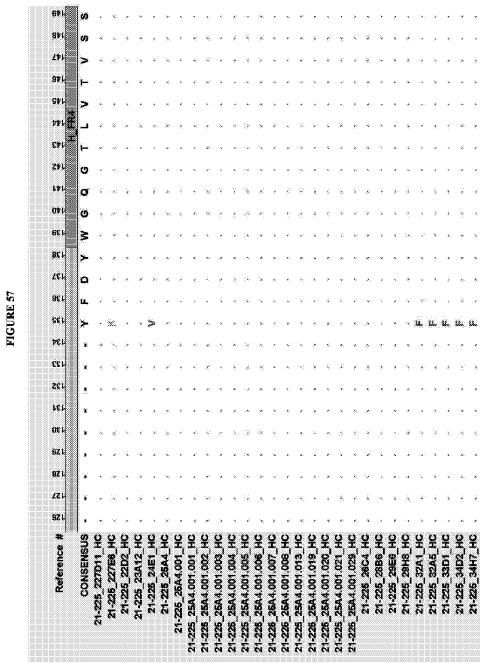
【図５７－３４】



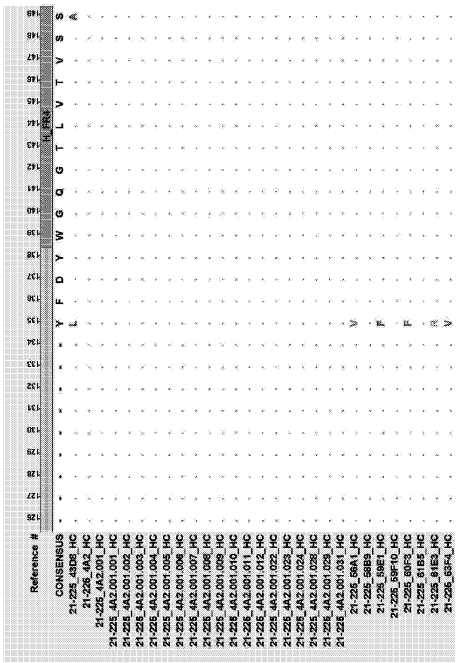
【図５７－３５】



【図５７－３６】

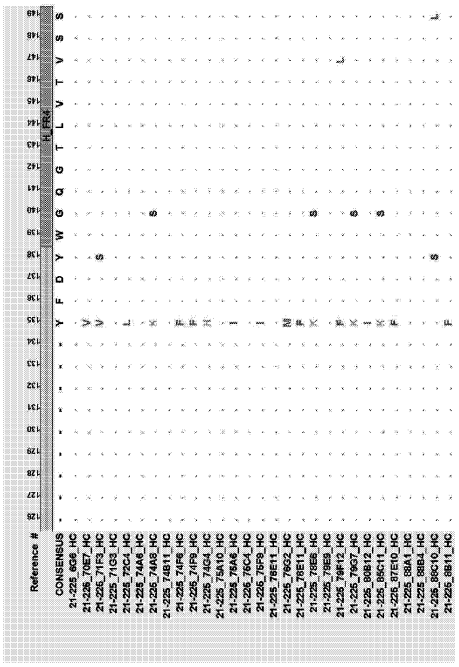


【図５７－３７】



【図５７－３８】

FIGURE 57



【図５７－３９】

FIGURE 57

Table 50 Consensus 16c-VH3-3-33/D6fc-6RF1/JH6 (SEQ ID NO: 50267)

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSS----YVMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD---GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYSSGW----------YDYGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with D, N or I

Y at position 39 can be substituted with C, F, D or S

V at position 40 can be substituted with G, I or L

M at position 41 can be substituted with I or L

H at position 42 can be substituted with D

V at position 57 can be substituted with L or A

W at position 59 can be substituted with F

G at position 65 can be substituted with A

S at position 66 can be substituted with R or N

N at position 67 can be substituted with Y, G or S

Y at position 69 can be substituted with H

Y at position 70 can be substituted with H or N

A at position 71 can be substituted with Y, E, G or T

D at position 72 can be substituted with E or G

S at position 73 can be substituted with A

V at position 74 can be substituted with M

E at position 109 can be substituted with R or V

【図５７－４０】

FIGURE 57

R at position 110 can be substituted with Y, K, V, E, P, D, L, F, M, N, Q or T

Y at position 111 can be substituted with S, T or V

S at position 112 can be substituted with R, Y, P, T or G

S at position 113 can be substituted with C or Y

G at position 114 can be substituted with W, S or N

W at position 115 can be substituted with null (-), L, Y, G, F or S

null (-) at position 116 can be substituted with Y

null (-) at position 117 can be substituted with A, G or T

null (-) at position 118 can be substituted with C

null (-) at position 129 can be substituted with P

null (-) at position 130 can be substituted with Y or L

null (-) at position 131 can be substituted with Y or D

Y at position 132 can be substituted with null (-), F or H

D at position 133 can be substituted with S, G, T, V, Y, A, F or M

Y at position 134 can be substituted with G or F

M at position 136 can be substituted with L

D at position 137 can be substituted with G

Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50004)

Xaa Ile Xaa Tyr Asp Xaa Xaa Xaa Lys Xaa Xaa Xaa Xaa Lys Gly (SEQ ID NO: 50005)

【図５７－４１】

FIGURE 57

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Val (SEQ ID NO: 50006)

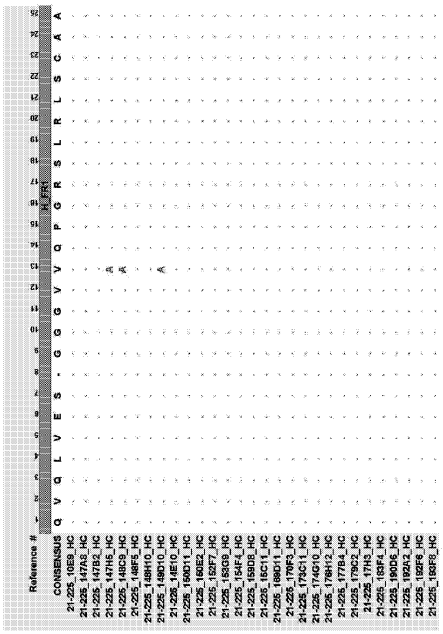
Ser Tyr Val Met His (SEQ ID NO: 50471)

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50472)

Glu Arg Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Asp Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50473)

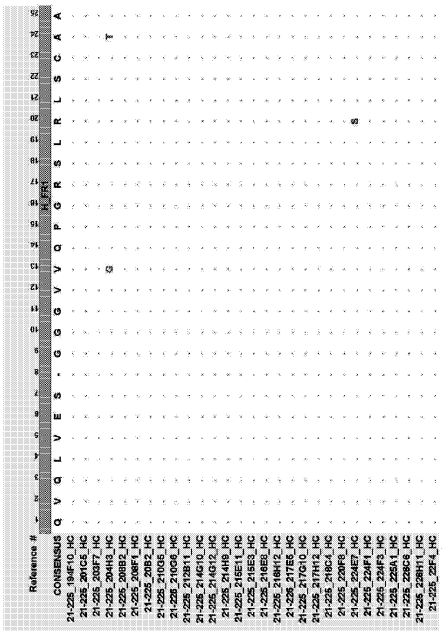
【図５７－４２】

FIGURE 57



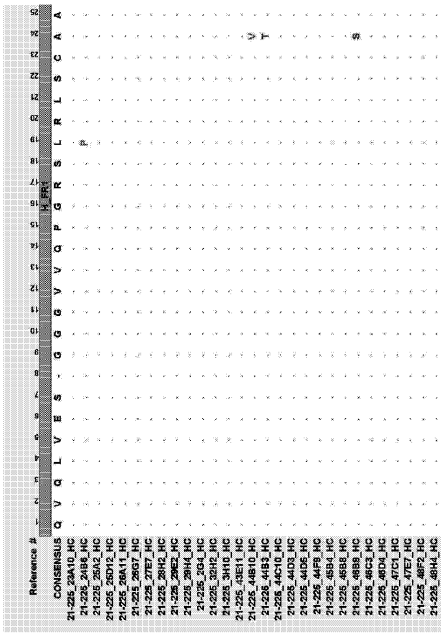
【図５７－４３】

FIGURE 57



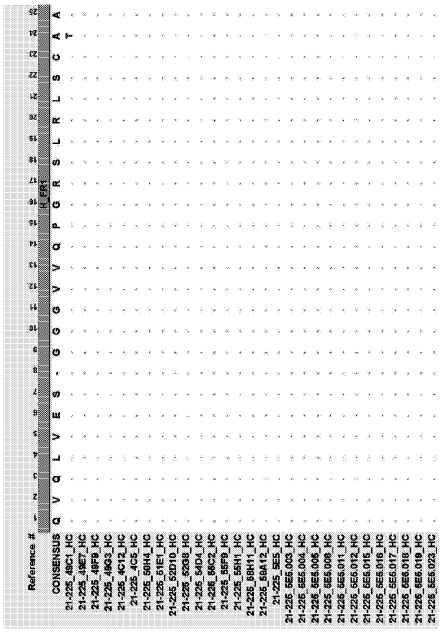
【図５７－４４】

FIGURE 57



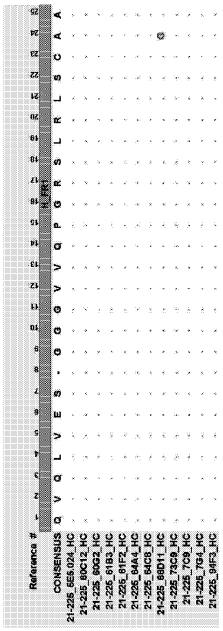
【図５７－４５】

FIGURE 57



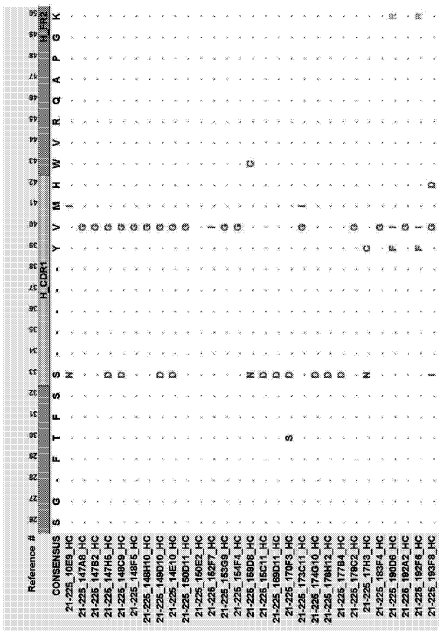
【図５７－４６】

FIGURE 57



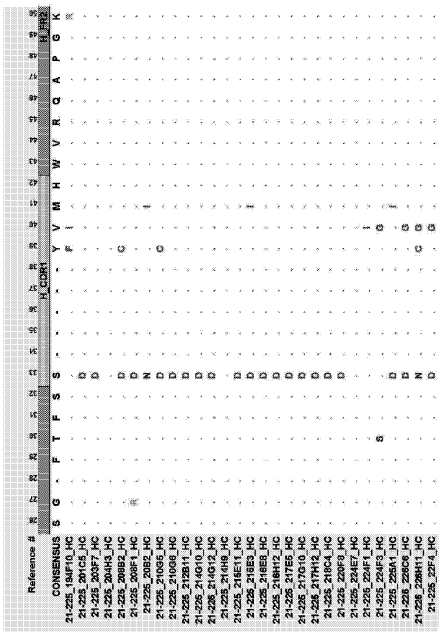
【図５７－４７】

FIGURE 57



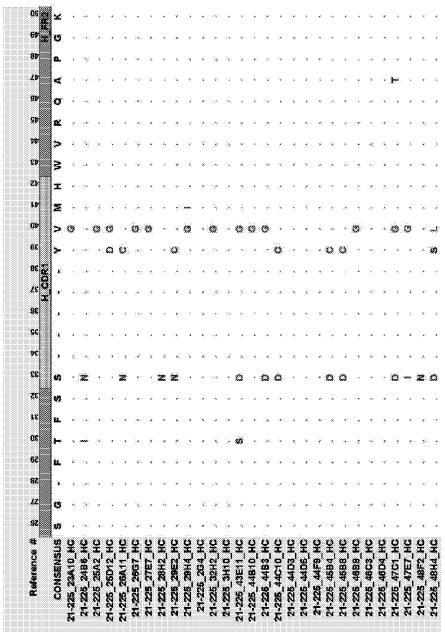
【図５７－４８】

FIGURE 57

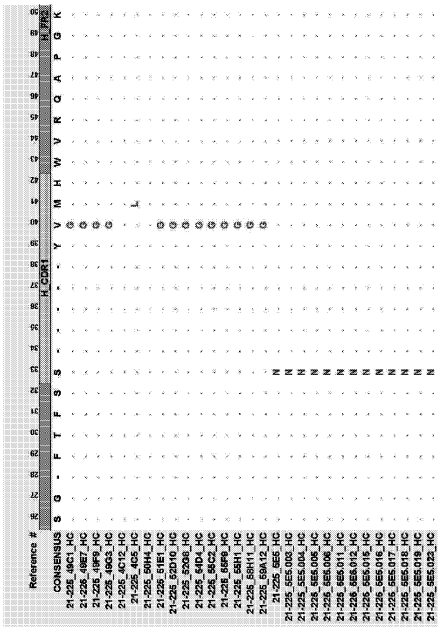


【図５７－４９】

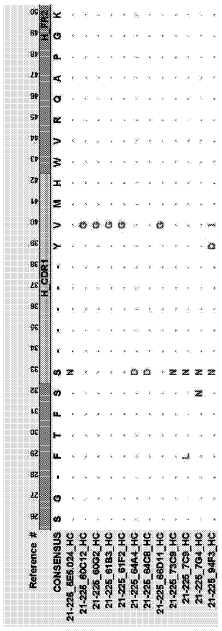
FIGURE 57



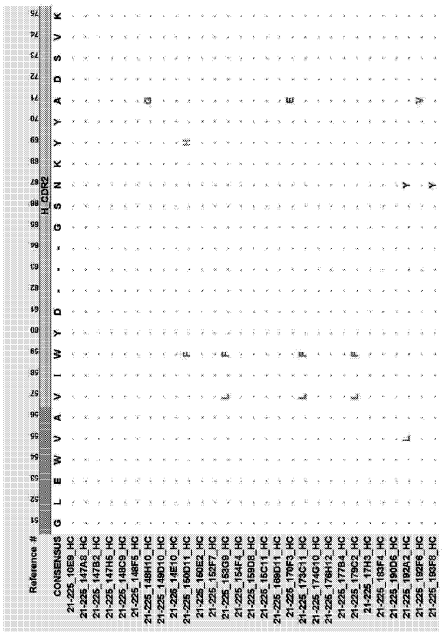
【図５７－５０】



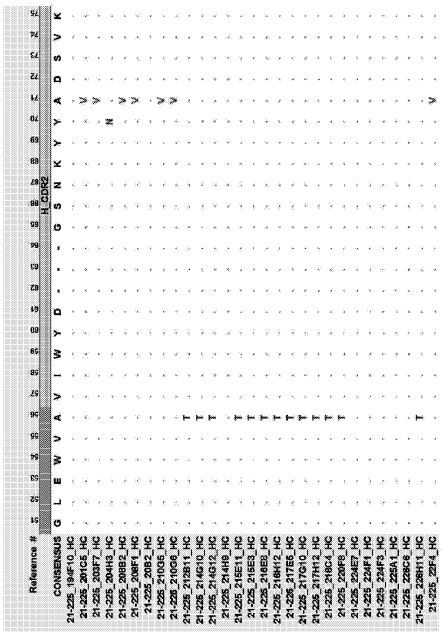
【図５７－５１】



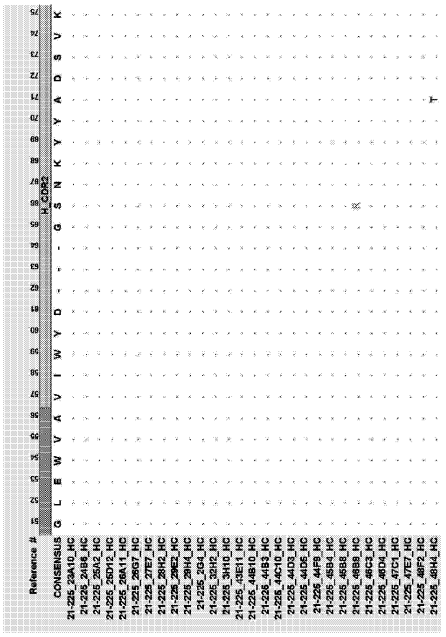
【図５７－５２】



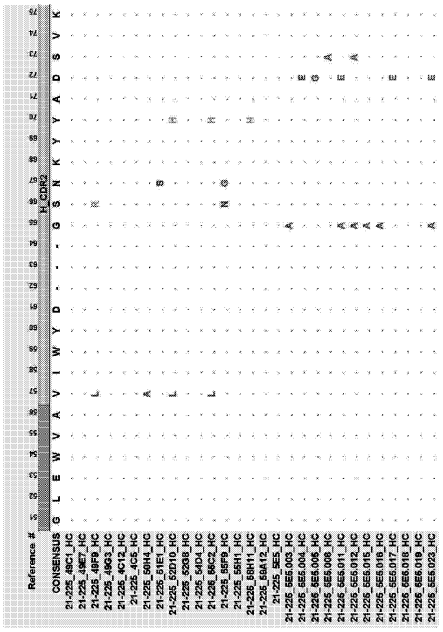
【図５７－５３】



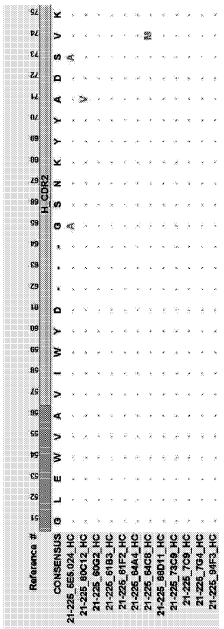
【図５７－５４】



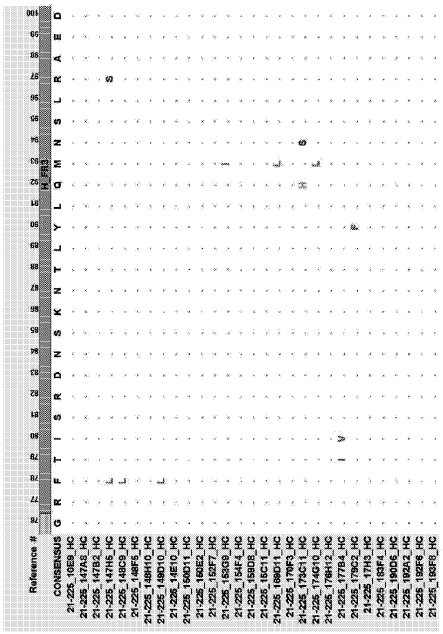
【図５７－５５】



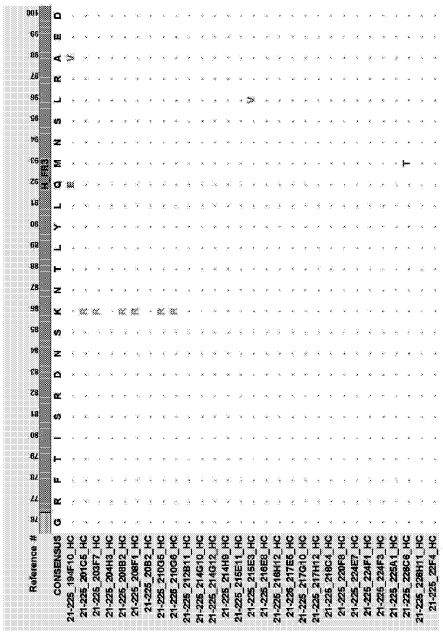
【図５７－５６】



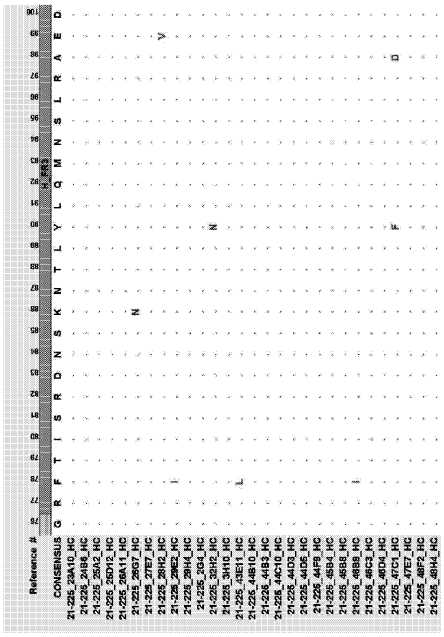
【図５７－５７】



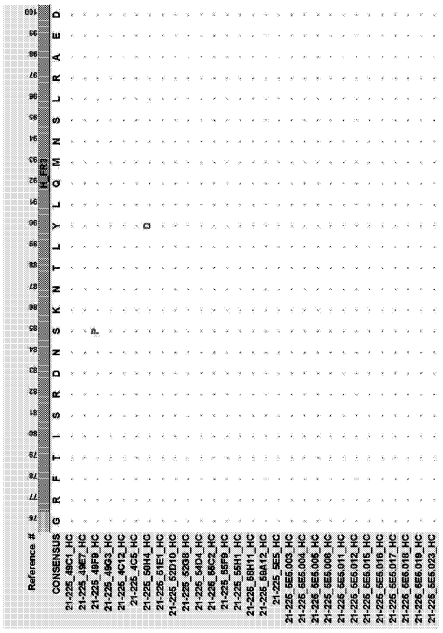
【図５７－５８】



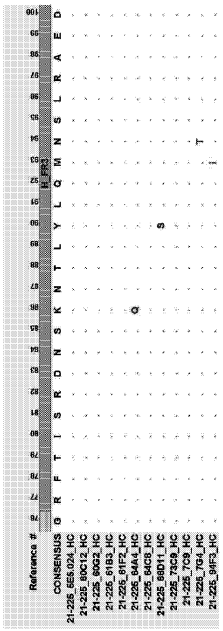
【図５７－５９】



【図５７－６０】



【図５７－６１】



【図５７－６２】

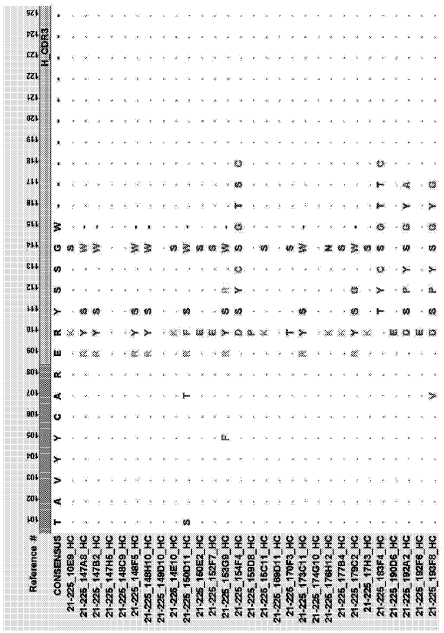


FIGURE 57

【図５７－６３】

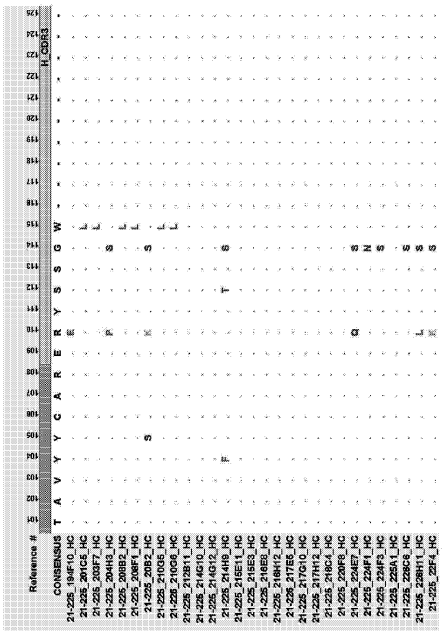


FIGURE 57

【図５７－６４】

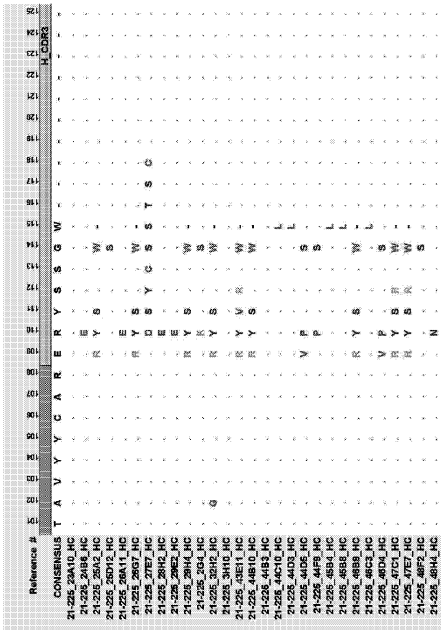


FIGURE 57

【図５７－６５】

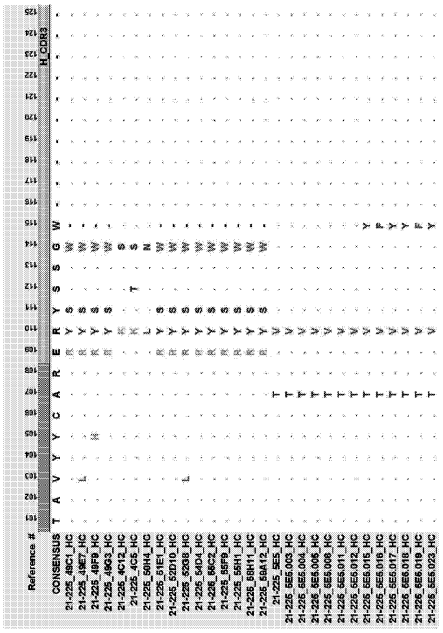
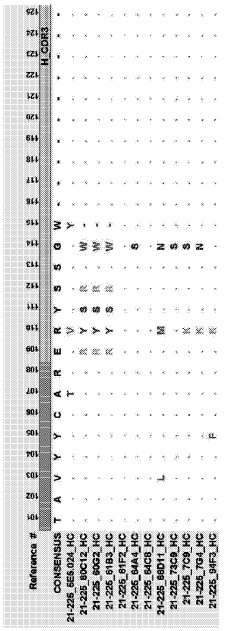
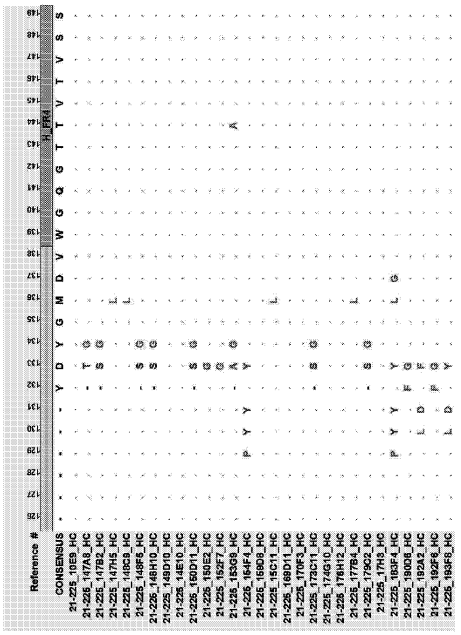


FIGURE 57

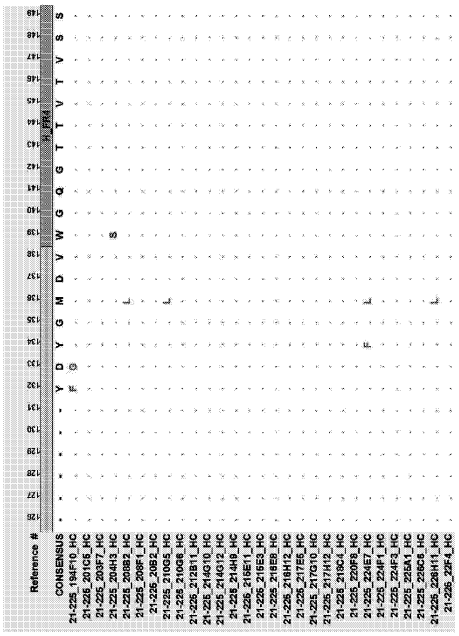
【図５７－６６】



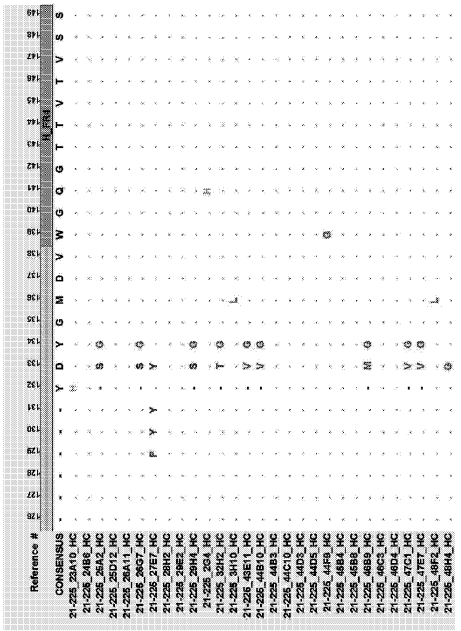
【図５７－６７】



【図５７－６８】

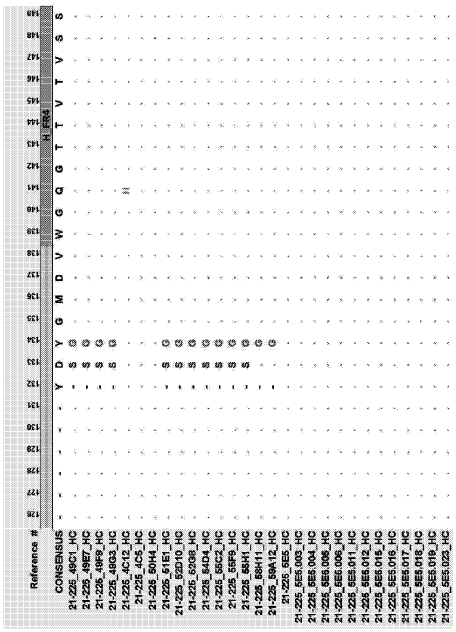


【図５７－６９】



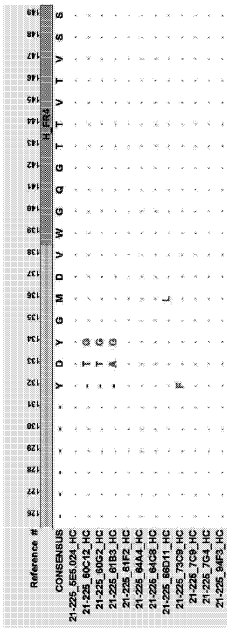
【図５７－７０】

FIGURE 57



【図５７－７１】

FIGURE 57



【図５７－７２】

FIGURE 57

Table 51 Consensus 17-VH3-3-33/D7/2-27/RF2/JH4 (SEQ ID NO: 50268)

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSD-----YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD---
ENNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARELGF----------SDYWGQGTLVTVSS wherein:

D at position 33 can be substituted with S, N or T

Y at position 39 can be substituted with F

M at position 41 can be substituted with I

V at position 57 can be substituted with L

I at position 58 can be substituted with Y, T or M

Y at position 60 can be substituted with F or D

D at position 61 can be substituted with E, A, G or N

E at position 65 can be substituted with G, V, R or D

N at position 66 can be substituted with S, T, D, I or Y

N at position 67 can be substituted with H or K

K at position 68 can be substituted with Q, E, N or R

Y at position 69 can be substituted with H, K, D, R or S

Y at position 70 can be substituted with H

A at position 71 can be substituted with V, G, T, I or E

D at position 72 can be substituted with E

V at position 74 can be substituted with M

K at position 75 can be substituted with R

【図５７－７３】

FIGURE 57

E at position 109 can be substituted with D or G

G at position 111 can be substituted with A

F at position 112 can be substituted with W or M

L at position 135 can be substituted with R, T, Y, S, Q, I, A, E or N

S at position 136 can be substituted with E, G, D, F, N, A or T

D at position 137 can be substituted with E

Y at position 138 can be substituted with S, F or C

Xaa Xaa Gly Xaa His (SEQ ID NO: 50007)

Xaa Xaa Trp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Gly (SEQ ID NO: 50008)

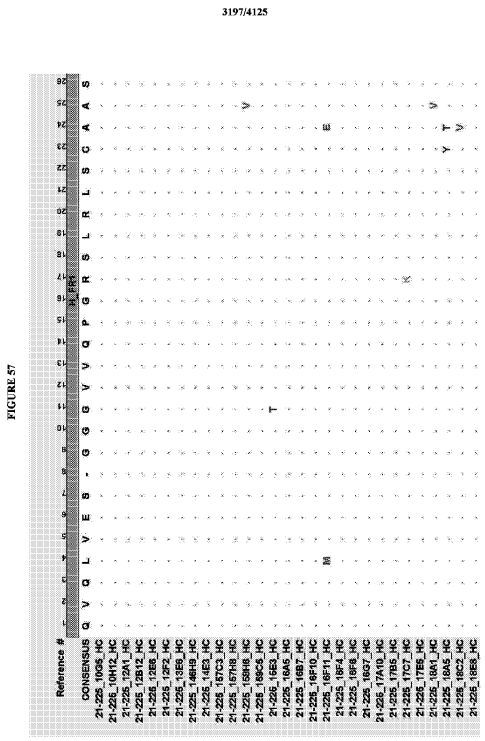
Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50009)

Asp Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50474)

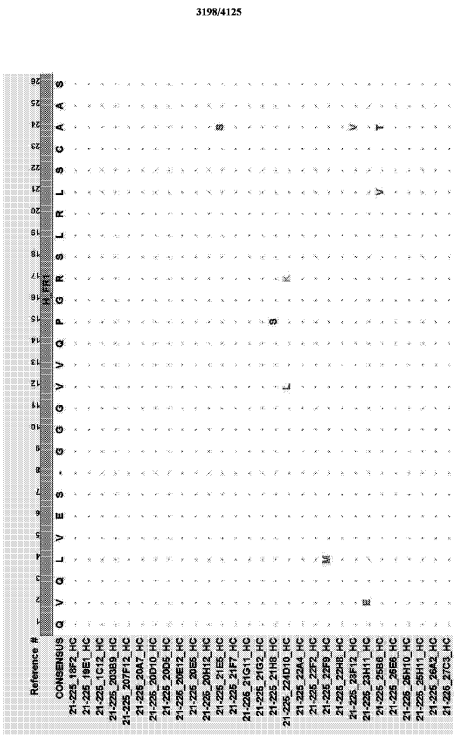
Val Ile Trp Tyr Asp Glu Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50475)

Glu Leu Gly Phe Ser Asp Tyr (SEQ ID NO: 50476)

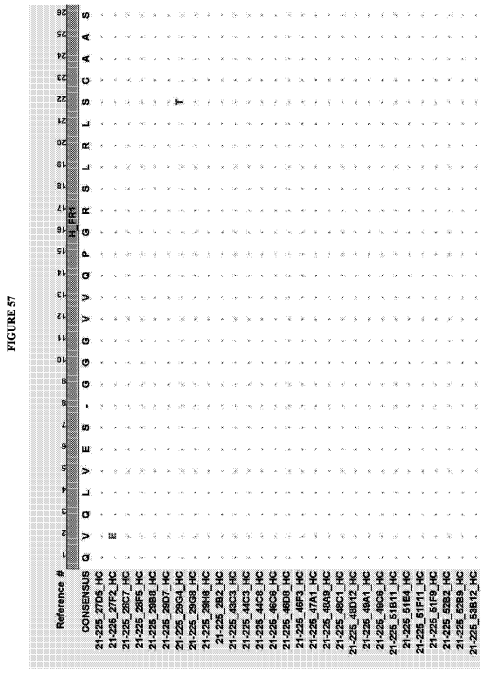
【図５７－７４】



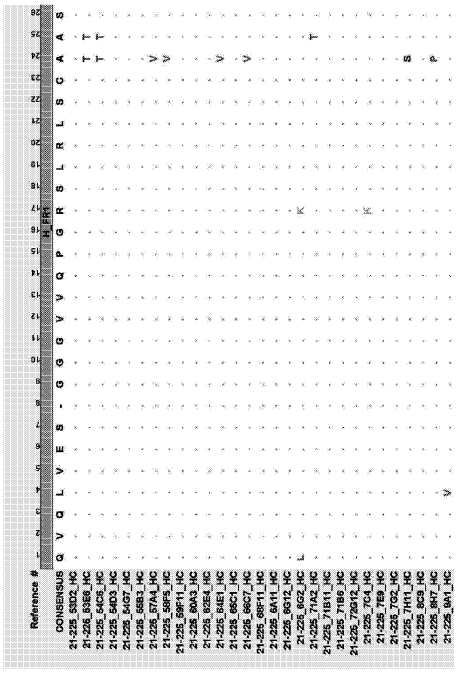
【図５７－７５】



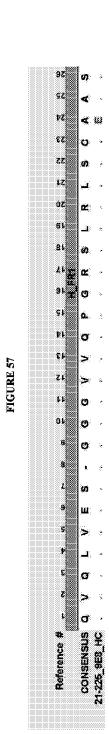
【図５７－７６】



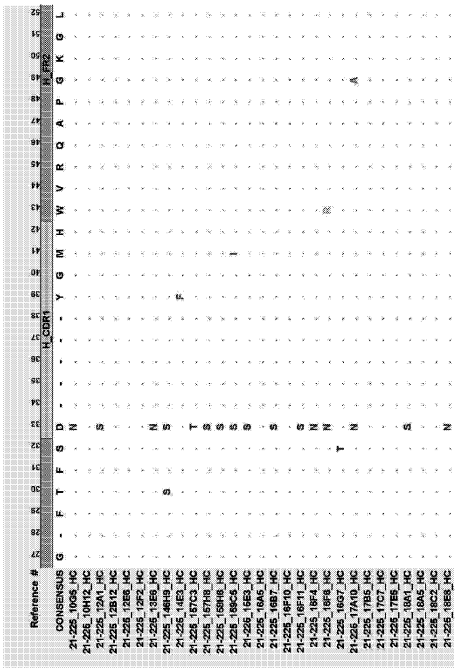
【図５７－７７】



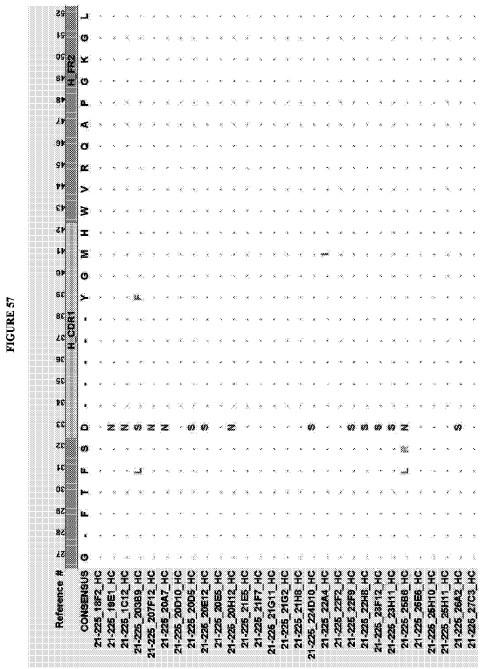
【図５７－７８】



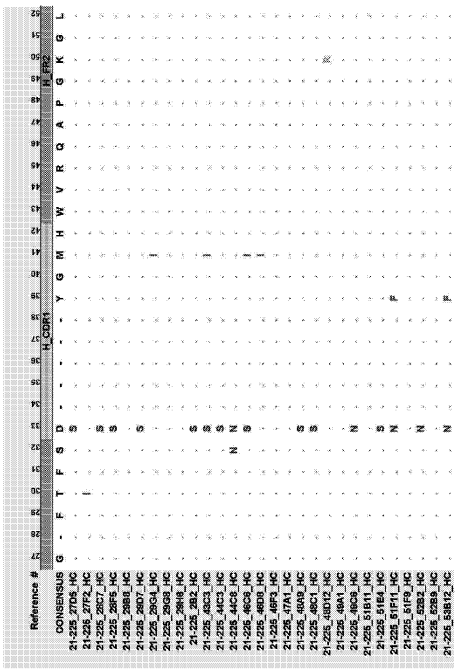
【図５７－７９】



【図５７－８０】

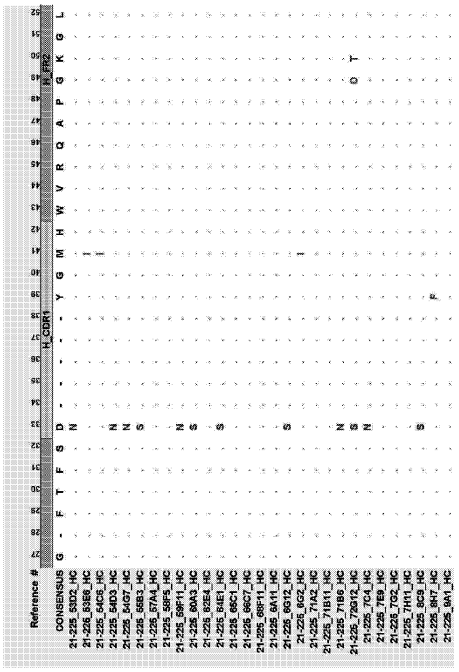


【図５７－８１】



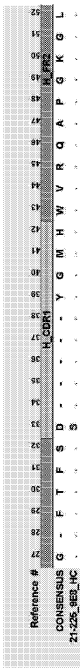
【図５７－８２】

FIGURE 57



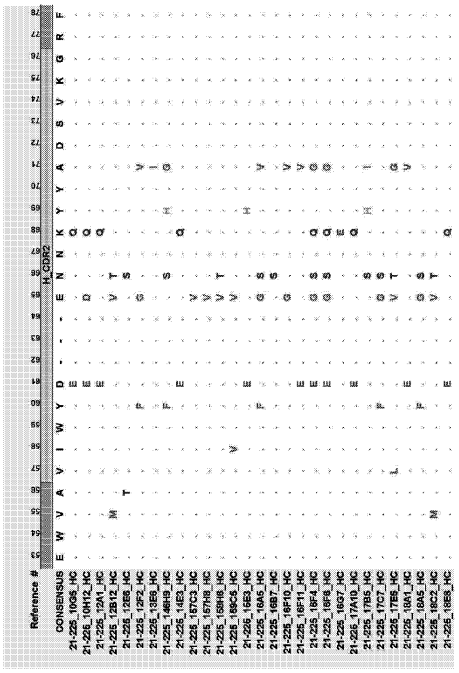
【図５７－８３】

FIGURE 57



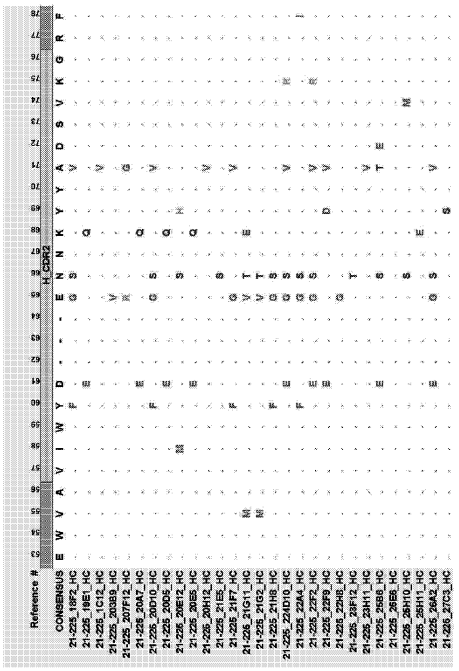
【図５７－８４】

FIGURE 57



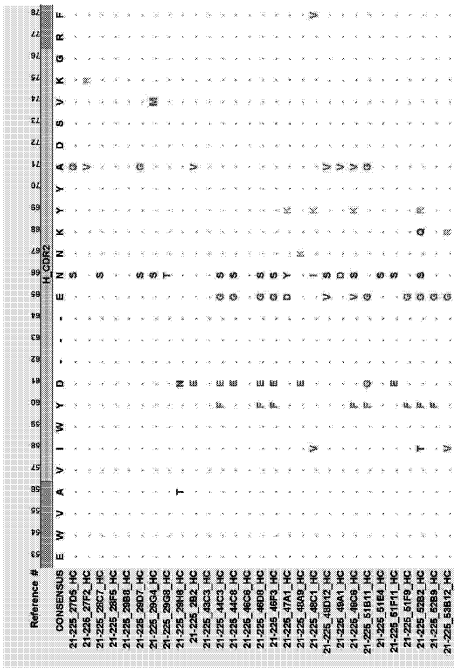
【図５７－８５】

FIGURE 57



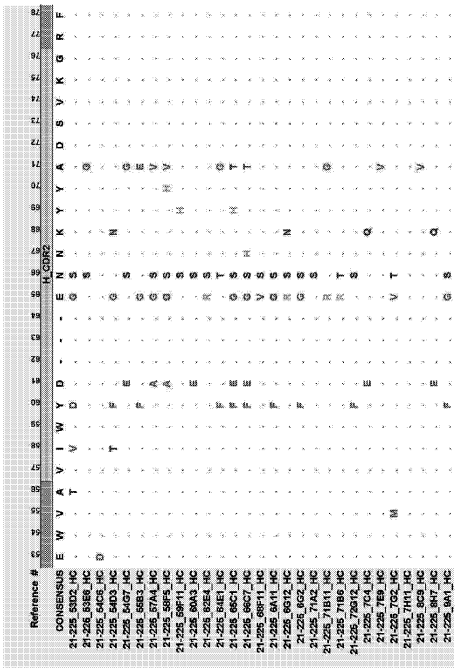
【図５７－８６】

FIGURE 57



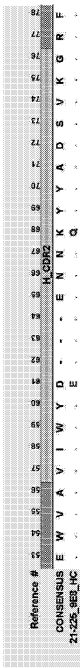
【図５７－８７】

FIGURE 57



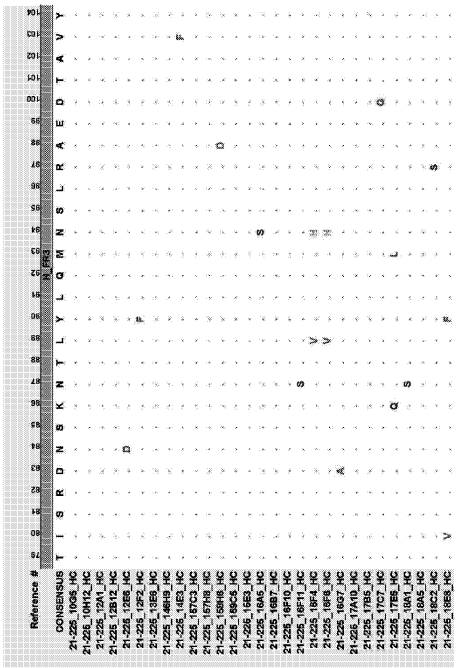
【図５７－８８】

FIGURE 57

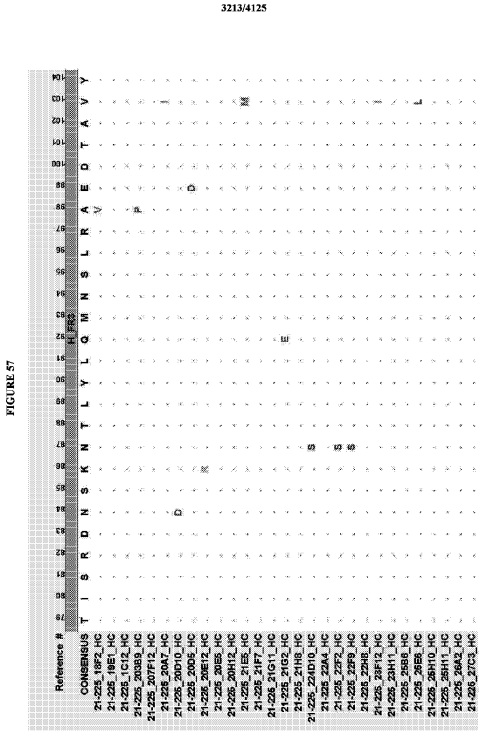


【図５７－８９】

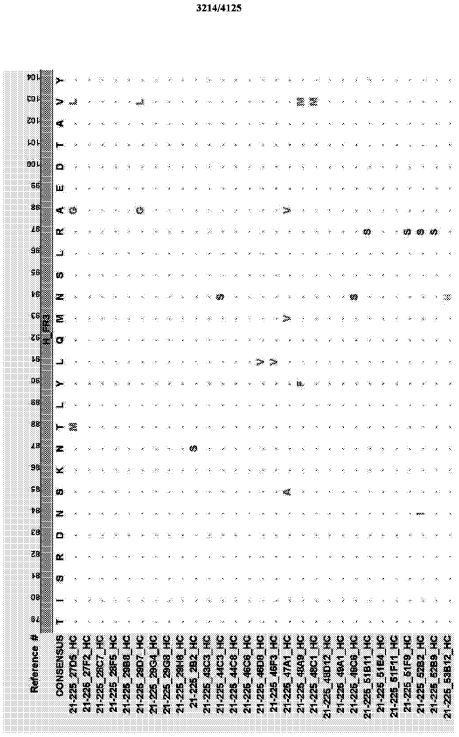
FIGURE 57



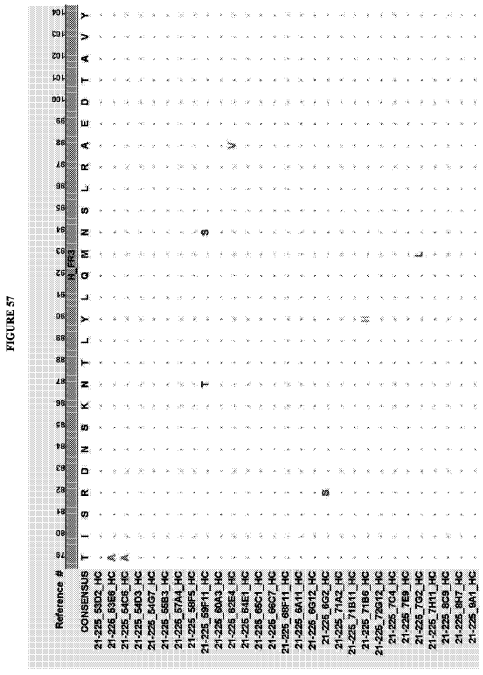
【図５７－９０】



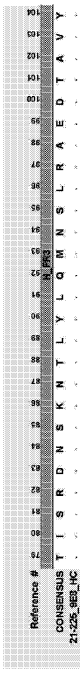
【図５７－９１】



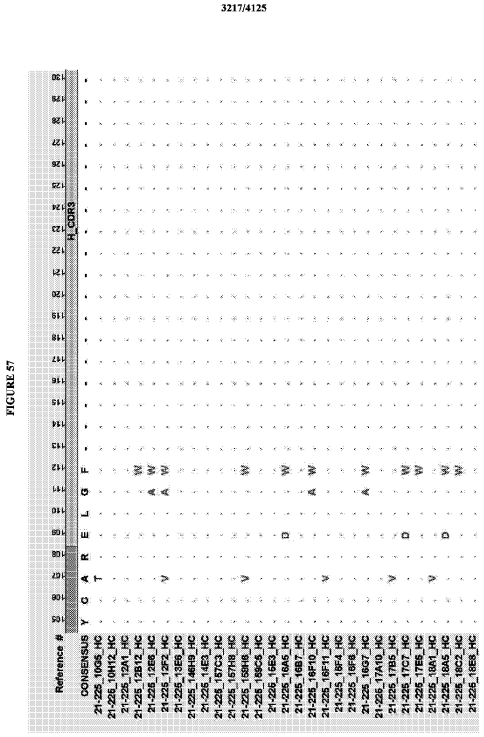
【図５７－９２】



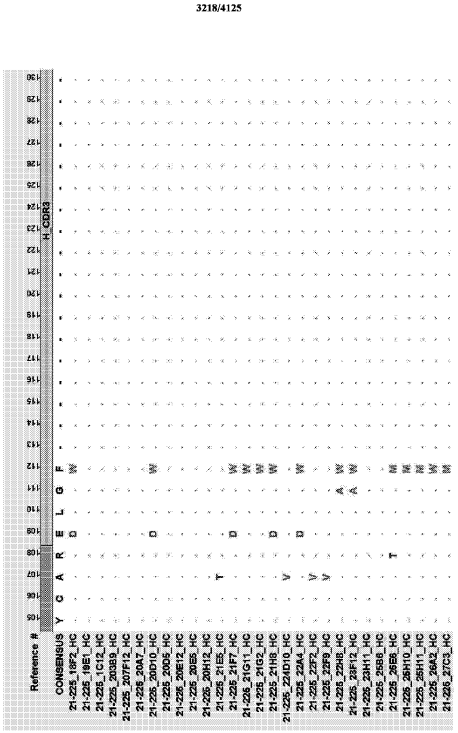
【図５７－９３】



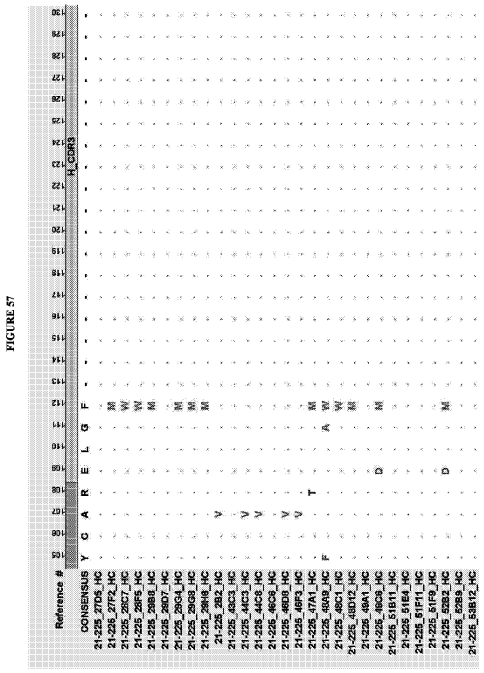
【図５７－９４】



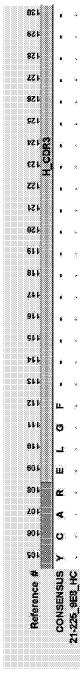
【図５７－９５】



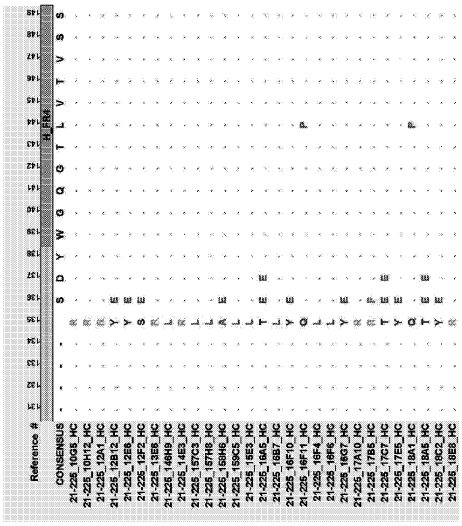
【図５７－９６】



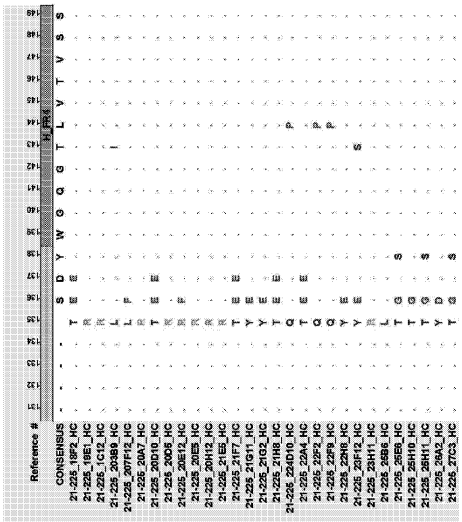
【図５７－９７】



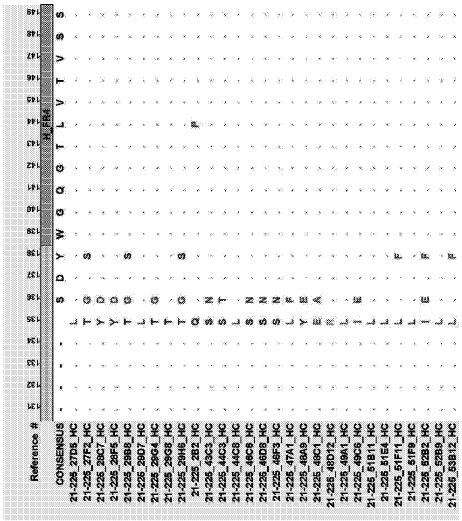
【図５７－９８】



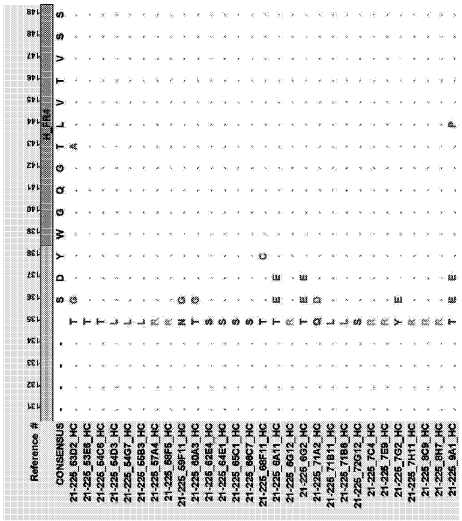
【図５７－９９】



【図５７－１００】

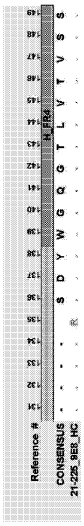


【図５７－１０１】



【図５７－１０２】

FIGURE 57



【図５７－１０３】

FIGURE 57

Table 52. Consensus 18- VH4-34/DH4-17/RF2/JH6 (SEQ ID NO: 50269):

QVQLQQW-GAGLLKPSETLSLTCAVHG-GSFSG----CYWSWIROPPGKGLEWIGEINH----SGSTNYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGG----------MDVWGQGTTVTVSS wherein:

C at position 39 can be substituted with S, P or Y

H at position 60 can be substituted with Y or Q

S at position 65 can be substituted with R

S at position 67 can be substituted with R, C, or I

N at position 69 can be substituted with S

Y at position 70 can be substituted with F

K at position 75 can be substituted with T

M at position 136 can be substituted with L or I

Gly Xaa Tyr Trp Ser (SEQ ID NO: 50010)

Glu Ile Asn Xaa Xaa Gly Xaa Thr Xaa Xaa Asn Pro Ser Leu Xaa Ser (SEQ ID NO: 50011)

Asp Tyr Gly Gly Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50012)

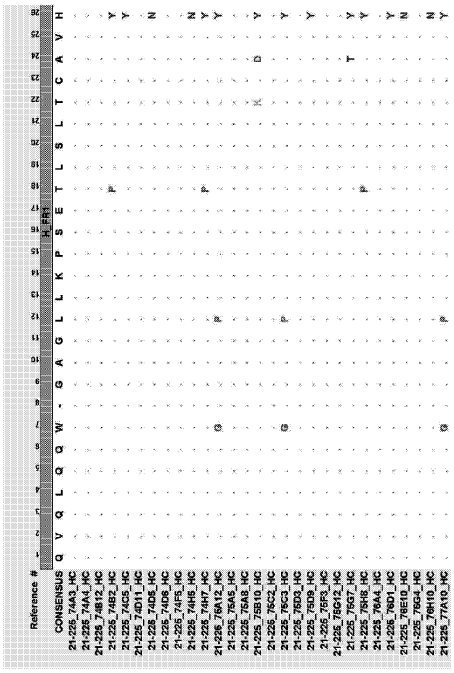
Gly Cys Tyr Trp Ser (SEQ ID NO: 50477)

Glu Ile Asn His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50478)

Asp Tyr Gly Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50479)

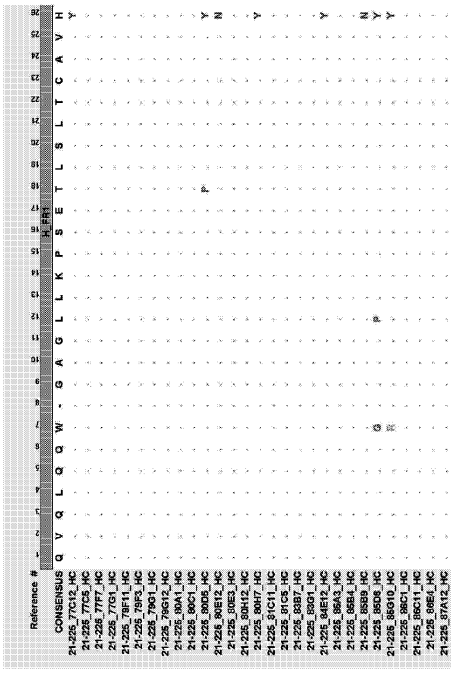
【図５７－１０４】

FIGURE 57

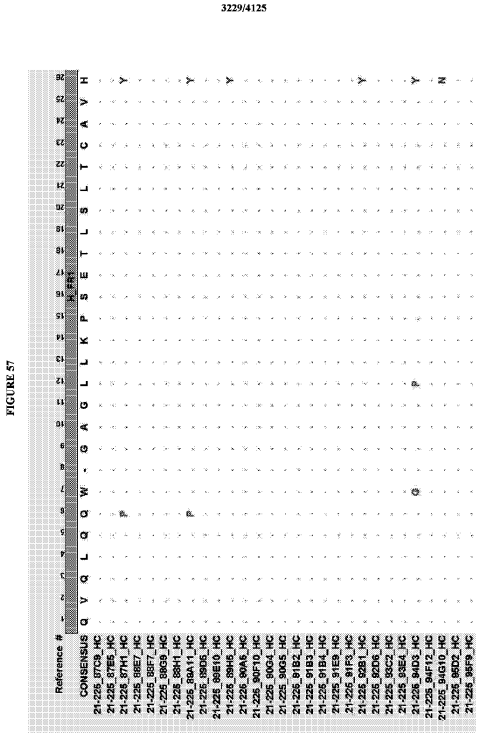


【図５７－１０５】

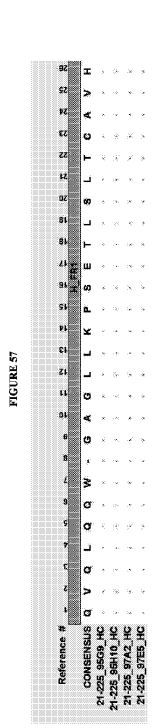
FIGURE 57



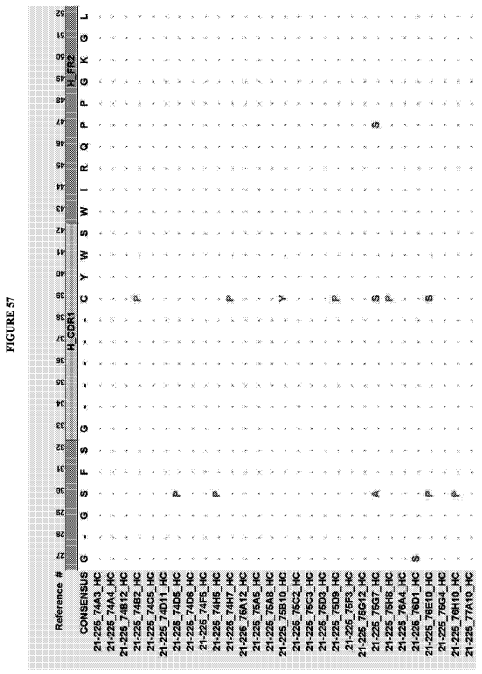
【図５７－１０６】



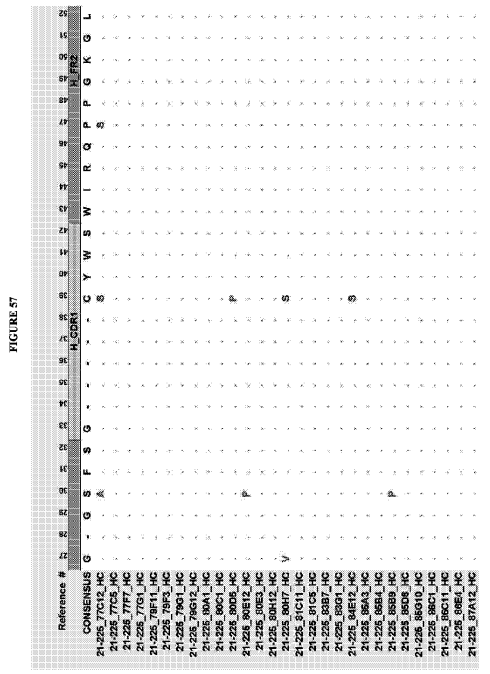
【図５７－１０７】



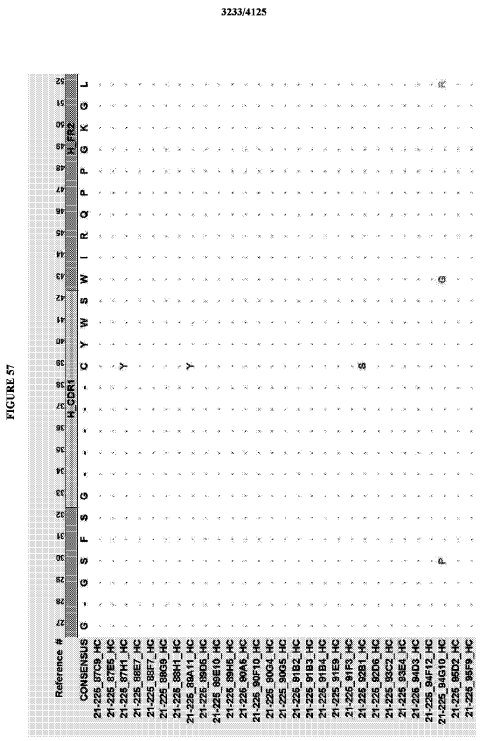
【図５７－１０８】



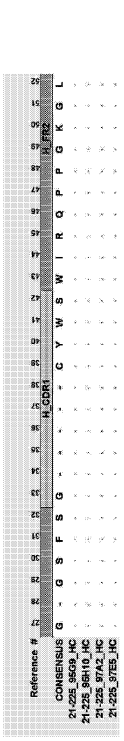
【図５７－１０９】



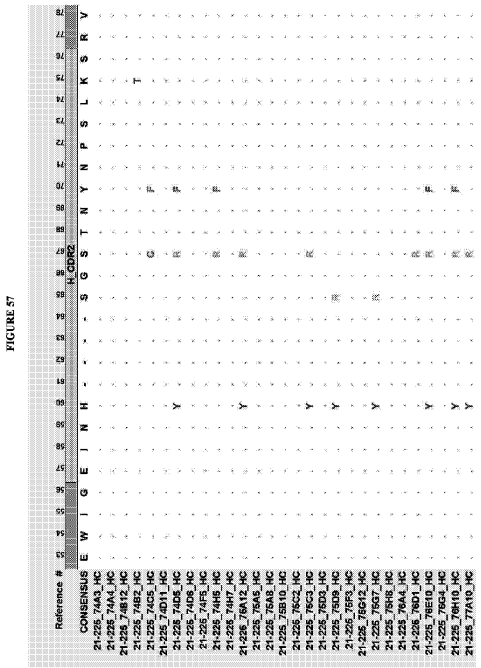
【図５７－１１０】



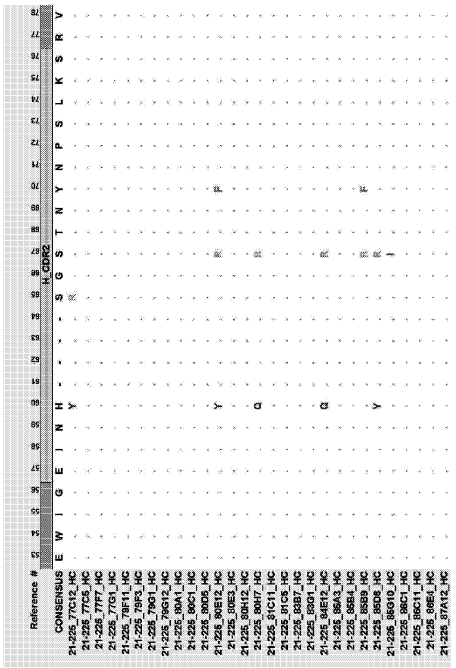
【図５７－１１１】



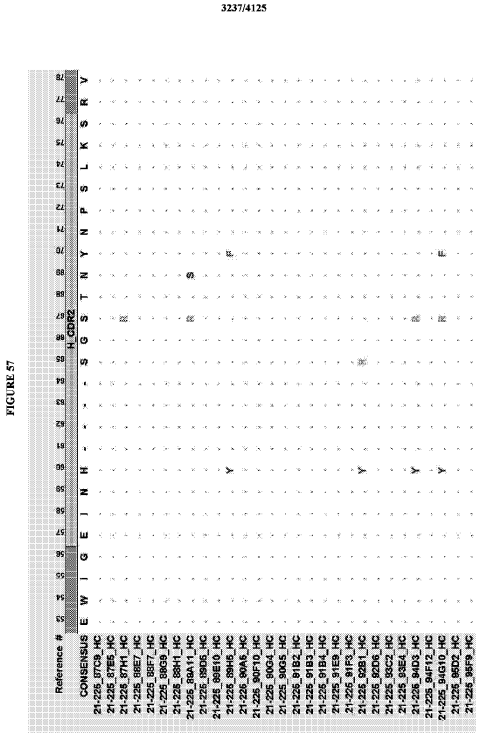
【図５７－１１２】



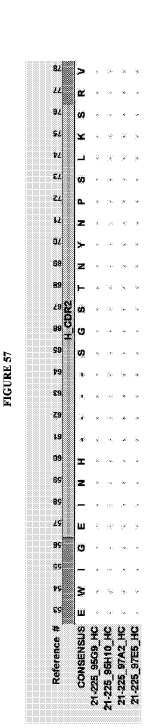
【図５７－１１３】



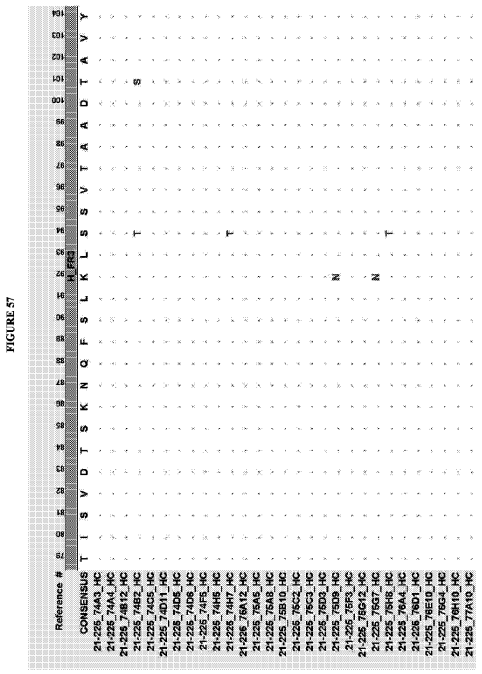
【図５７－１１４】



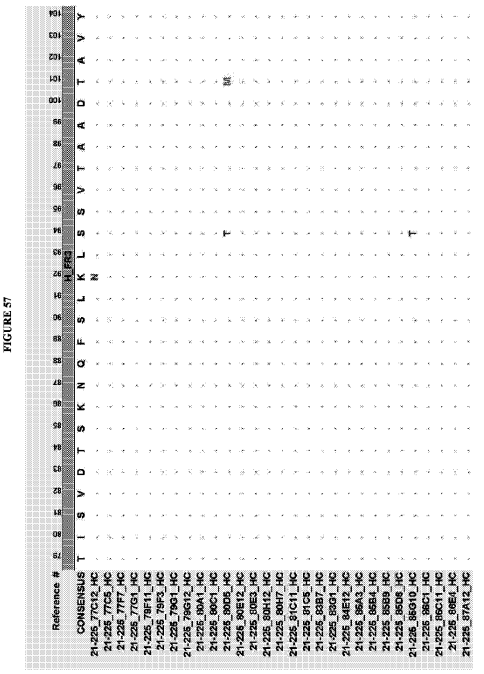
【図５７－１１５】



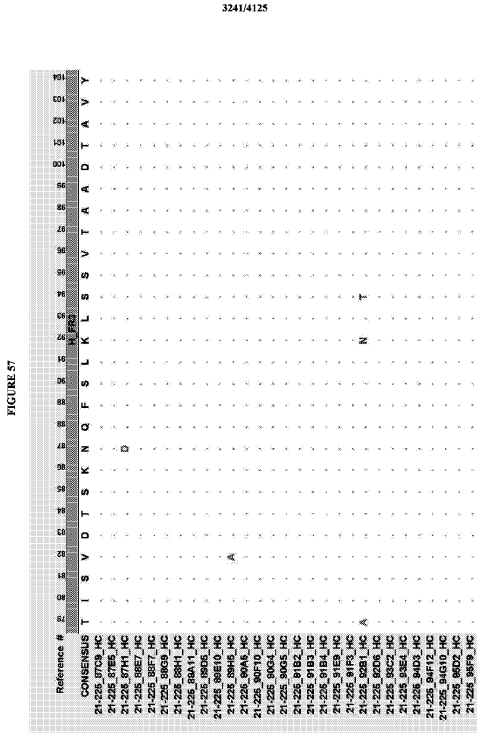
【図５７－１１６】



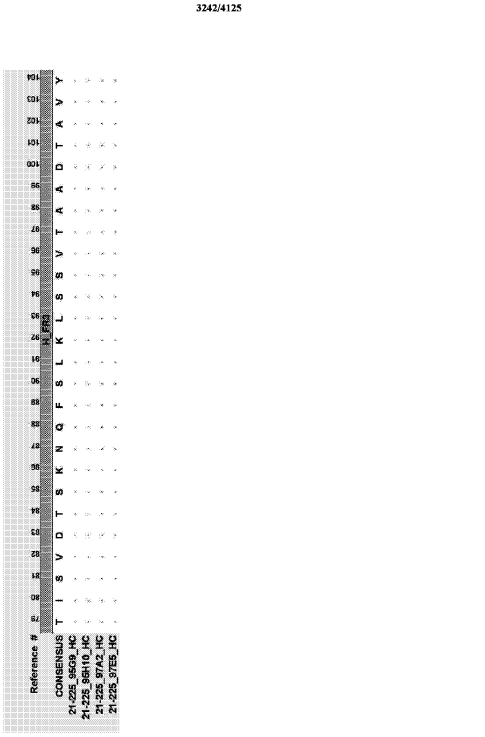
【図５７－１１７】



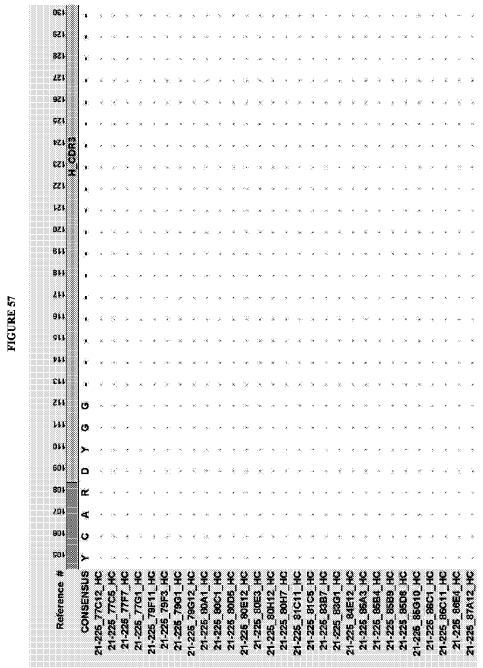
【図５７－１１８】



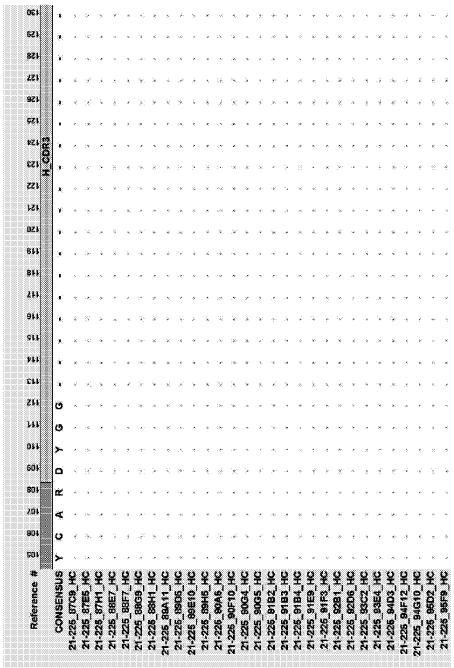
【図５７－１１９】



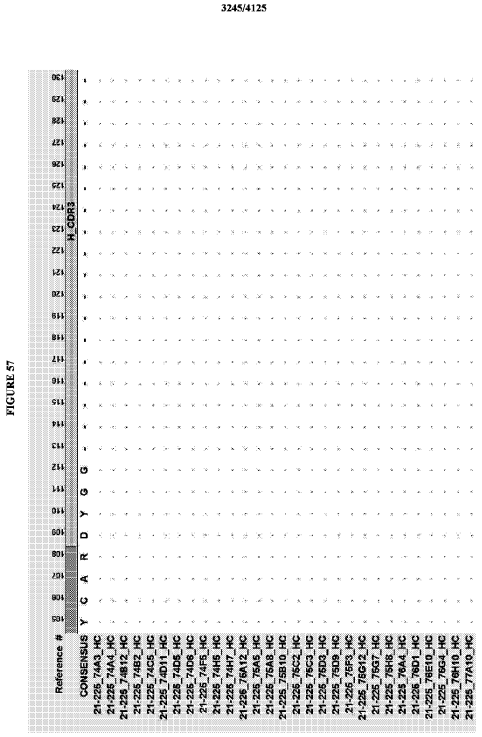
【図５７－１２０】



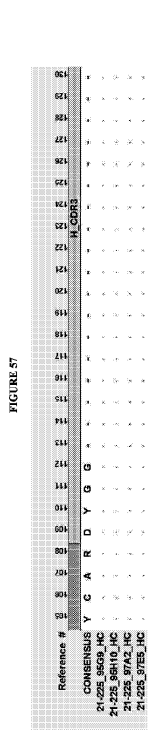
【図５７－１２１】



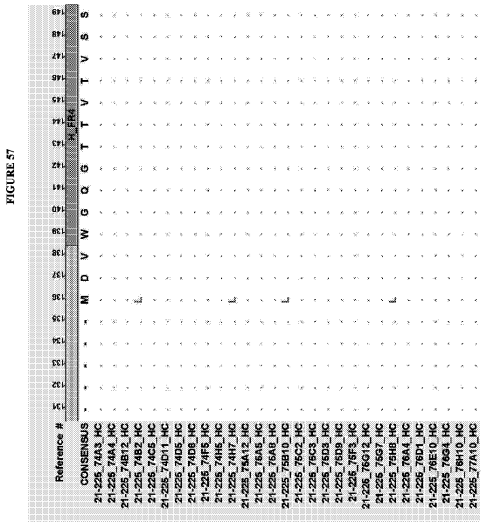
【図５７－１２２】



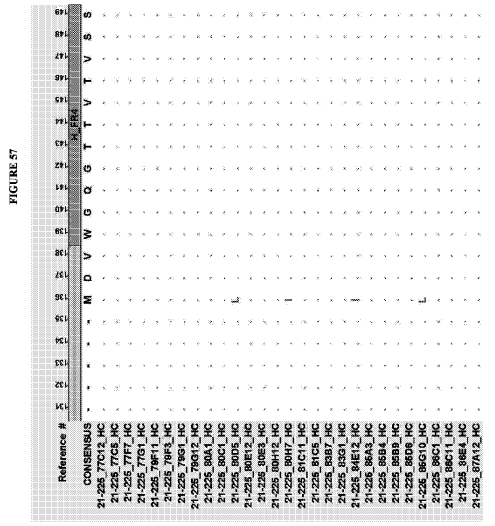
【図５７－１２３】



【図５７－１２４】

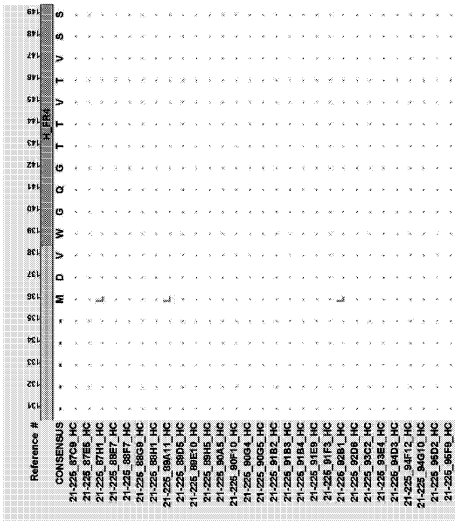


【図５７－１２５】



【図５７－１２６】

FIGURE 57



【図５７－１２７】

FIGURE 57

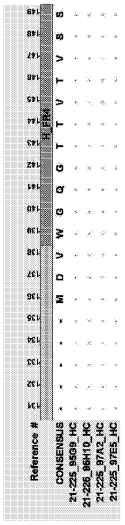


Table 53. Consensus 19-YHHH1-08/D6i6-19/RF1/JH5 (SEQ ID NO: 50270):

QVQLVQS-GAEVKKPGASVKVSCKASG-YTFTN----YDINWVRQATGQGLEWMGWMHPN----
SGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAISSGWY----------WFDPWGQGTLVTVSS wherein:

H at position 59 can be substituted with N, or Y

N at position 61 can be substituted with D

S at position 65 can be substituted with N

G at position 66 can be substituted with V

N at position 67 can be substituted with S

T at position 68 can be substituted with I

Y at position 70 can be substituted with F, or C

G at position 76 can be substituted with D

Y at position 113 can be substituted with H, N, S, or K

【図５７－１２８】

FIGURE 57

W at position 135 can be substituted with R

Asn Tyr Asp Ile Asn (SEQ ID NO: 50013)

Trp Met Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Ala Gln Lys Phe Gln Xaa (SEQ ID NO: 50014)

Ser Ser Gly Trp Xaa Xaa Phe Asp Pro (SEQ ID NO: 50015)

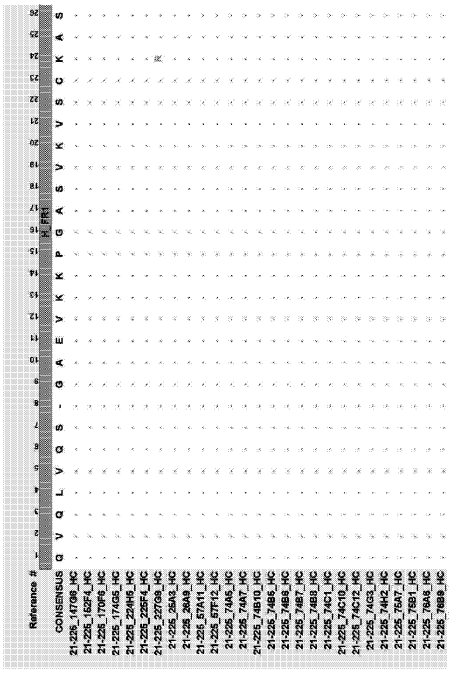
Asn Tyr Asp Ile Asn (SEQ ID NO: 50480)

Trp Met His Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50481)

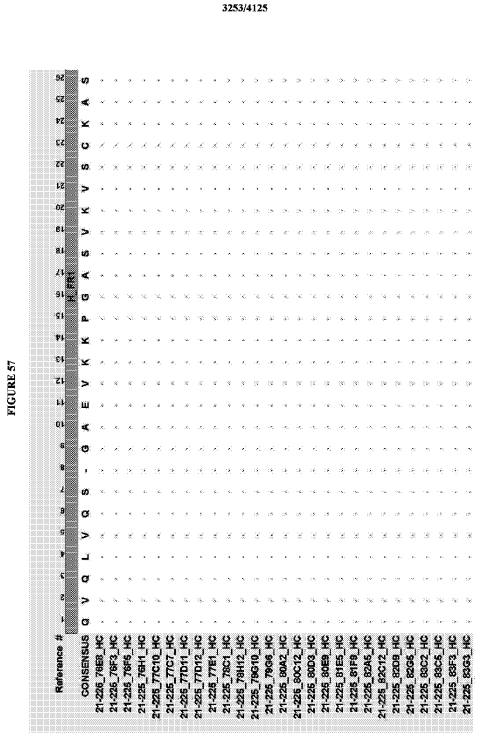
Ser Ser Gly Trp Tyr Trp Phe Asp Pro (SEQ ID NO: 50482)

【図５７－１２９】

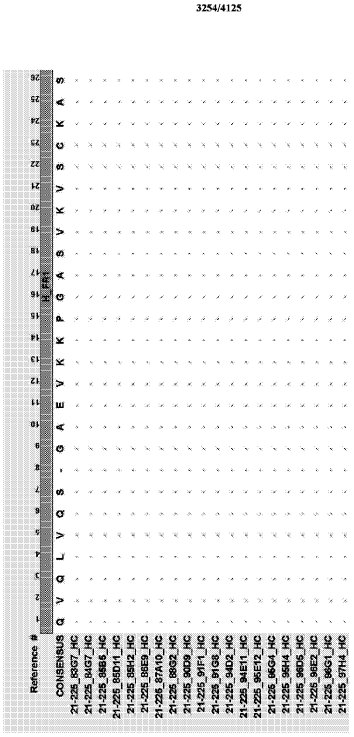
FIGURE 57



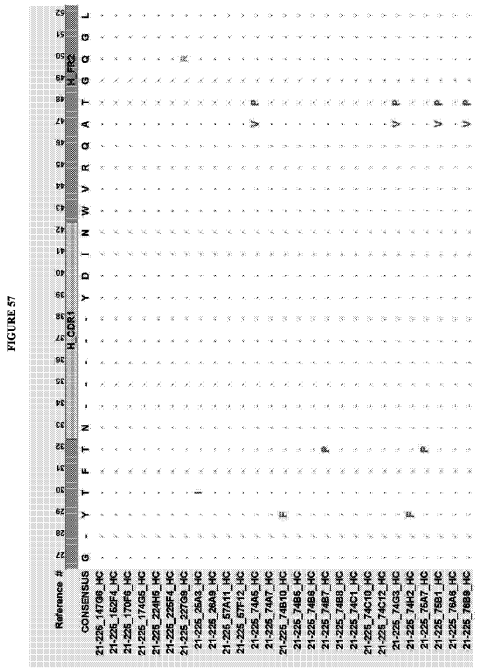
【図５７－１３０】



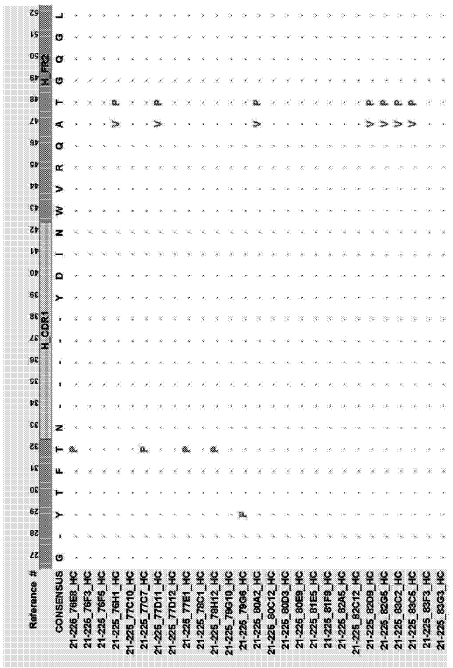
【図５７－１３１】



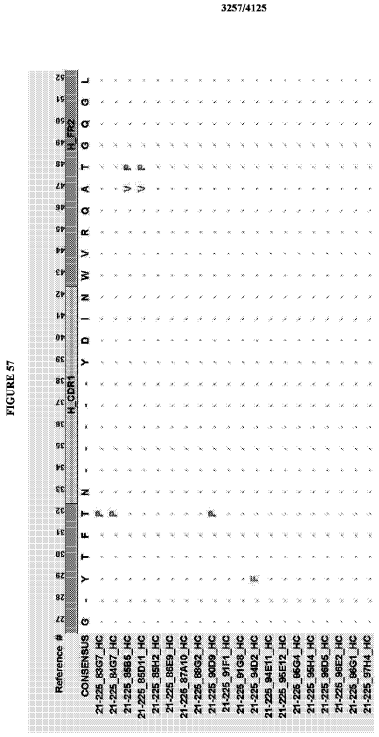
【図５７－１３２】



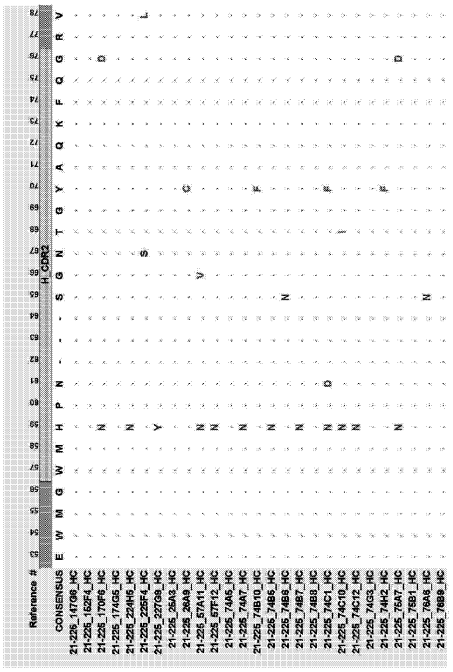
【図５７－１３３】



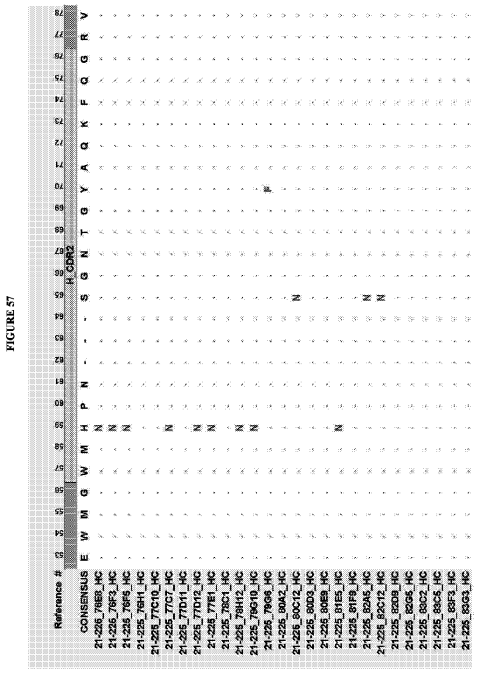
【図５７－１３４】



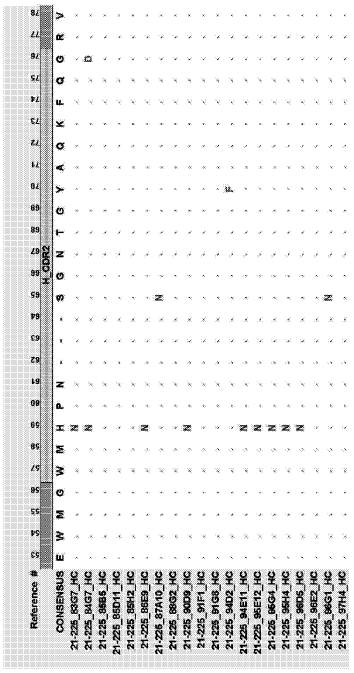
【図５７－１３５】



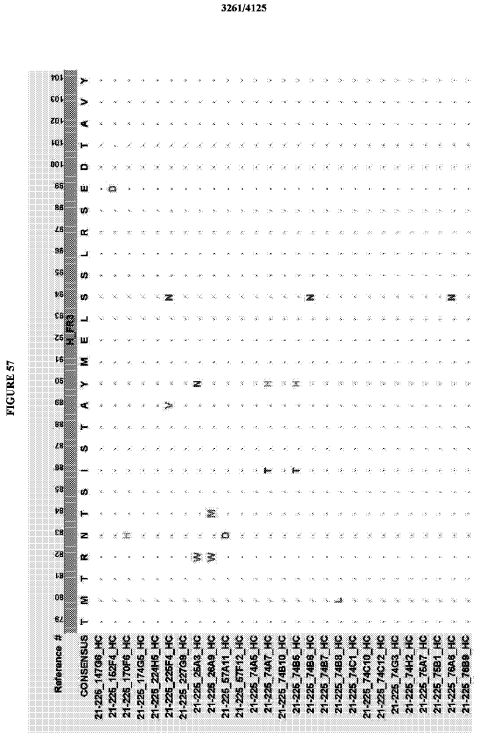
【図５７－１３６】



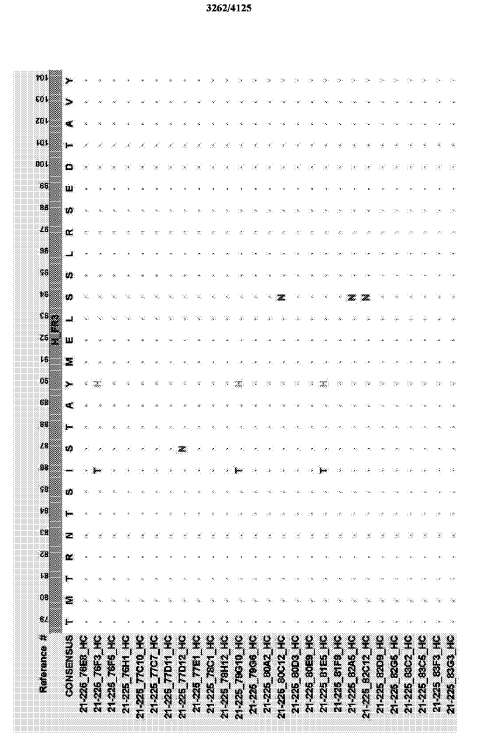
【図５７－１３７】



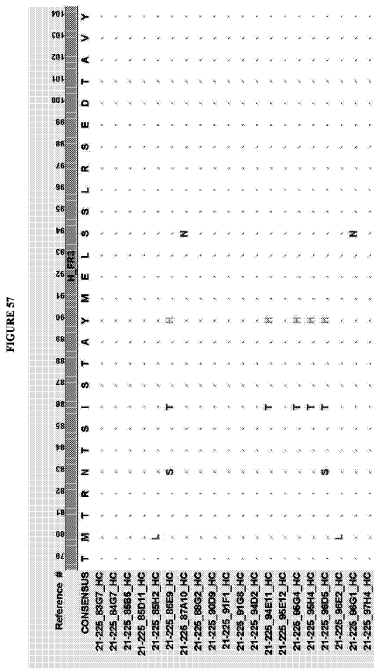
【図５７－１３８】



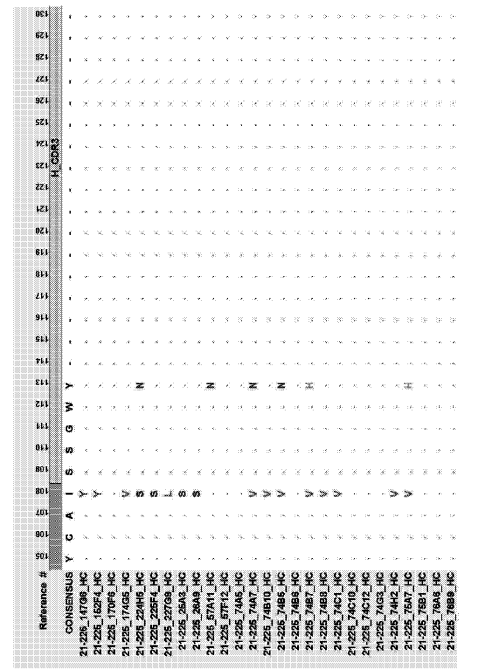
【図５７－１３９】



【図５７－１４０】



【図５７－１４１】



【図５７－１４２】

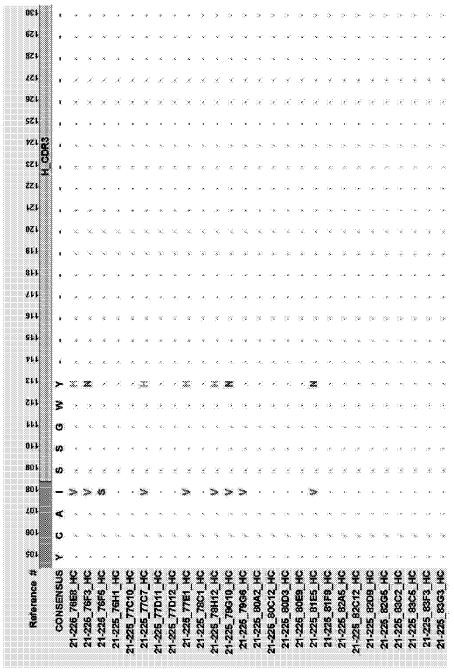


FIGURE 57

【図５７－１４３】

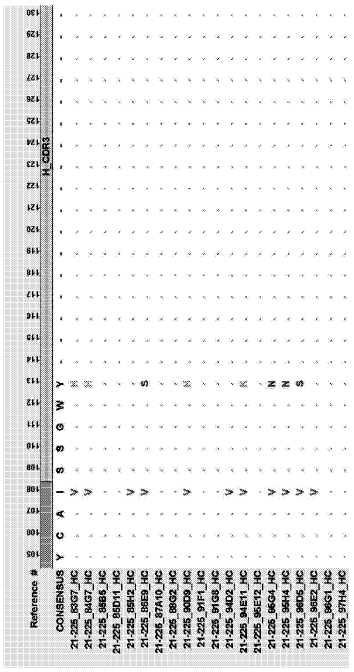


FIGURE 57

【図５７－１４４】

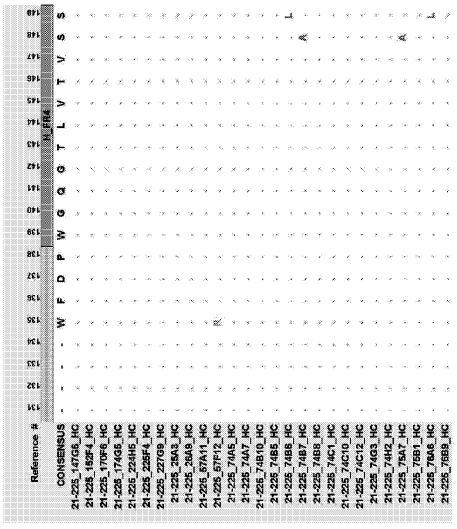


FIGURE 57

【図５７－１４５】

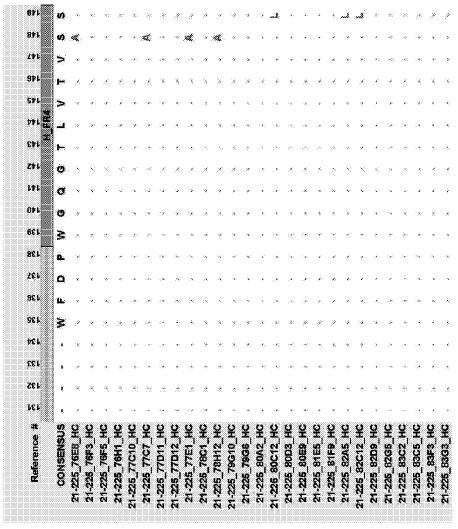
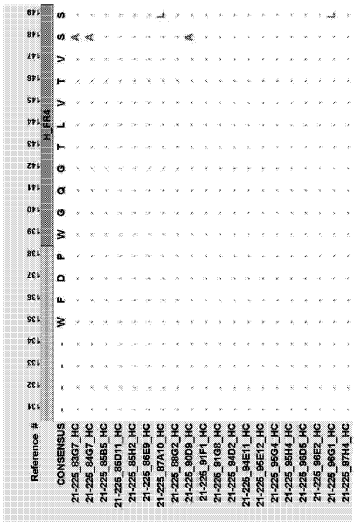
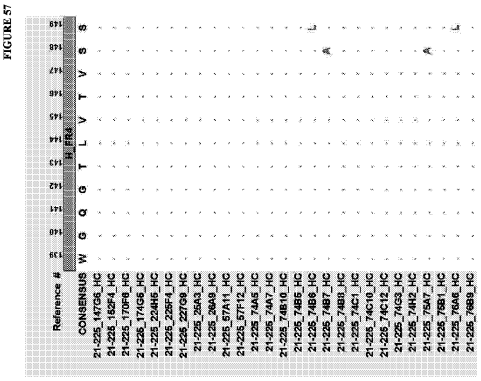


FIGURE 57

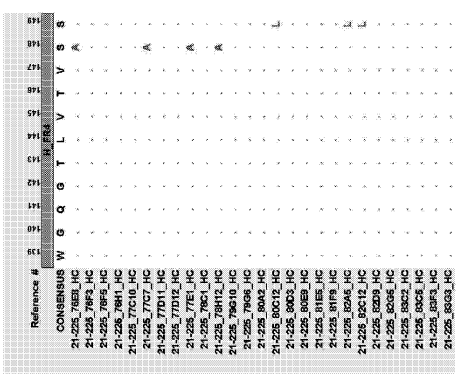
【図５７－１４６】



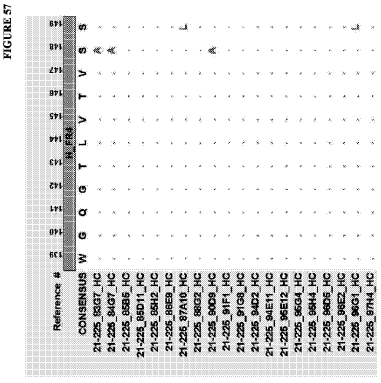
【図５７－１４７】



【図５７－１４８】



【図５７－１４９】



【図５７－１５０】

FIGURE 57

Table 54. Consensus 20- VH3/3-33/D4H-17/JRF2/JH6 (SEQ ID NO: 50271).

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSS------YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD---GSNKNYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGYGY----------YGLDYWGQGTTVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with N, R, T or I

Y at position 39 can be substituted with H or N

H at position 42 can be substituted with D

V at position 57 can be substituted with I

I at position 58 can be substituted with L

Y at position 60 can be substituted with F

S at position 66 can be substituted with T

K at position 68 can be substituted with E, Q, D or R

N at position 69 can be substituted with H or Y

Y at position 70 can be substituted with H

A at position 71 can be substituted with V or G

D at position 72 can be substituted with E

D at position 109 can be substituted with A

Q at position 110 can be substituted with R, Y, H, A, C, F, F or M

V at position 112 can be substituted with I or F

G at position 113 can be substituted with Y

【図５７－１５１】

FIGURE 57

Y at position 114 can be substituted with E

null (-) at position 115 can be substituted with F

null (-) at position 116 can be substituted with D

null (-) at position 131 can be substituted with Y

null (-) at position 132 can be substituted with Y

null (-) at position 133 can be substituted with N

Y at position 134 can be substituted with D, or N

G at position 135 can be substituted with A or D

L at position 136 can be substituted with M, T or I

Xaa Xaa Gly Met Xaa (SEQ ID NO: 50016)

Xaa Xaa Trp Xaa Asp Gly Xaa Asn Xaa Xaa Xaa Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50017)

Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50018)

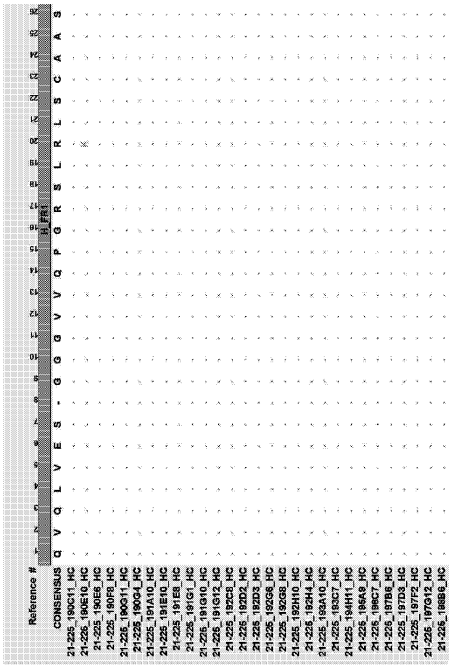
Ser Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50483)

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50484)

Asp Gln Gly Val Gly Tyr Tyr Gly Leu Asp Val (SEQ ID NO: 50485)

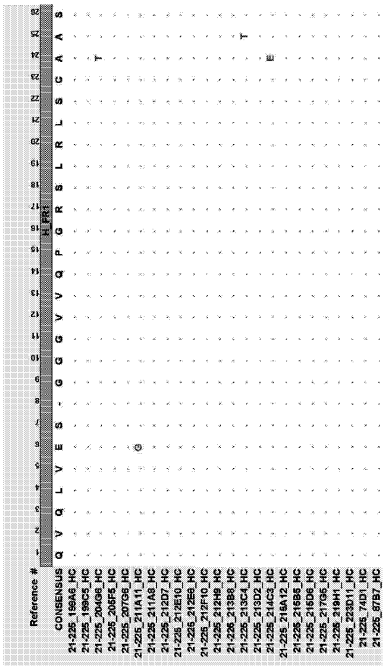
【図５７－１５２】

FIGURE 57

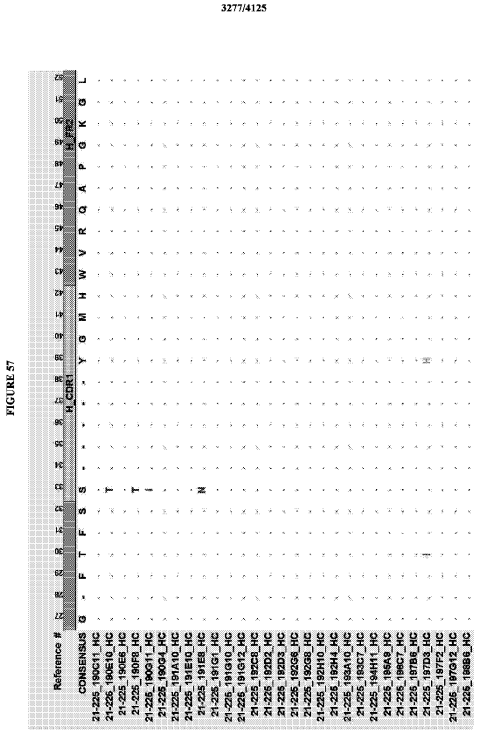


【図５７－１５３】

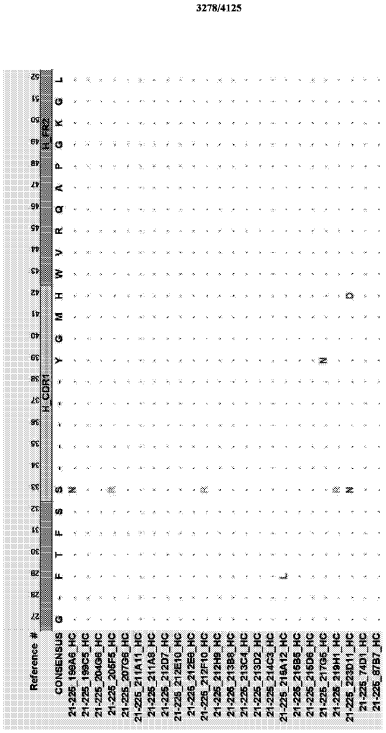
FIGURE 57



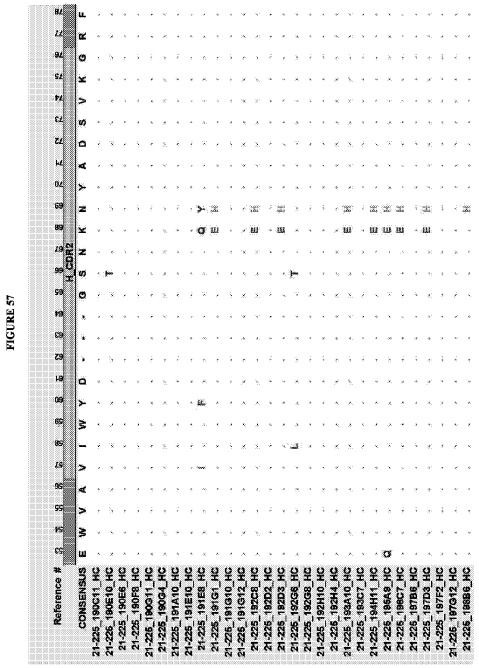
【図５７－１５４】



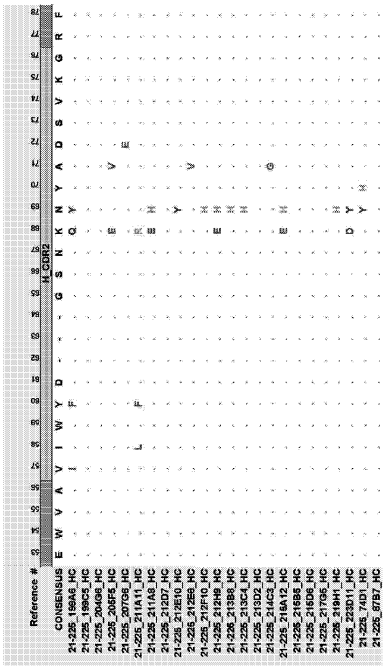
【図５７－１５５】



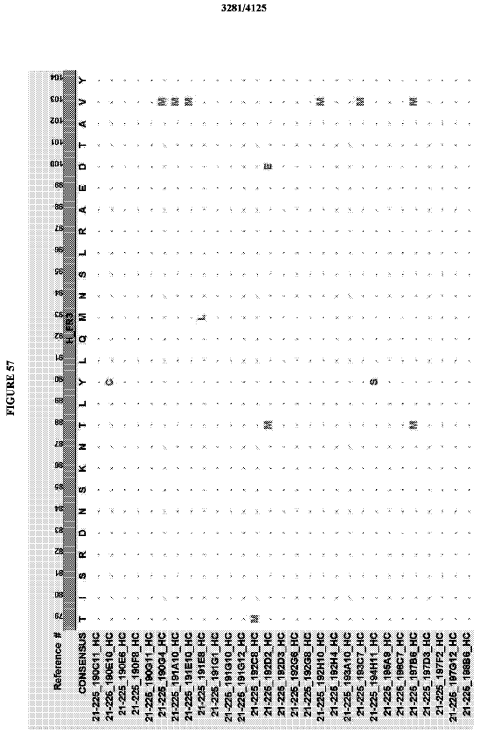
【図５７－１５６】



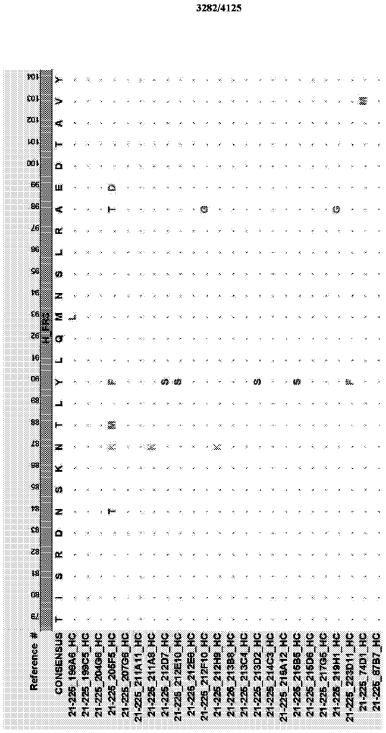
【図５７－１５７】



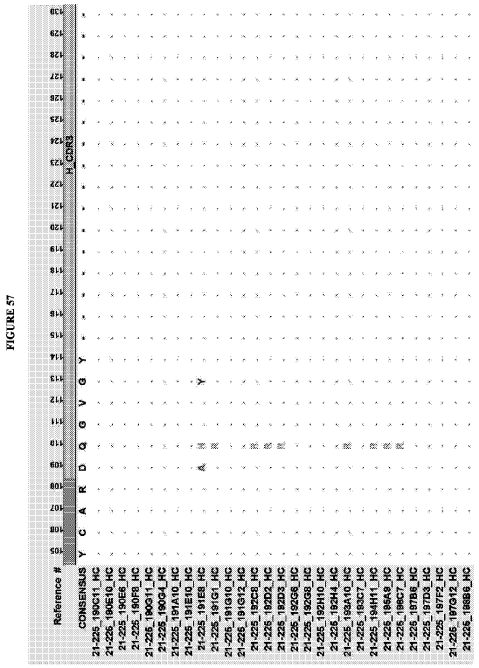
【図５７－１５８】



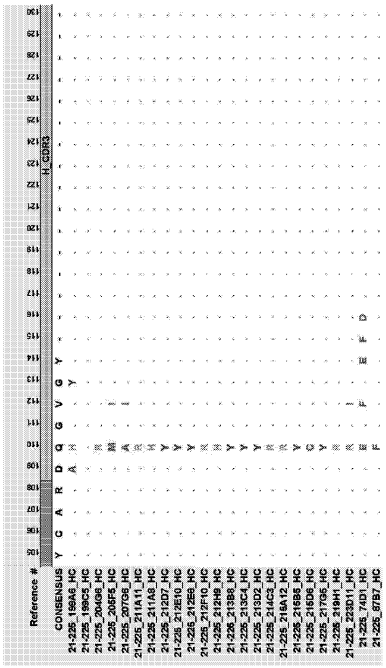
【図５７－１５９】



【図５７－１６０】

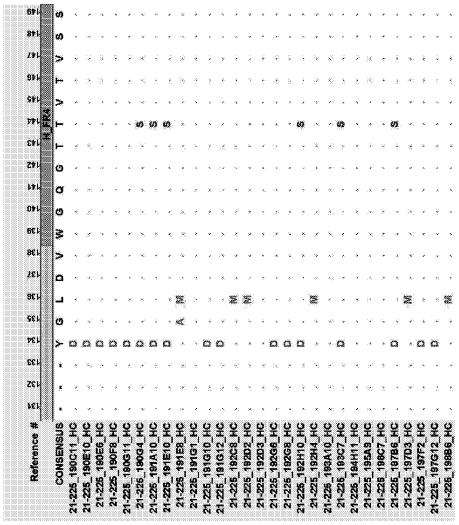


【図５７－１６１】



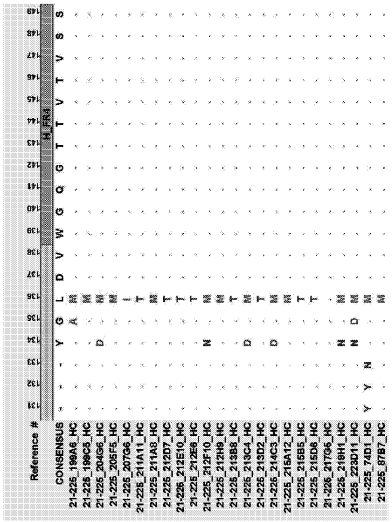
【図５７－１６２】

FIGURE 57



【図５７－１６３】

FIGURE 57



【図５７－１６４】

FIGURE 57

Table 55. Consensus 21-YH1142/DJL-JRFUJH4 (SEQ ID NO: 50272):

QVQLVQS-GAEVKKPGASVKVSCKASG-YTFTG-----YYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN---
SGGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARDGTS----------SFDYWGQGTLVTVSS wherein:

G at position 33 can be substituted with D, S or A

Y at position 39 can be substituted with D

Y at position 40 can be substituted with H, N or F

M at position 41 can be substituted with L or I

H at position 42 can be substituted with Q

I at position 58 can be substituted with V

N at position 59 can be substituted with H, K or S

N at position 61 can be substituted with K

S at position 65 can be substituted with N, R or T

G at position 66 can be substituted with N or D

G at position 67 can be substituted with A

T at position 68 can be substituted with S

N at position 69 can be substituted with H, Q or I

Y at position 70 can be substituted with S or F

A at position 71 can be substituted with T

K at position 73 can be substituted with R, N, E or S

G at position 76 can be substituted with D

【図５７－１６５】

FIGURE 57

１０９位置のＤは、Ｋ、Ｇ、Ｓまたはエで置換されていてもよく、

１１０位置のＧは、Ｆ、Ａ、Ｋまたはバで置換されていてもよく、

１１１位置のＴは、ヌル（－）またはＰで置換されていてもよく、

１１２位置のＳは、Ｇ、ヌル（－）またはＴで置換されていてもよく、

１１３位置のヌル（－）は、ＶまたはＳで置換されていてもよく、

１１４位置のヌル（－）は、Ａで置換されていてもよく、

１１５位置のヌル（－）は、Ｔで置換されていてもよく、

１３３位置のヌル（－）は、Ｗで置換されていてもよく、

１３４位置のヌル（－）は、Ｇで置換されていてもよく、

１３５位置のＳは、ヌル（－）、ＶまたはＹで置換されていてもよく、

１３６位置のＦは、ヌル（－）、ＬまたはＹで置換されていてもよく、

１３７位置のＤは、Ｇまたはｋで置換されていてもよく、

１３８位置のＹは、Ｄまたはｆで置換されていてもよい

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50019)

Trp Xaa Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gln Xaa Phe Gln Xaa (SEQ ID NO: 50020)

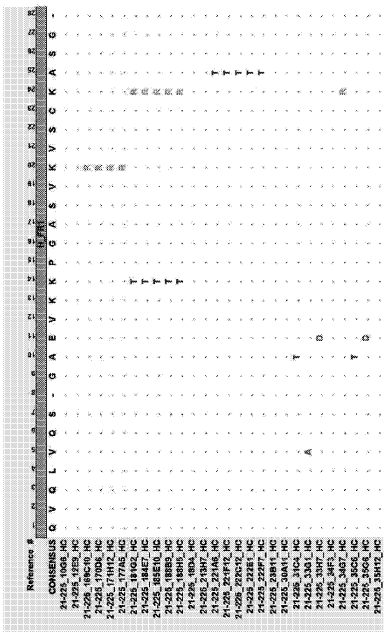
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50021)

Gly Tyr Tyr Met His (SEQ ID NO: 50486)

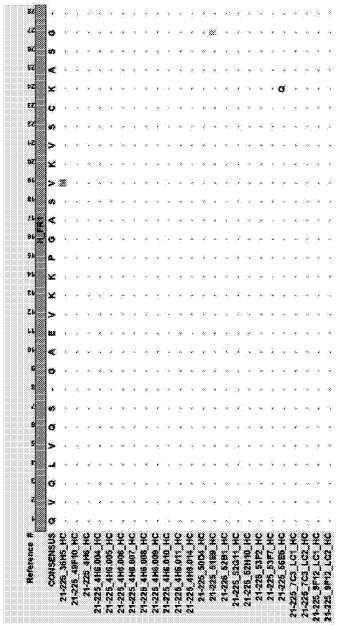
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50487)

Asp Gly Thr Ser Ser Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50488)

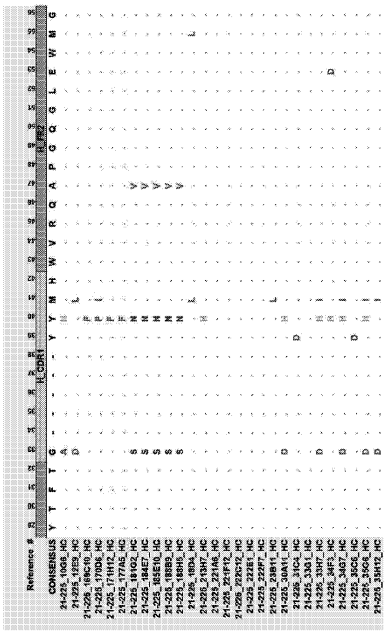
【図５７－１６６】



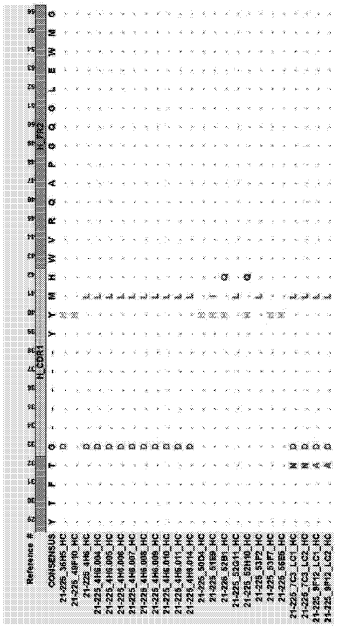
【図５７－１６７】



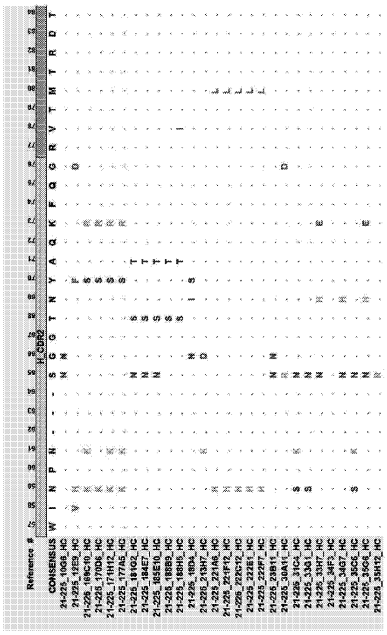
【図５７－１６８】



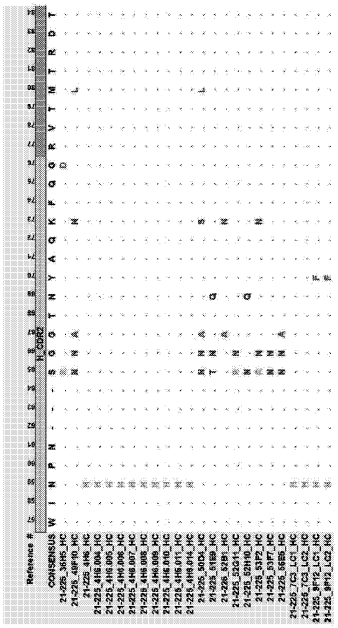
【図５７－１６９】



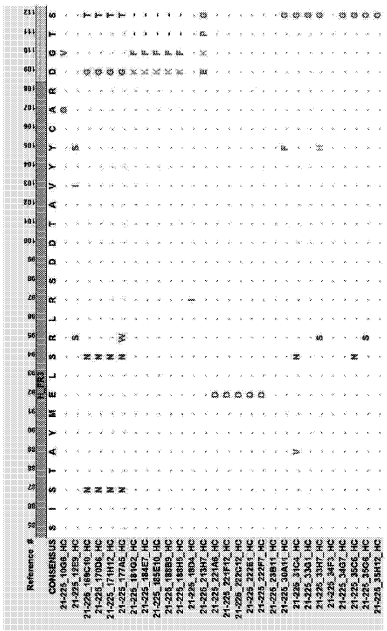
【図５７－１７０】



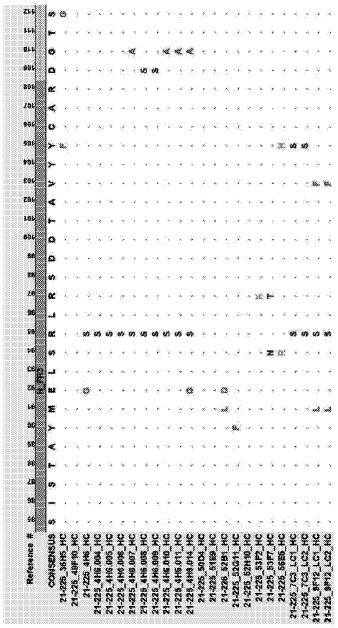
【図５７－１７１】



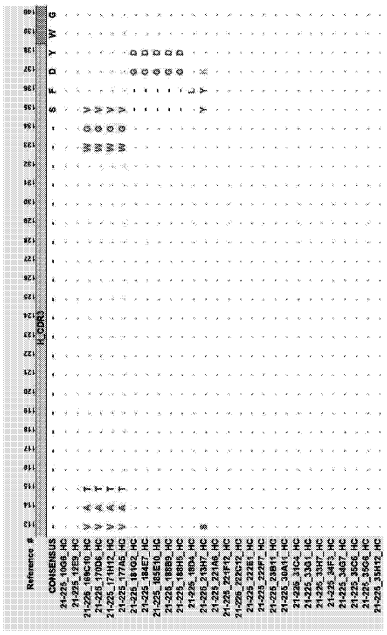
【図５７－１７２】



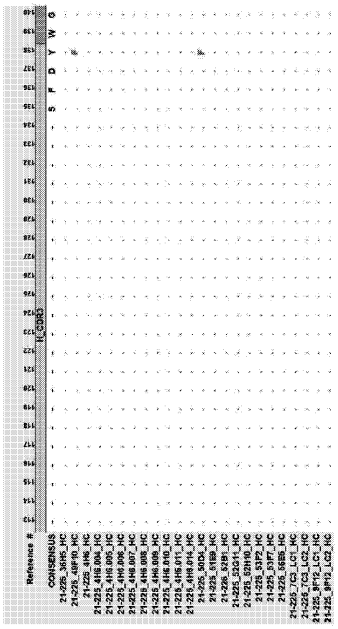
【図５７－１７３】



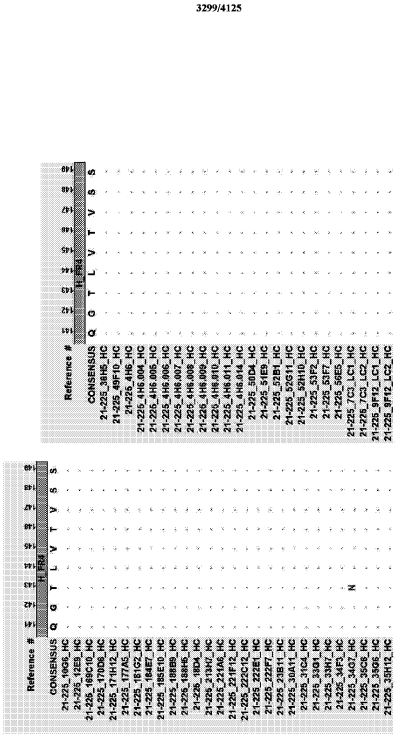
【図５７－１７４】



【図５７－１７５】



【図５７－１７６】



【図５７－１７７】

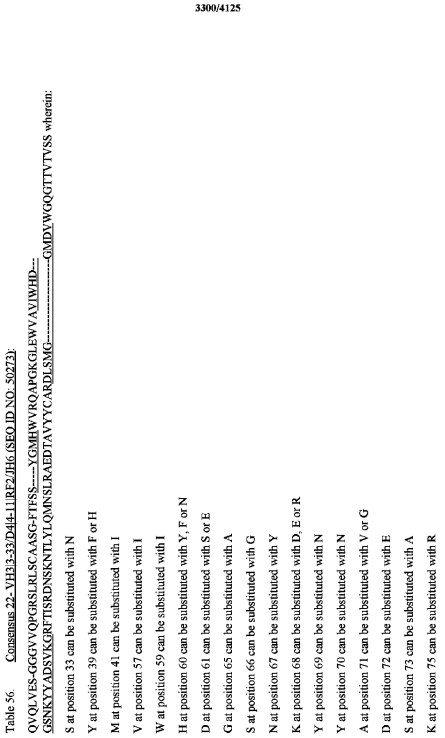


Table 56. Consensus 22- VH3-33/D4[4-11]/JP2/JH6 (SEQ ID NO: 50273)

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSS----YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWHD---
GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLSMG----------GMDVWGQGTTVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with N

Y at position 39 can be substituted with F or H

M at position 41 can be substituted with I

V at position 57 can be substituted with I

W at position 59 can be substituted with I

H at position 60 can be substituted with Y, F or N

D at position 61 can be substituted with S or E

G at position 65 can be substituted with A

S at position 66 can be substituted with G

N at position 67 can be substituted with Y

K at position 68 can be substituted with D, E or R

Y at position 69 can be substituted with N

Y at position 70 can be substituted with N

A at position 71 can be substituted with V or G

D at position 72 can be substituted with E

S at position 73 can be substituted with A

K at position 75 can be substituted with R

【図５７－１７８】

FIGURE 57

１０９位置のＤは、Ｔまたはで置換されていてもよく、
１１０位置のＬは、Ｒ、Ｙ、Ｓ、Ｆ、Ｉまたはで置換されていてもよく、
１１１位置のＳは、Ｒまたはで置換されていてもよく、
１１２位置のＭは、Ｖ、Ｇ、Ｐ、Ｋ、Ｎまたはで置換されていてもよく、
１１３位置のＧは、Ｙ、ヌル（－）またはＳで置換されていてもよく、
１１４位置のヌル（－）は、Ｙ、ＳまたはＷで置換されていてもよく、
１１５位置のヌル（－）は、Ｇで置換されていてもよく、
１１６位置のヌル（－）は、Ｓで置換されていてもよく、
１１７位置のヌル（－）は、Ｇで置換されていてもよく、
１１８位置のヌル（－）は、Ｓで置換されていてもよく、
１１９位置のヌル（－）は、Ｐで置換されていてもよく、
１２９位置のヌル（－）は、Ｐで置換されていてもよく、
１３０位置のヌル（－）は、Ｙで置換されていてもよく、
１３１位置のヌル（－）は、Ｙで置換されていてもよく、
１３２位置のヌル（－）は、Ｙで置換されていてもよく、
１３３位置のヌル（－）は、ＳまたはＹで置換されていてもよく、
１３４位置のヌル（－）は、Ｄ、Ｙまたはで置換されていてもよく、
１３６位置のＭは、Ｌまたはで置換されていてもよい
Xaa Xaa Gly Xaa His (SEQ ID NO: 50022)

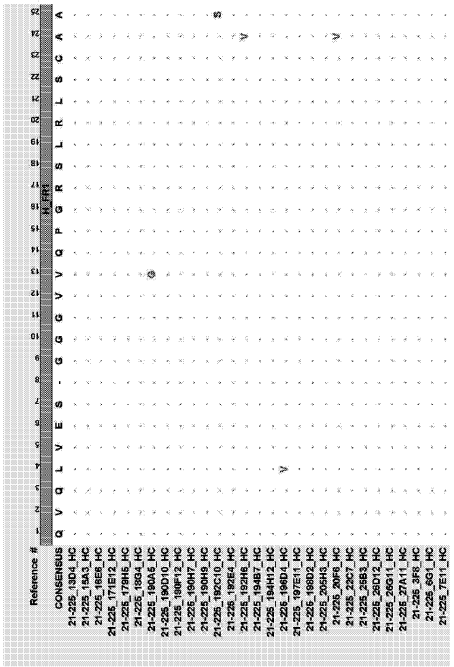
【図５７－１７９】

FIGURE 57

Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Val Xaa Gly (SEQ ID NO: 50023)
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50024)
Ser Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50489)
Val Ile Trp His Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50490)
Asp Leu Ser Met Gly Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50491)

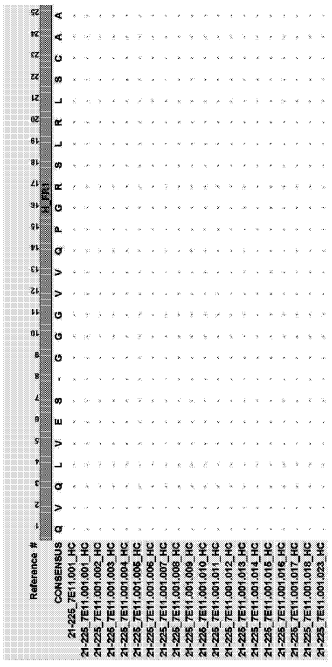
【図５７－１８０】

FIGURE 57

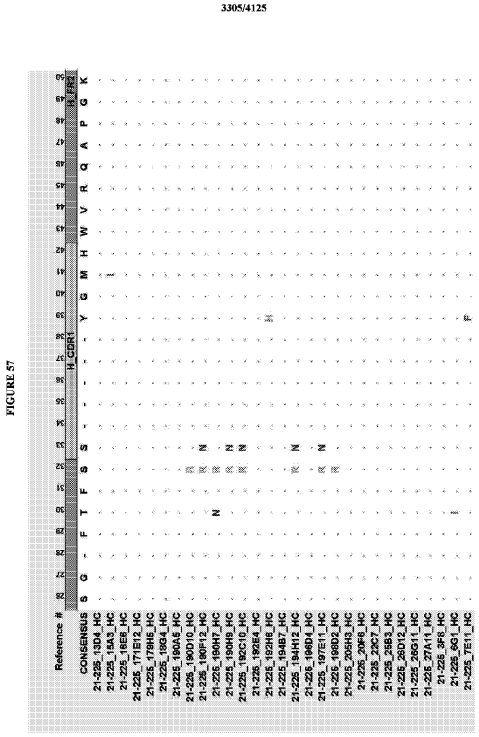


【図５７－１８１】

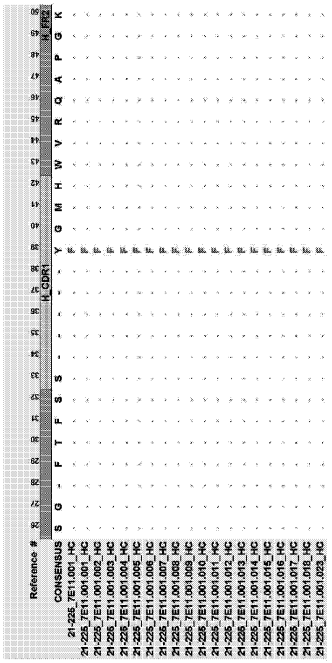
FIGURE 57



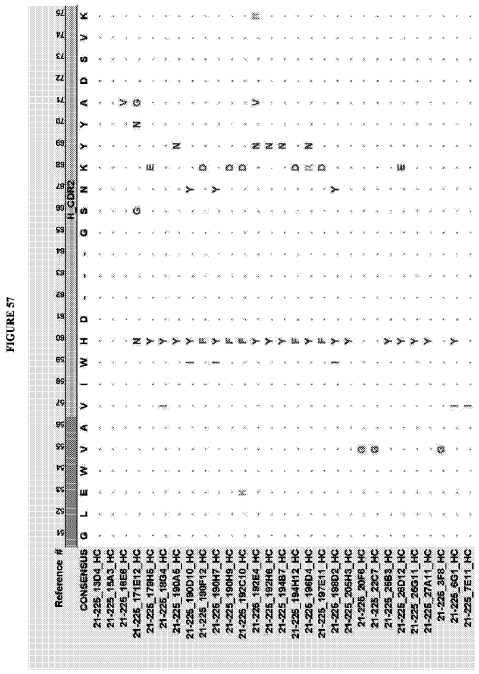
【図５７－１８２】



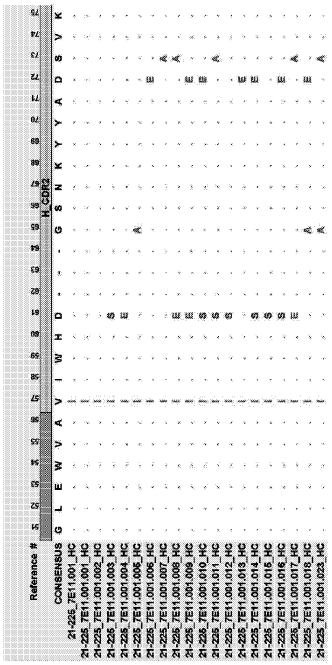
【図５７－１８３】



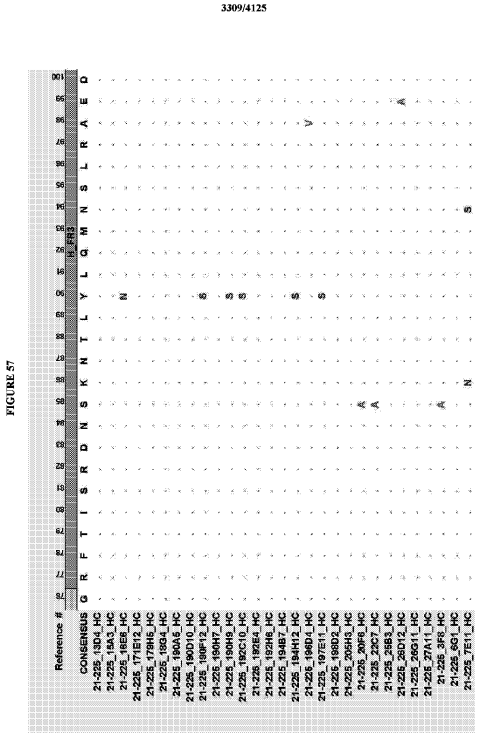
【図５７－１８４】



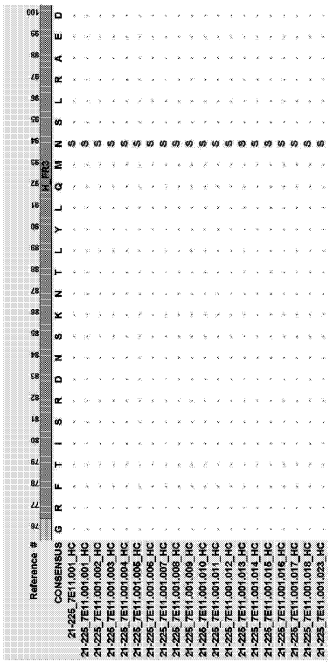
【図５７－１８５】



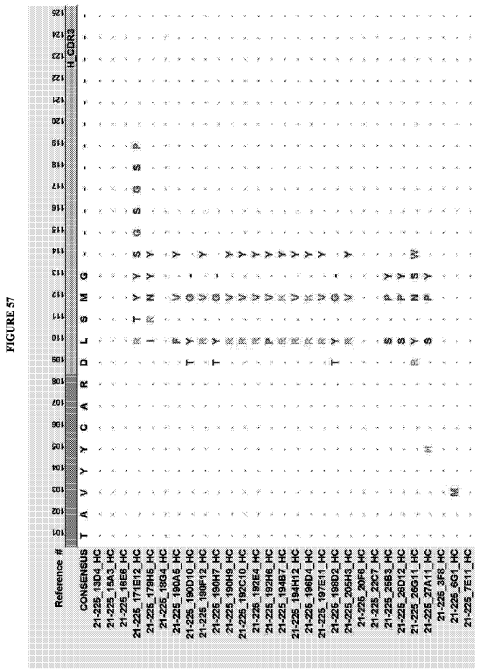
【図５７－１８６】



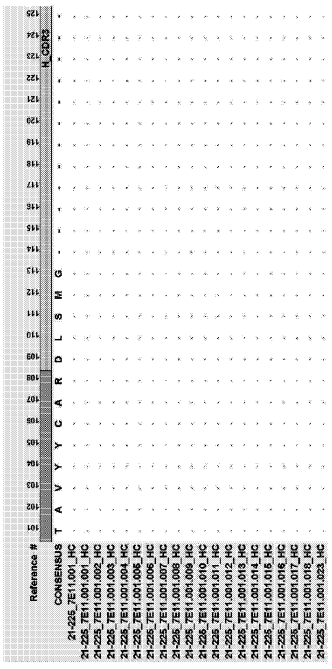
【図５７－１８７】



【図５７－１８８】

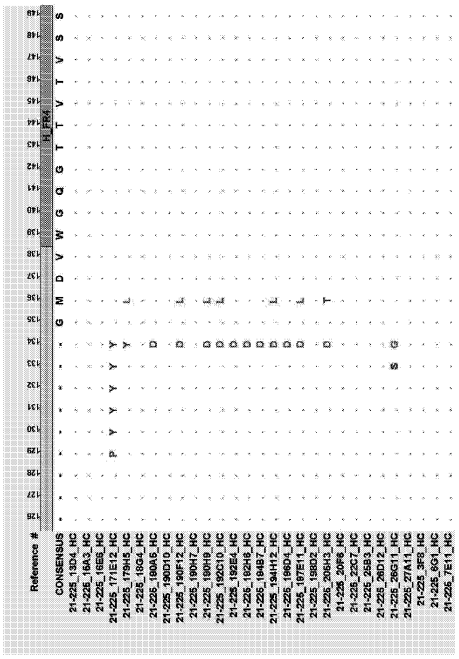


【図５７－１８９】



【図５７－１９０】

FIGURE 57



【図５７－１９１】

FIGURE 57

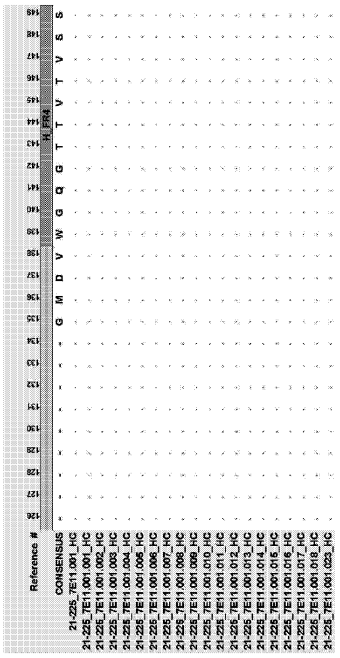


Table 57. Consensus 23- VH3|3-33/D|7-27/JRF1/JH4 (SEQ ID NO: 50274)

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSD----YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD--
ESNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAREVGW----------LDDYWGQGTLVTVSS wherein:

【図５７－１９２】

FIGURE 57

D at position 33 can be substituted with N or S

Y at position 39 can be substituted with F

M at position 41 can be substituted with I or L

Y at position 60 can be substituted with F

D at position 61 can be substituted with E, I or V

E at position 65 can be substituted with G, V, A or R

S at position 66 can be substituted with N, T or G

K at position 68 can be substituted with Q, T or N

Y at position 69 can be substituted with H or K

A at position 71 can be substituted with T, G, E or V

D at position 72 can be substituted with G

V at position 74 can be substituted with A

V at position 110 can be substituted with I, M, K or T

W at position 112 can be substituted with F, G or M

L at position 135 can be substituted with T, S, Y, H or R

D at position 136 can be substituted with E, S, F or N

Y at position 138 can be substituted with C

Xaa Xaa Gly Xaa His (SEQ ID NO: 50025)

Val Ile Trp Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Ser Xaa Lys Gly (SEQ ID NO: 50026)

【図５７－１９３】

FIGURE 57

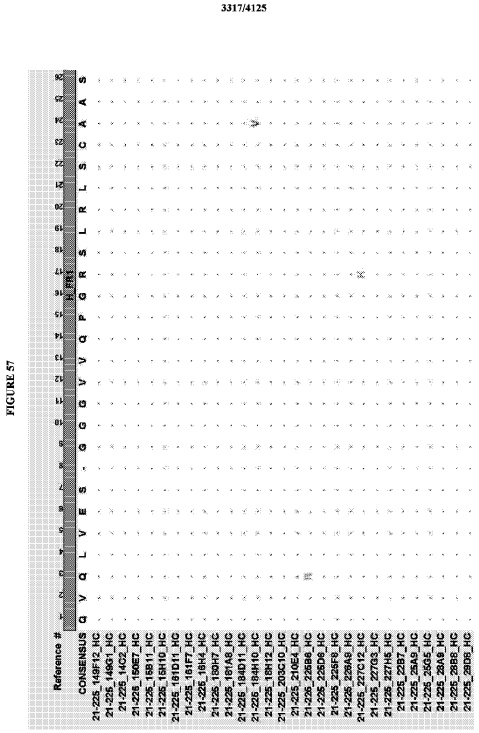
Glu Xaa Gly Xaa Xaa Asp Xaa (SEQ ID NO: 50027)

Asp Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50492)

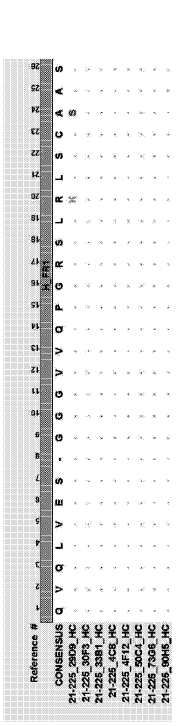
Val Ile Trp Tyr Asp Glu Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50493)

Glu Val Gly Trp Leu Asp Asp Tyr (SEQ ID NO: 50494)

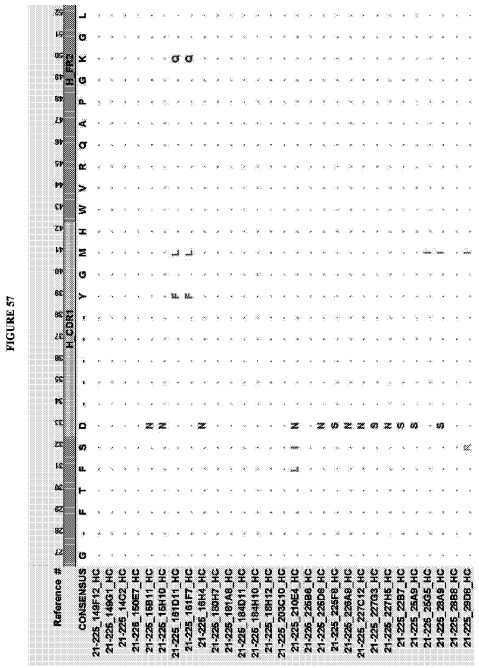
【図５７－１９４】



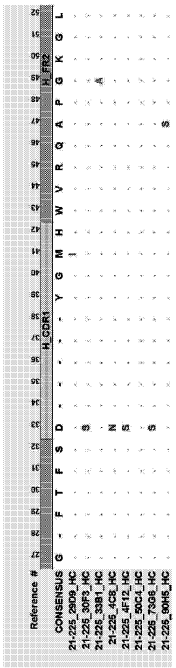
【図５７－１９５】



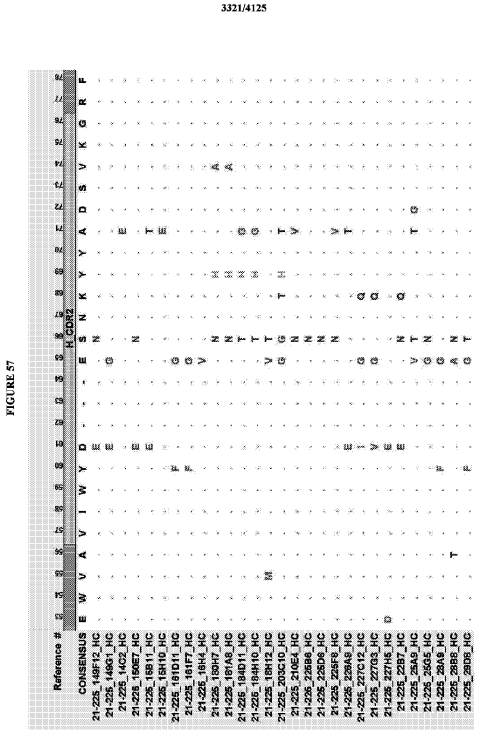
【図５７－１９６】



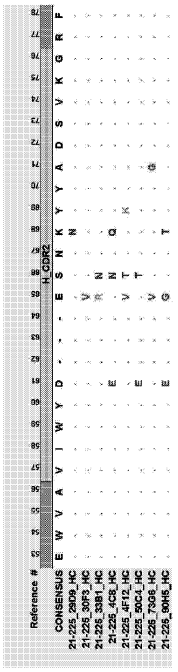
【図５７－１９７】



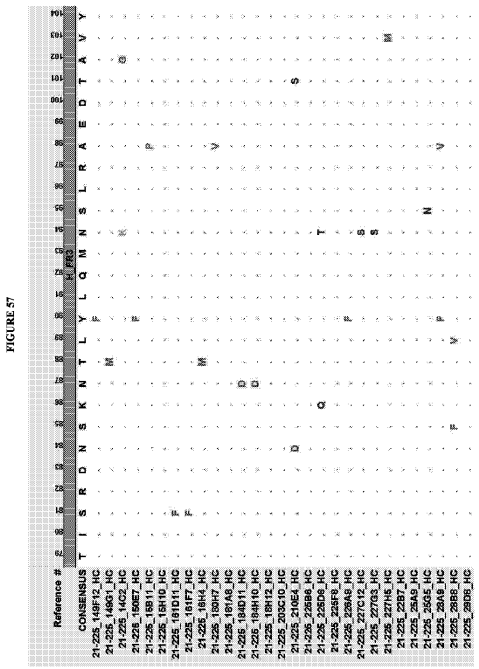
【図５７－１９８】



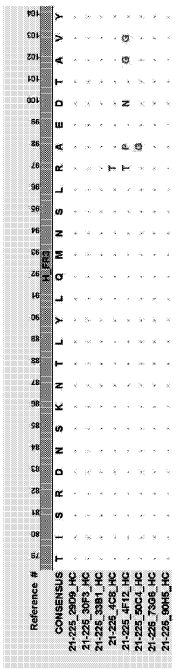
【図５７－１９９】



【図５７－２００】



【図５７－２０１】



【図５７－２０２】

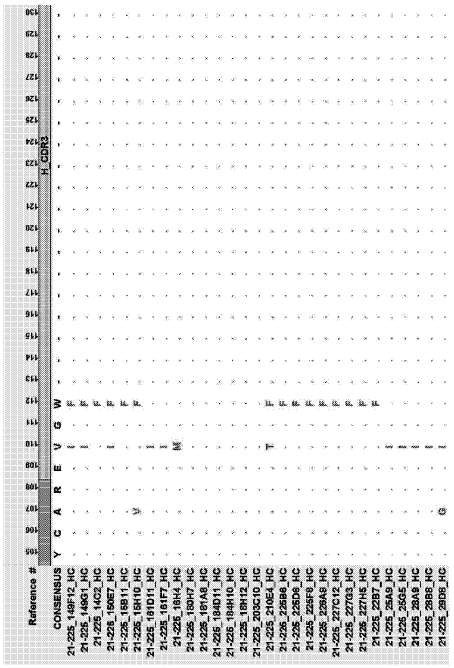


FIGURE 57

【図５７－２０３】

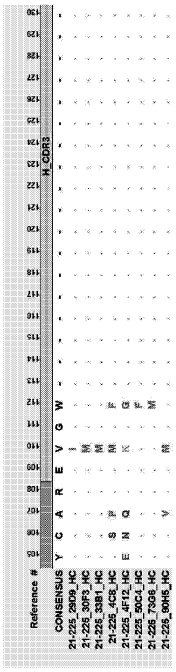


FIGURE 57

【図５７－２０４】

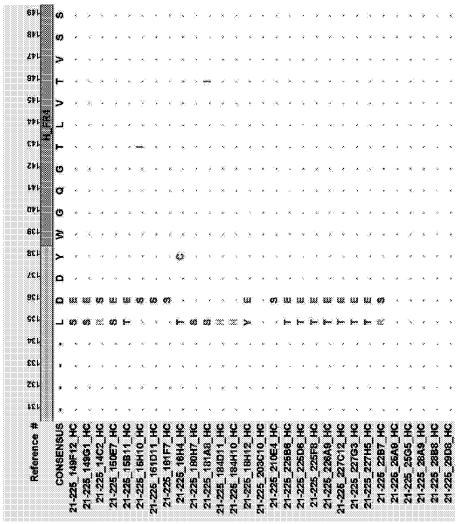


FIGURE 57

【図５７－２０５】

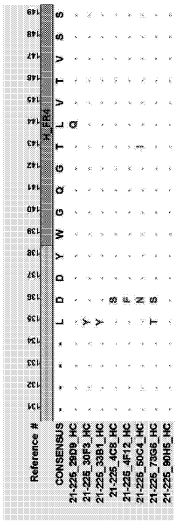


FIGURE 57

【図５７－２０６】

3329/4125

FIGURE 57

Table 58. Consensus 24-YH33-21.D44-11.RF2.JH4 (SEQ ID NO: 50225)

EVQLVES-GGGLVKPGGSLRLSCAASG-FTFSS-----YSMNWVRQAPGKGLEWVSSISGS---
SSYIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRG-----SSWGQGTLVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with T

Y at position 39 can be substituted with F

S at position 40 can be substituted with T, G or R

M at position 41 can be substituted with L

S at position 57 can be substituted with A, C or L

G at position 60 can be substituted with S

S at position 65 can be substituted with G or T

S at position 66 can be substituted with T, G or Y

Y at position 67 can be substituted with H

I at position 68 can be substituted with L or M

Y at position 69 can be substituted with S or W

A at position 71 can be substituted with G, P or V

V at position 74 can be substituted with L

G at position 76 can be substituted with A

D at position 109 can be substituted with T

G at position 111 can be substituted with null (-), S or Y

null (-) at position 112 can be substituted with G

【図５７－２０７】

3330/4125

FIGURE 57

null (-) at position 135 can be substituted with S

null (-) at position 136 can be substituted with F or S

S at position 137 can be substituted with D, G or H

S at position 138 can be substituted with L, Y, G, T, C, E or I

Xaa Xaa Xaa Xaa Asn (SEQ ID NO: 50028)

Xaa Ile Ser Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Asp Ser Xaa Lys Xaa (SEQ ID NO: 50029)

Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50030)

Ser Tyr Ser Met Asn (SEQ ID NO: 50495)

Ser Ile Ser Gly Ser Ser Ser Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50496)

Asp Arg Gly Ser Ser (SEQ ID NO: 50497)

【図５７－２０８】

3331/4125

FIGURE 57

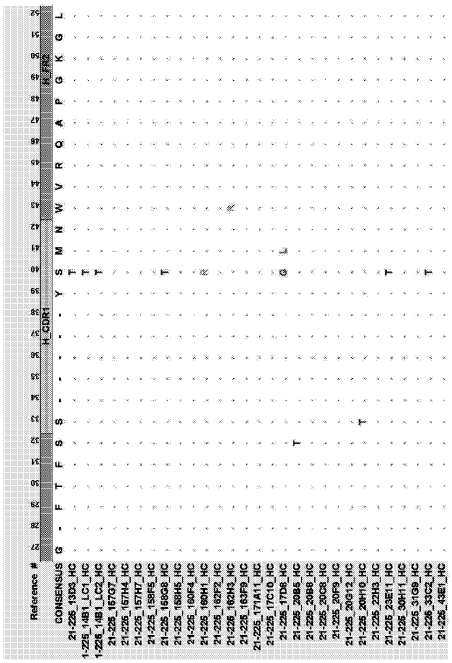
【図５７－２０９】

3332/4125

FIGURE 57

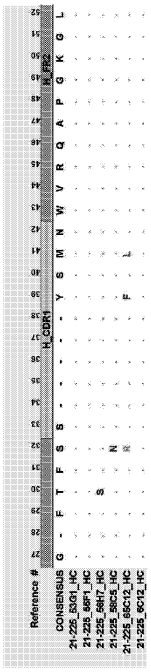
【図５７－２１０】

FIGURE 57



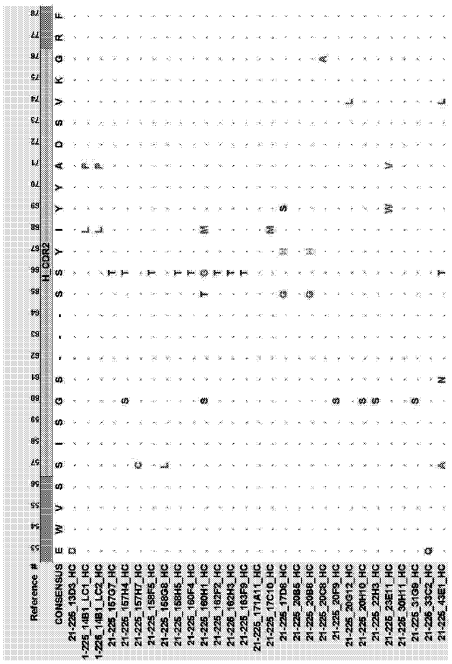
【図５７－２１１】

FIGURE 57



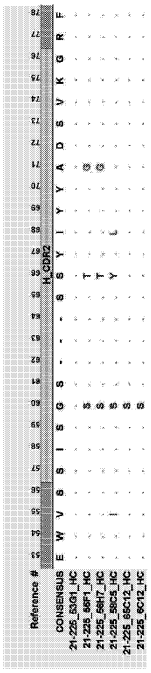
【図５７－２１２】

FIGURE 57

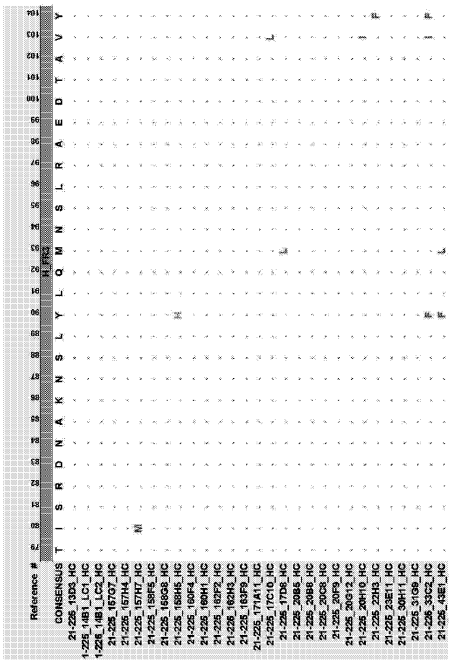


【図５７－２１３】

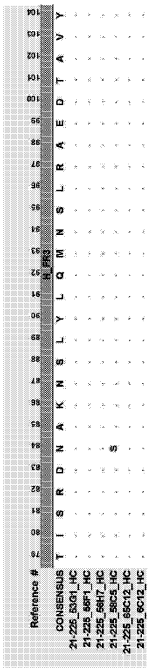
FIGURE 57



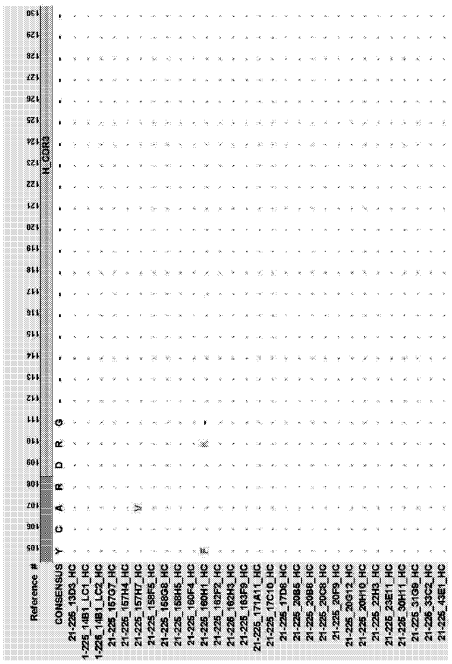
【図５７－２１４】



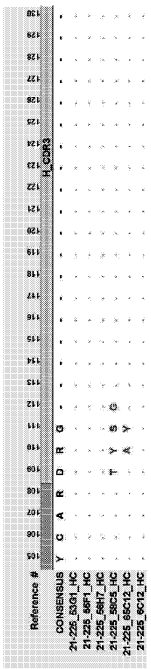
【図５７－２１５】



【図５７－２１６】

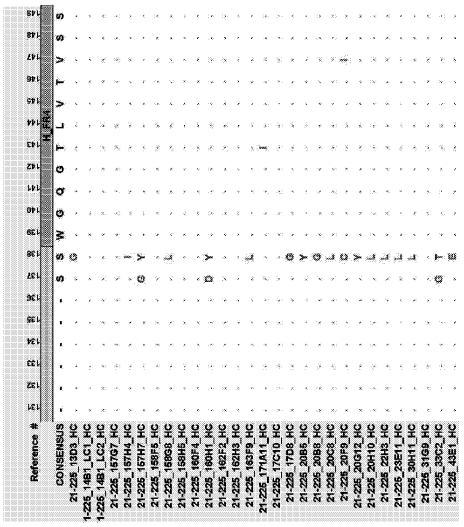


【図５７－２１７】



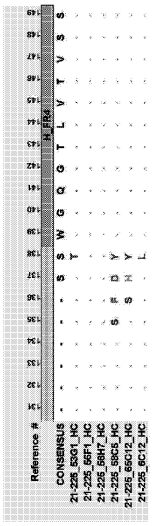
【図５７－２１８】

FIGURE 57



【図５７－２１９】

FIGURE 57



【図５７－２２０】

FIGURE 57

Table 59. Consensus 25-YH3[3-23/D6(6-19)RPZ/JH3 (SEQ ID NO: 50276)

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASE-FTFSS-----YAMSWVRQAPGKGLEWVSVISGR---GGNTFYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCASRIAVAG----------SEAFDIWGQGTMVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with G

A at position 40 can be substituted with V

S at position 42 can be substituted with N or T

V at position 57 can be substituted with I or A

G at position 60 can be substituted with R

R at position 61 can be substituted with S

G at position 66 can be substituted with V, I or T

N at position 67 can be substituted with Y, S or T

T at position 68 can be substituted with A

F at position 69 can be substituted with Y

Y at position 70 can be substituted with N or S

K at position 75 can be substituted with R

I at position 110 can be substituted with L, M or V

A at position 113 can be substituted with D

S at position 133 can be substituted with N or Y

E at position 134 can be substituted with D

F at position 136 can be substituted with C

【図５７－２２１】

FIGURE 57

D at position 137 can be substituted with A or H

I at position 138 can be substituted with V

Xaa Tyr Xaa Met Xaa (SEQ ID NO: 50031)

Xaa Ile Ser Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Ala Asp Ser Val Xaa Gly (SEQ ID NO: 50032)

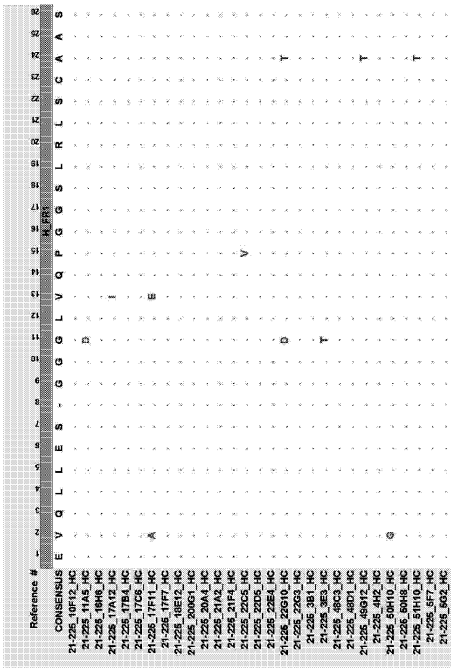
Arg Xaa Ala Val Xaa Gly Xaa Xaa Ala Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50033)

Ser Tyr Ala Met Ser (SEQ ID NO: 50498)

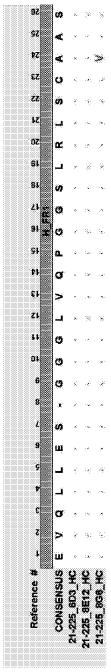
Val Ile Ser Gly Arg Gly Gly Asn Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50499)

Arg Ile Ala Val Ala Gly Ser Glu Ala Phe Asp Ile (SEQ ID NO: 50500)

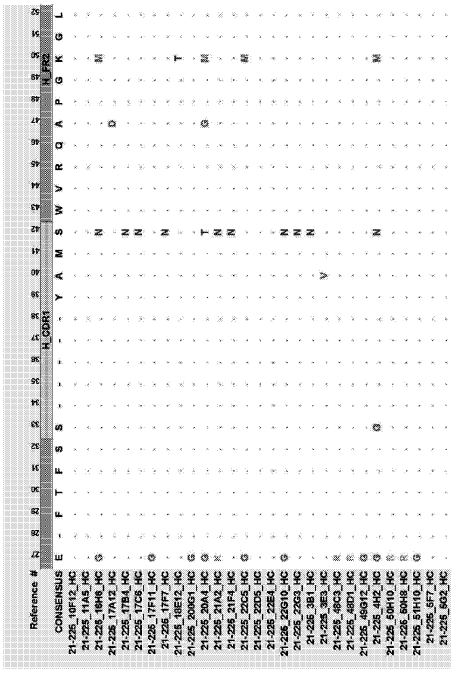
【図５７－２２２】



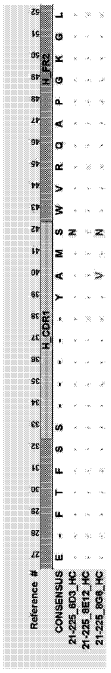
【図５７－２２３】



【図５７－２２４】



【図５７－２２５】



【図５７－２２６】

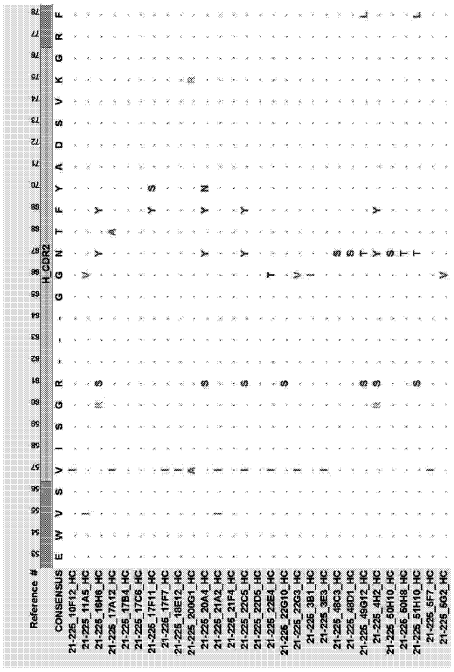


FIGURE 57

【図５７－２２７】

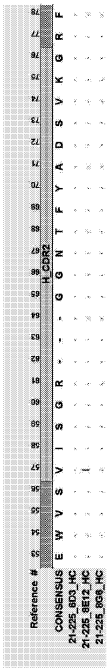


FIGURE 57

【図５７－２２８】

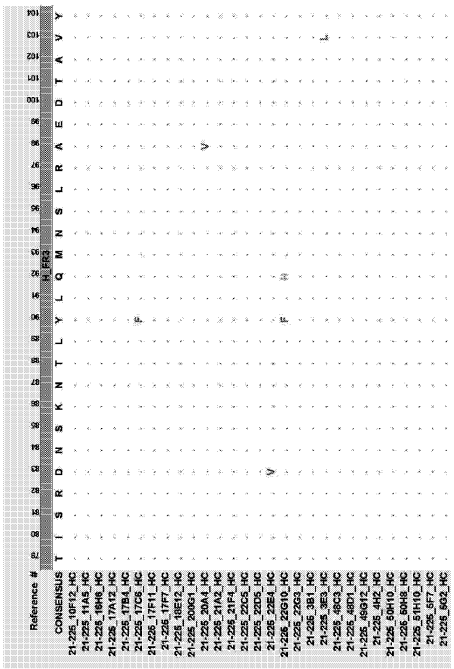


FIGURE 57

【図５７－２２９】

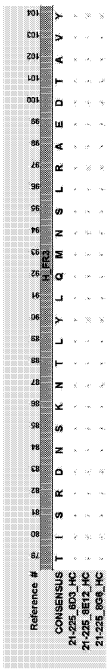
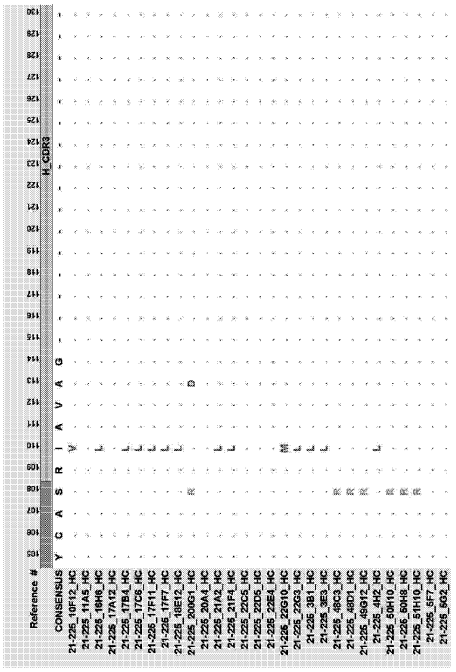
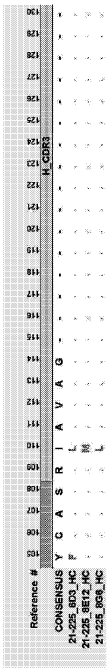


FIGURE 57

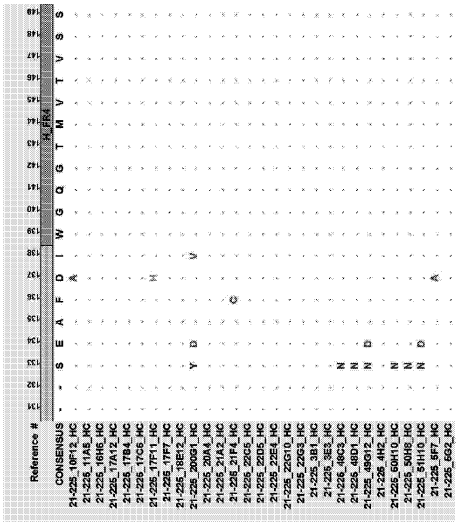
【図５７－２３０】



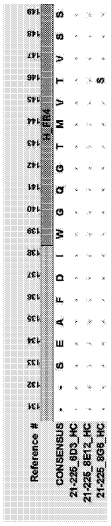
【図５７－２３１】



【図５７－２３２】



【図５７－２３３】



【図５７－２３４】

FIGURE 57

Table 60. Consensus 26- VH3|3-23/D5|5-12/RF3/JH6 (SEQ ID NO: 50277).

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS------YAMSWVRQAPGKGLEWVSAISGR---
GGSTFHADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVKGELLEDY----------YFVGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with N

Y at position 39 can be substituted with C

A at position 40 can be substituted with V

S at position 42 can be substituted with N

A at position 57 can be substituted with T or S

I at position 58 can be substituted with L

G at position 60 can be substituted with R or V

R at position 61 can be substituted with G

S at position 67 can be substituted with N

T at position 68 can be substituted with I

F at position 69 can be substituted with Y

H at position 70 can be substituted with Y or N

V at position 74 can be substituted with E or M

G at position 109 can be substituted with W

E at position 110 can be substituted with G

E at position 113 can be substituted with Y

D at position 114 can be substituted with S or N

【図５７－２３５】

FIGURE 57

null (-) at position 116 can be substituted with E

Y at position 132 can be substituted with S

F at position 133 can be substituted with Y

Y at position 134 can be substituted with F

G at position 135 can be substituted with A

M at position 136 can be substituted with I or L

Xaa Xaa Xaa Met Xaa (SEQ ID NO: 50034)

Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Gly Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Ala Asp Ser Xaa Lys Gly (SEQ ID NO: 50035)

Xaa Xaa Leu Leu Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50036)

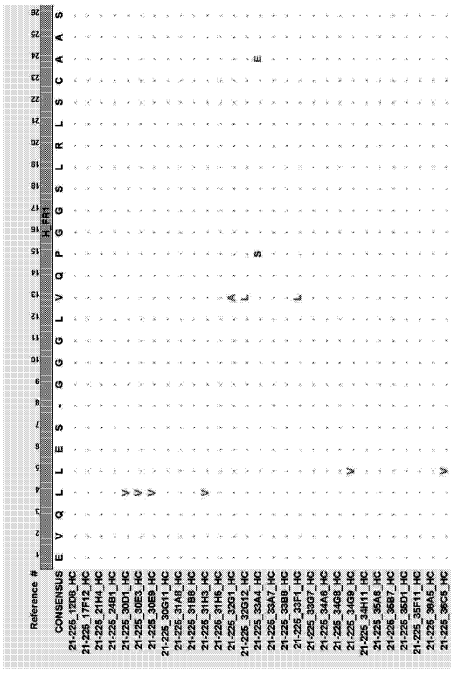
Ser Tyr Ala Met Ser (SEQ ID NO: 50501)

Ala Ile Ser Gly Arg Gly Gly Ser Thr Phe His Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50502)

Gly Glu Leu Leu Glu Asp Tyr Tyr Phe Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50503)

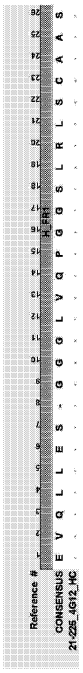
【図５７－２３６】

FIGURE 57



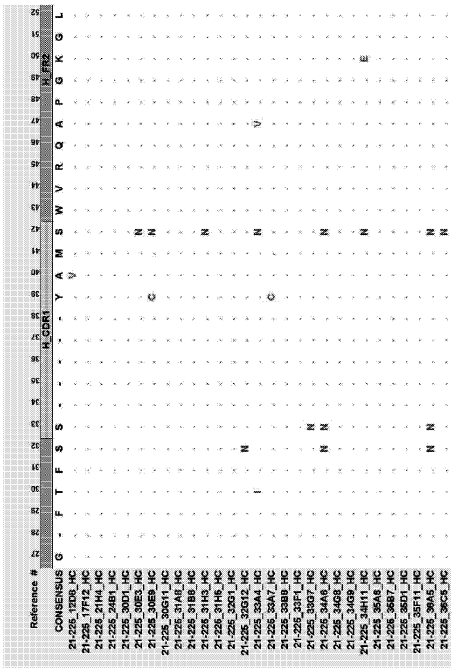
【図５７－２３７】

FIGURE 57



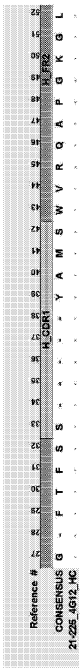
【図５７－２３８】

FIGURE 57



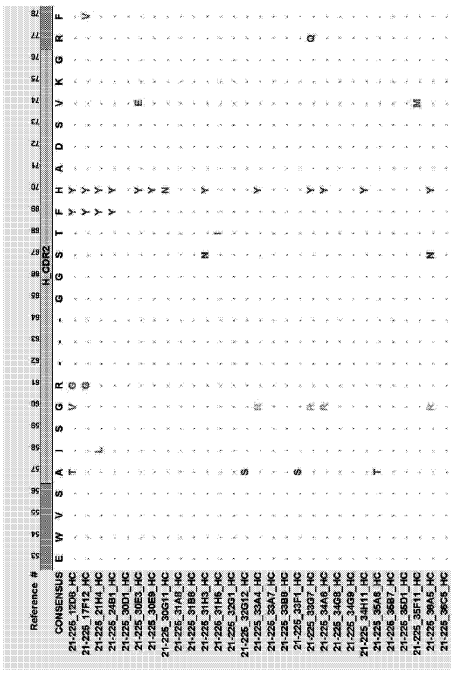
【図５７－２３９】

FIGURE 57



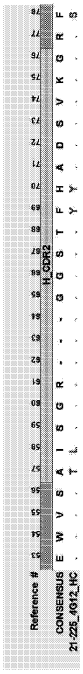
【図５７－２４０】

FIGURE 57



【図５７－２４１】

FIGURE 57



【図５７－２４２】

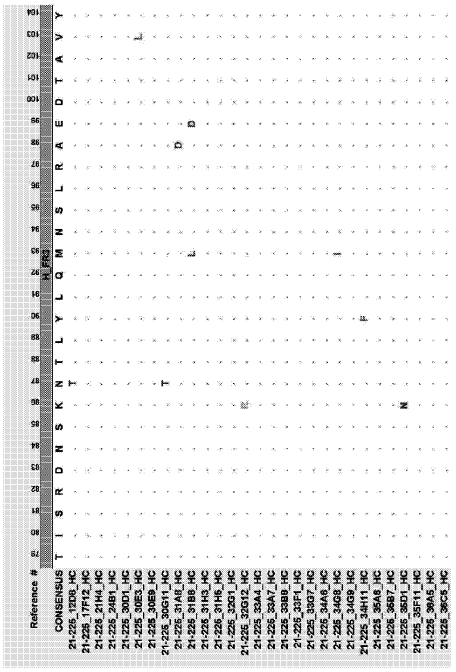


FIGURE 57

【図５７－２４３】

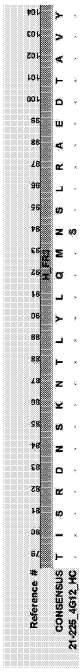


FIGURE 57

【図５７－２４４】

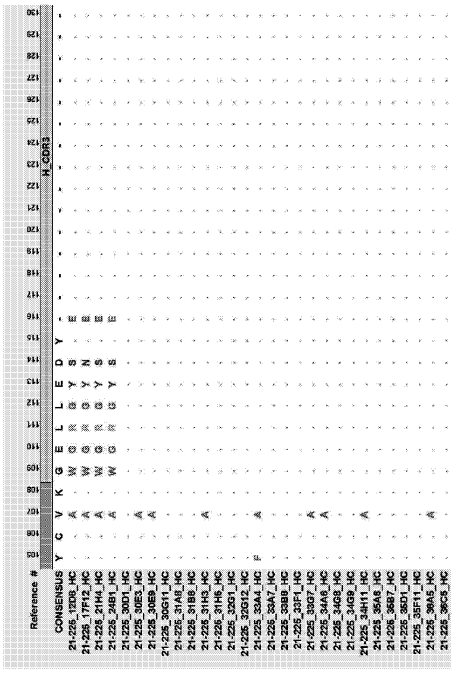


FIGURE 57

【図５７－２４５】

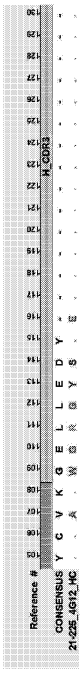


FIGURE 57

【図５７－２４６】

FIGURE 57

【図５７－２４７】

FIGURE 57

【図５７－２４８】

FIGURE 57

Table 61. Consensus 27- VH3/3-33/D4J4-23/RF2/JH6 (SEQ ID NO: 50278).

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFS$$$$$$-YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD---
GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRVYCSSTSC----------PYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

S in position 33 can be substituted with G, D, R, H, T or N

G in position 40 can be substituted with V

M in position 41 can be substituted with L

H in position 42 can be substituted with N

V in position 57 can be substituted with L, F, I or D

I in position 58 can be substituted with F

W in position 59 can be substituted with R

Y in position 60 can be substituted with F

S in position 66 can be substituted with N or T

N in position 67 can be substituted with E, D or K

K in position 68 can be substituted with N or T

Y in position 69 can be substituted with S, D or N

Y in position 70 can be substituted with N

A in position 71 can be substituted with V

G in position 76 can be substituted with D

R in position 110 can be substituted with D, W or N

V in position 111 can be substituted with D, R, F or H

【図５７－２４９】

FIGURE 57

Y in position 112 can be substituted with S, E, G or F

C in position 113 can be substituted with G or E

S in position 114 can be substituted with G

S in position 115 can be substituted with G, R or N

T in position 116 can be substituted with null (-), S or P

S in position 117 can be substituted with P, null (-) or T

C in position 118 can be substituted with null (-)

null (-) in position 119 can be substituted with S, H, L or Y

P in position 120 can be substituted with null (-), S or Y

Y in position 130 can be substituted with null (-)

Y in position 131 can be substituted with null (-)

Y in position 132 can be substituted with null (-)

Y in position 134 can be substituted with F

G in position 135 can be substituted with A

M in position 136 can be substituted with L

Xaa Tyr Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50037)

Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Ser Val Lys Xaa (SEQ ID NO: 50038)

Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50039)

Ser Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50504)

【図５７－２５０】

FIGURE 57

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50505)

Asp Arg Val Tyr Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50506)

【図５７－２５１】

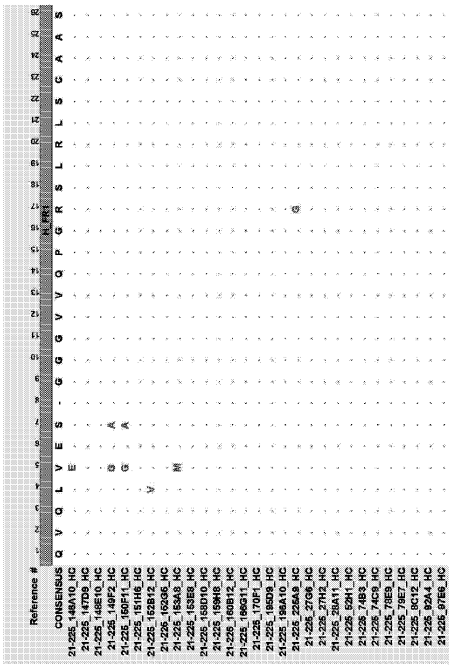


FIGURE 57

【図５７－２５２】

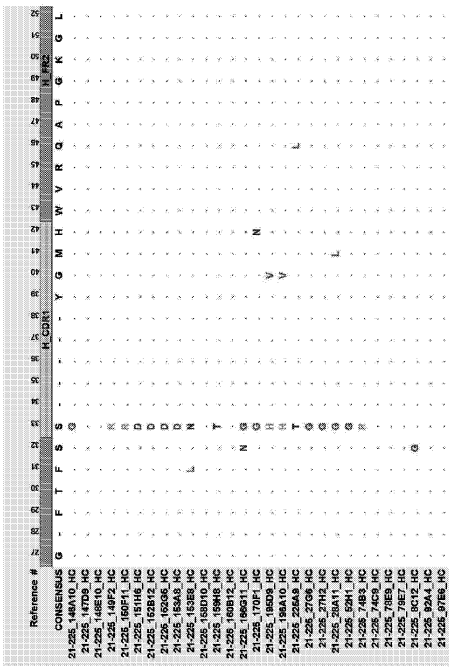


FIGURE 57

【図５７－２５３】

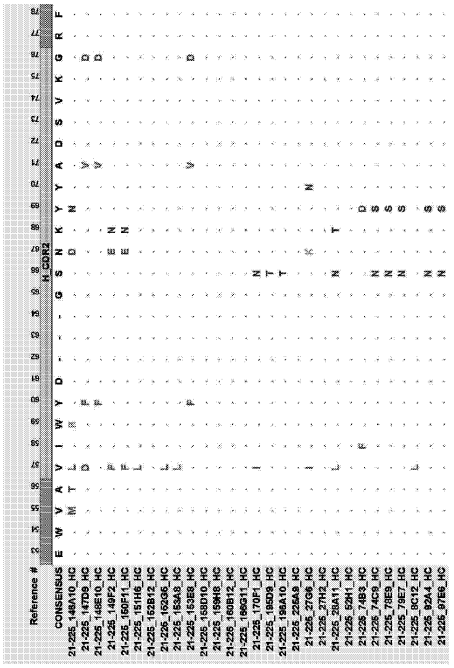
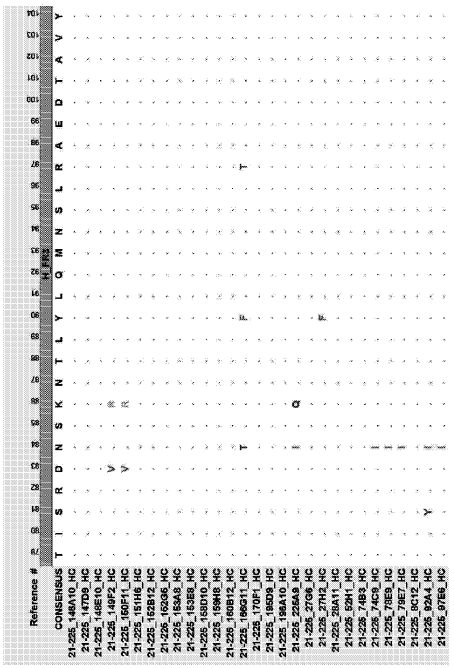


FIGURE 57

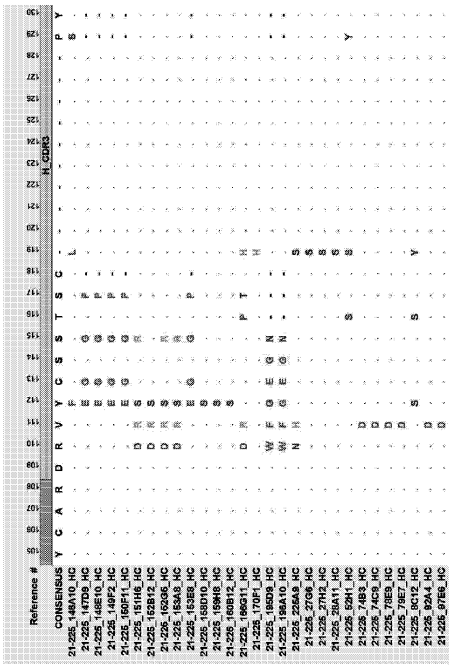
【図５７－２５４】

FIGURE 57



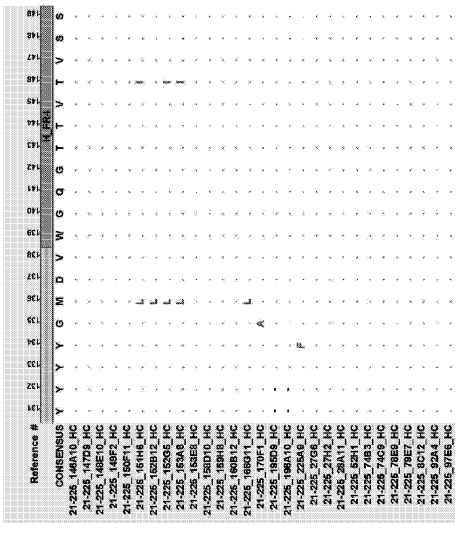
【図５７－２５５】

FIGURE 57



【図５７－２５６】

FIGURE 57



【図５７－２５７】

FIGURE 57

Table 62. Consensus 28- VH3-21(D)1-1(RF2-JH4 (SEQ ID NO: 50279).

EVQLVES-GGGLVKPGGSLRLSCAASG-FTFSS----YSMNWVRQAPGKGLEWVSSISGS---SSYIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVAS----------FDYWGQGTLVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with N

S at position 40 can be substituted with T, K, N or R

M at position 41 can be substituted with L

I at position 58 can be substituted with T

G at position 60 can be substituted with S

S at position 61 can be substituted with G, N or T

S at position 65 can be substituted with G, D or N

S at position 66 can be substituted with T

Y at position 67 can be substituted with F, D, L, N or S

I at position 68 can be substituted with M or T

Y at position 69 can be substituted with N

A at position 71 can be substituted with T

A at position 110 can be substituted with N or S

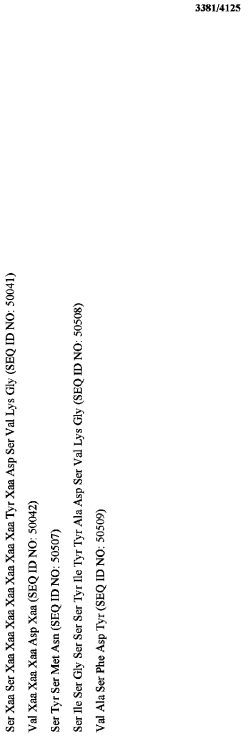
S at position 111 can be substituted with A, G, T, L, H or N

F at position 136 can be substituted with L or N

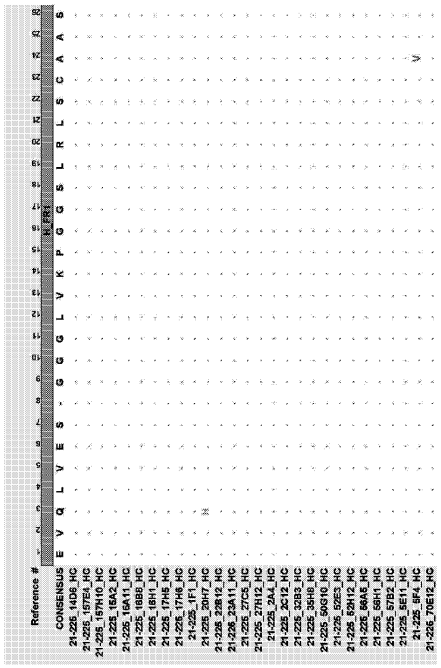
Y at position 138 can be substituted with C or S

Xaa Tyr Xaa Xaa Asn (SEQ ID NO: 50040)

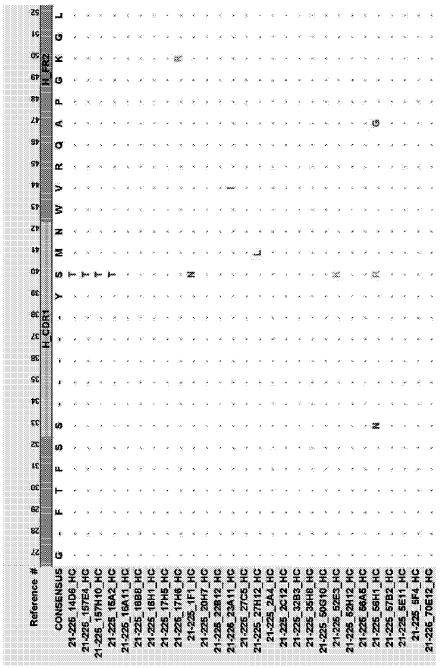
【図５７－２５８】



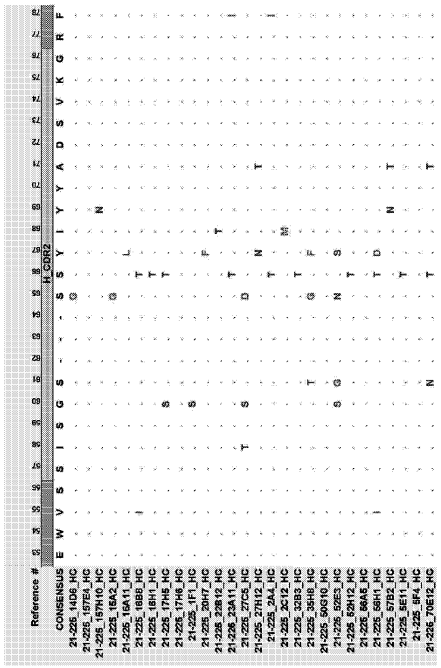
【図５７－２５９】



【図５７－２６０】

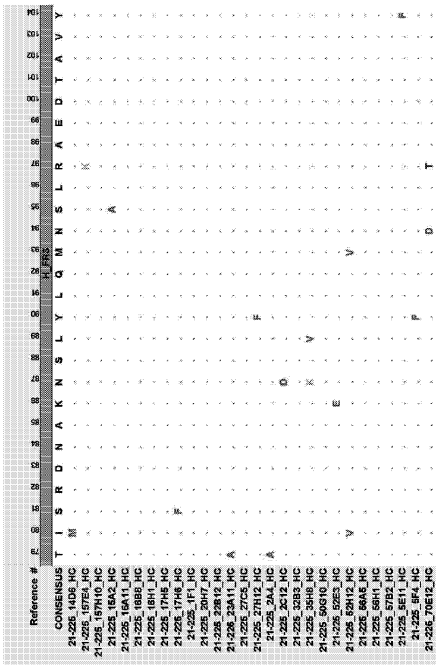


【図５７－２６１】



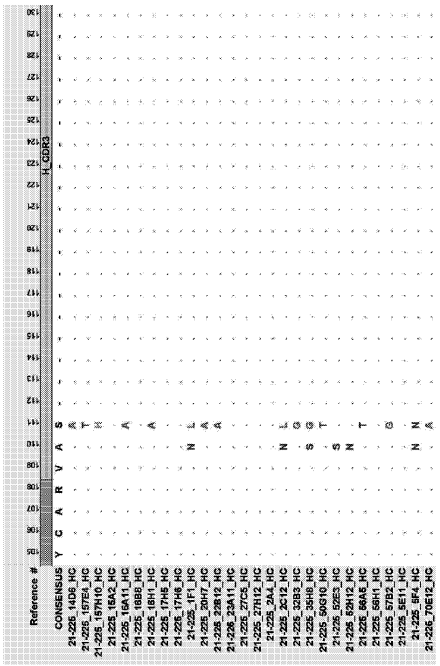
【図５７－２６２】

FIGURE 57



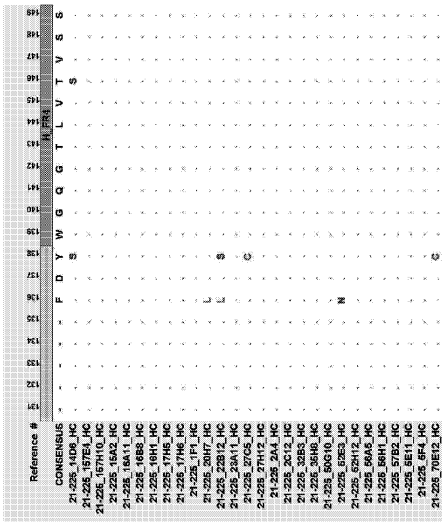
【図５７－２６３】

FIGURE 57



【図５７－２６４】

FIGURE 57



【図５７－２６５】

FIGURE 57

Table 63. Consensus 29-VH4(4-30.1)D3-22/RF2/JH6 (SEQ ID NO. 50280)

QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSG-GSISSG---DYYWNWIRQHPGKGLEWIGYIFY----
SGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGDYDGSGSY----------HYYYGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

G at position 34 can be substituted with V

D at position 38 can be substituted with V, G or S

Y at position 40 can be substituted with H

N at position 42 can be substituted with S

Y at position 57 can be substituted with N or F

I at position 58 can be substituted with L

F at position 59 can be substituted with Y or H

Y at position 60 can be substituted with H

Y at position 70 can be substituted with N

K at position 75 can be substituted with R

Y at position 132 can be substituted with F or H

Y at position 134 can be substituted with H

M at position 136 can be substituted with L

Ser Xaa Tyr Xaa Trp Xaa (SEQ ID NO. 50230)

Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Gly Ser Thr Tyr Xaa Asn Pro Ser Leu Xaa Ser (SEQ ID NO. 50231)

Gly Asp Tyr Asp Gly Ser Gly Ser Tyr His Xaa Tyr Xaa Gly Xaa Asp Val (SEQ ID NO. 50232)

Ser Gly Asp Tyr Tyr Trp Asn (SEQ ID NO. 50510)

【図５７－２６６】

FIGURE 57

Tyr Ile Phe Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50511)
Gly Asp Tyr Asp Tyr Ser Gly Ser Tyr His Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50512)

【図５７－２６７】

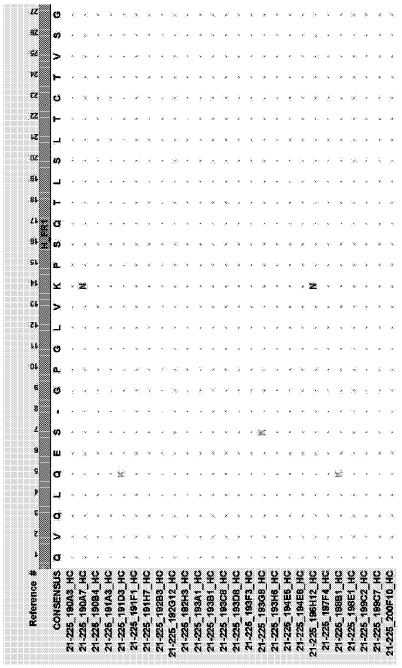


FIGURE 57

【図５７－２６８】

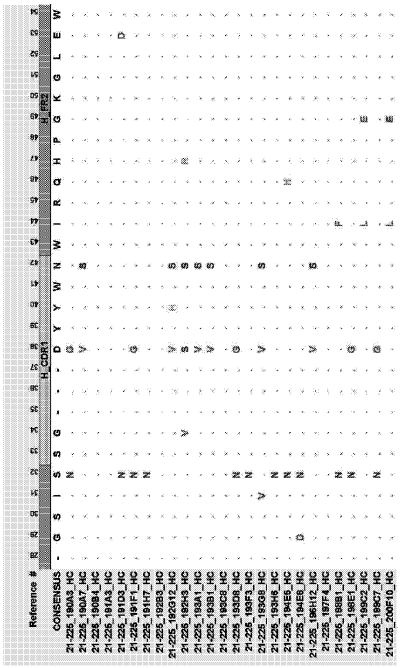


FIGURE 57

【図５７－２６９】

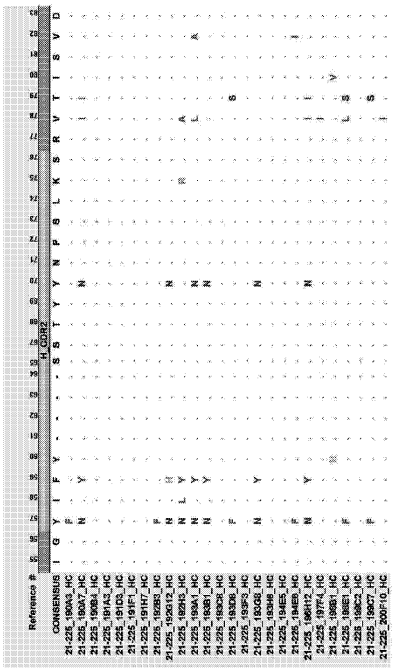
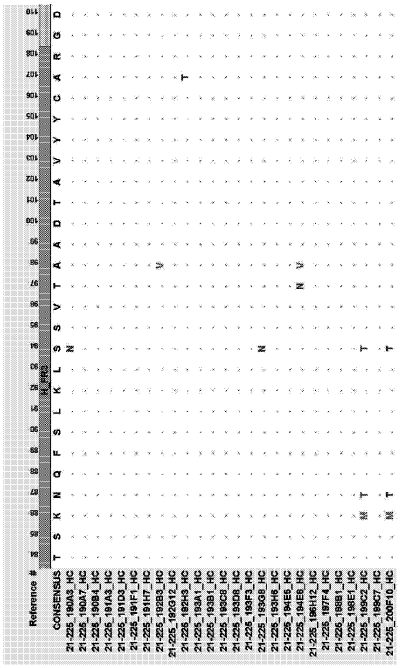


FIGURE 57

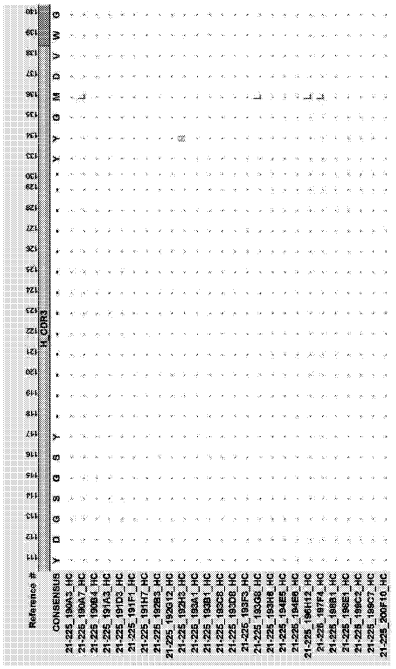
【図５７－２７０】

FIGURE 57



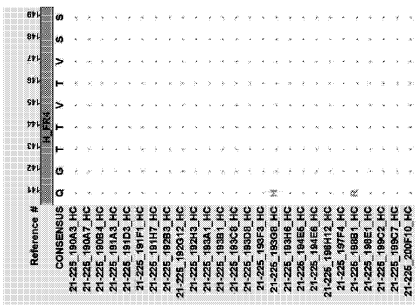
【図５７－２７１】

FIGURE 57



【図５７－２７２】

FIGURE 57



【図５７－２７３】

FIGURE 57

Table 64. Consensus 30- VH3-23/D7-27/FR1-JH6 (SEQ ID NO: 50281)

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS----YAMSWVRQAPGKGLEWVSVISGG---GSSTYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWRGNFT----------DYGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with N or T

Y at position 39 can be substituted with H

A at position 40 can be substituted with P or V

V at position 57 can be substituted with A or I

G at position 61 can be substituted with S

S at position 66 can be substituted with G or T

S at position 67 can be substituted with T

T at position 68 can be substituted with A

W at position 109 can be substituted with A

R at position 110 can be substituted with G

N at position 112 can be substituted with T

P at position 113 can be substituted with T

T at position 114 can be substituted with G

null (-) at position 115 can be substituted with S

null (-) at position 116 can be substituted with Y

null (-) at position 132 can be substituted with Y

D at position 133 can be substituted with Y

【図５７－２７４】

FIGURE 57

Y at position 134 can be substituted with N or S

Xaa Xaa Xaa Met Ser (SEQ ID NO: 50043)

Xaa Ile Ser Gly Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50044)

Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Met Asp (SEQ ID NO: 50045)

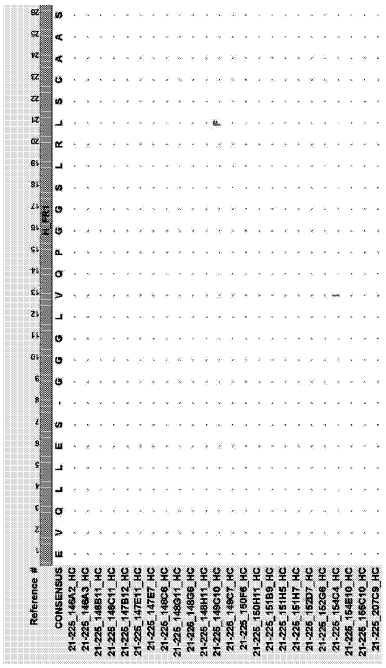
Ser Tyr Ala Met Ser (SEQ ID NO: 50513)

Val Ile Ser Gly Gly Gly Ser Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50514)

Trp Arg Gly Asn Pro Thr Asp Tyr Gly Met Asp (SEQ ID NO: 50515)

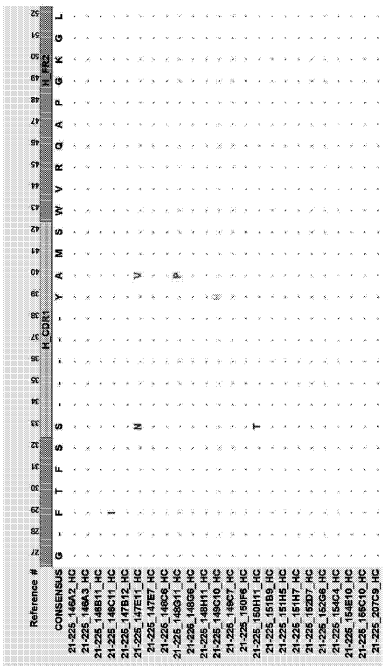
【図５７－２７５】

FIGURE 57



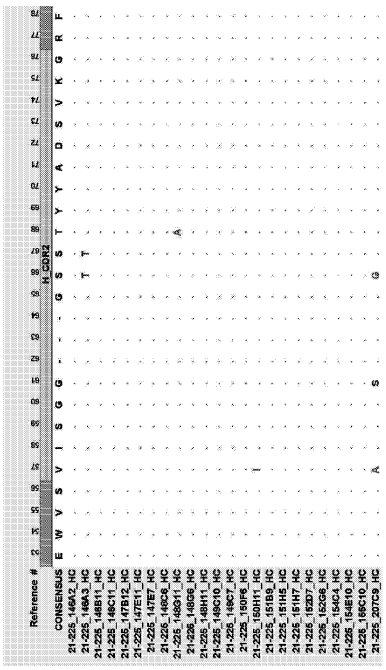
【図５７－２７６】

FIGURE 57



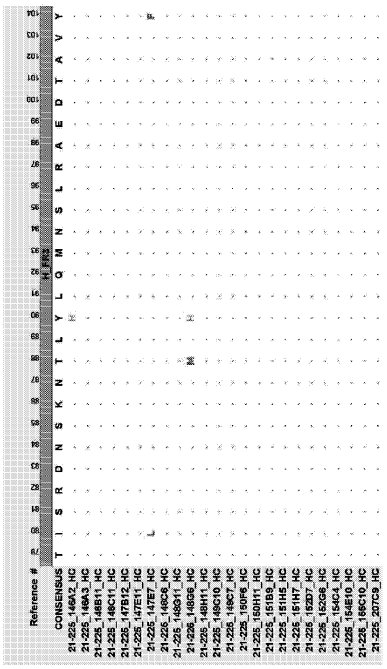
【図５７－２７７】

FIGURE 57



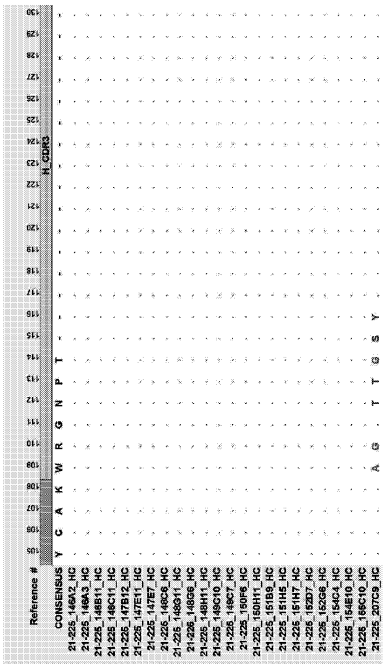
【図５７－２７８】

FIGURE 57



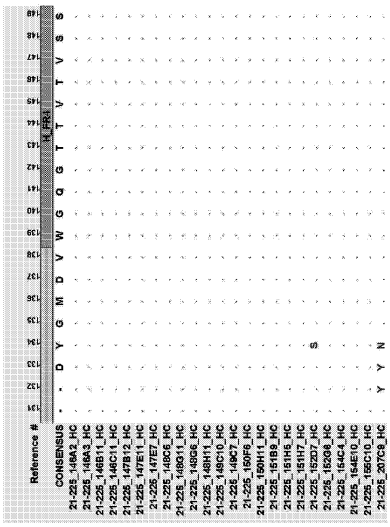
【図５７－２７９】

FIGURE 57



【図５７－２８０】

FIGURE 57



【図５７－２８１】

FIGURE 57

Table 65. Consensus 31-VH3j3-33/D4j4-17/RF2/JH4 (SEQ ID NO: 50282):

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSS-----YGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWYD---GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDHYDFW----------SGHFDYWGQGTLVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with N or T

M at position 41 can be substituted with L

I at position 57 can be substituted with V or A

I at position 58 can be substituted with M

S at position 66 can be substituted with T

N at position 67 can be substituted with Y or S

A at position 71 can be substituted with G, T or V

D at position 109 can be substituted with E

H at position 110 can be substituted with R, Q, A, G, T or Y

Y at position 111 can be substituted with G, F or H

D at position 112 can be substituted with I or F

F at position 113 can be substituted with V or L

W at position 114 can be substituted with G or null (-)

S at position 133 can be substituted with A or null (-)

G at position 134 can be substituted with T or E

H at position 135 can be substituted with Y, W or F

F at position 136 can be substituted with L or S

【図５７－２８２】

FIGURE 57

D at position 137 can be substituted with A, C or G

Y at position 138 can be substituted with F or S

Xaa Tyr Gly Xaa His (SEQ ID NO: 50253)

Xaa Xaa Trp Tyr Asp Gly Xaa Xaa Lys Tyr Tyr Xaa Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50254)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50255)

Ser Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50516)

Ile Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50517)

Asp His Tyr Asp Phe Trp Ser Gly His Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50518)

【図５７－２８３】

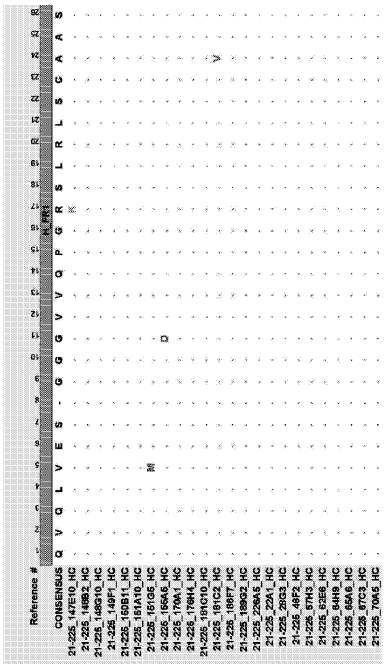


FIGURE 57

【図５７－２８４】

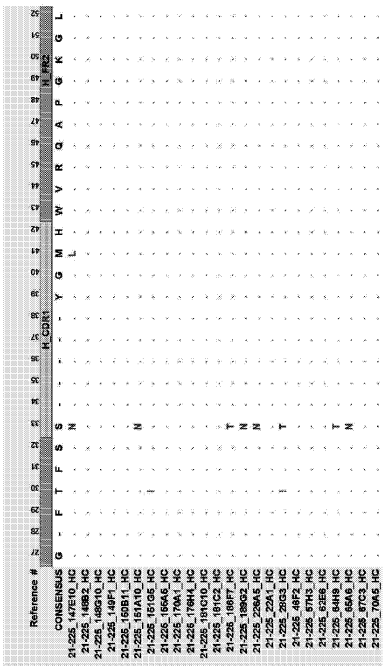


FIGURE 57

【図５７－２８５】

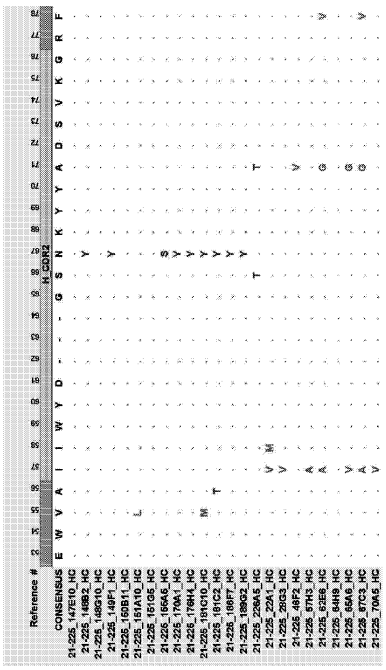
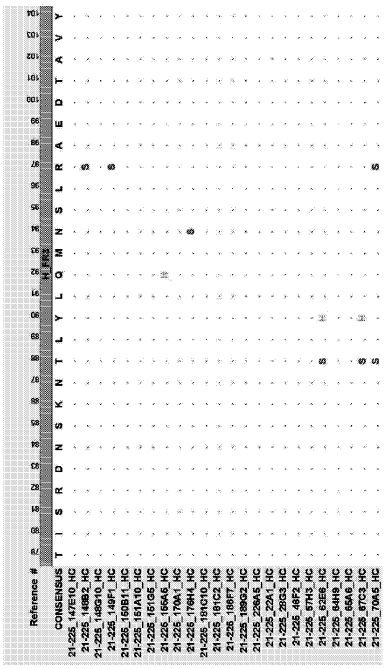


FIGURE 57

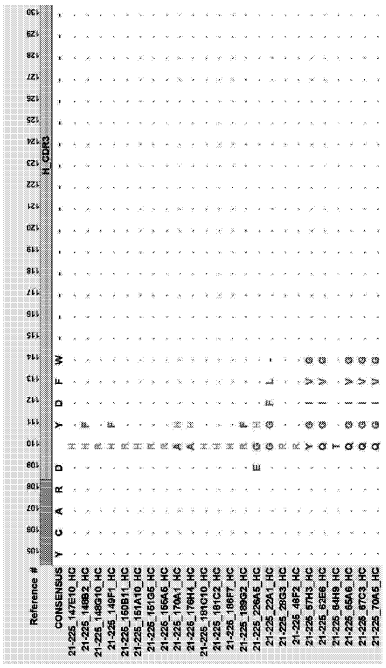
【図５７－２８６】

FIGURE 57



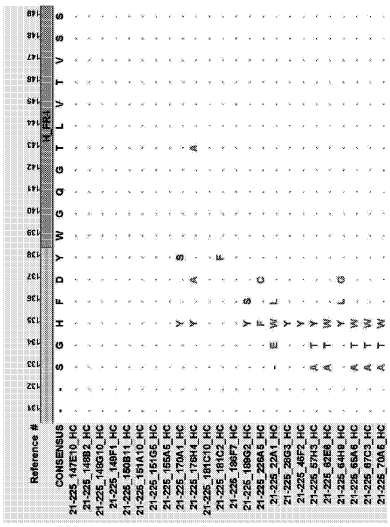
【図５７－２８７】

FIGURE 57



【図５７－２８８】

FIGURE 57



【図５７－２８９】

FIGURE 57

Table 66. Consensus 32-VH4-34/D4-17/RF2/JH4 (SEQ ID NO: 50283):

QVQLQQW-GAGLLKPSETLSLTCAVYG-GSFSG-----YYWSWIRQPPGKGLEWIGEINH----

SGRTNYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYGG----------LDYWGQGTLVTVSS wherein:

G at position 33 can be substituted with V, P, A, D or Y

Y at position 39 can be substituted with C, S or P

Y at position 40 can be substituted with F

I at position 58 can be substituted with S or V

H at position 60 can be substituted with I or Q

R at position 67 can be substituted with S

T at position 68 can be substituted with A or S

N at position 69 can be substituted with T

Y at position 70 can be substituted with F

Xaa Xaa Xaa Trp Ser (SEQ ID NO: 50233)

Glu Xaa Asn Xaa Ser Gly Xaa Xaa Xaa Asn Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50234)

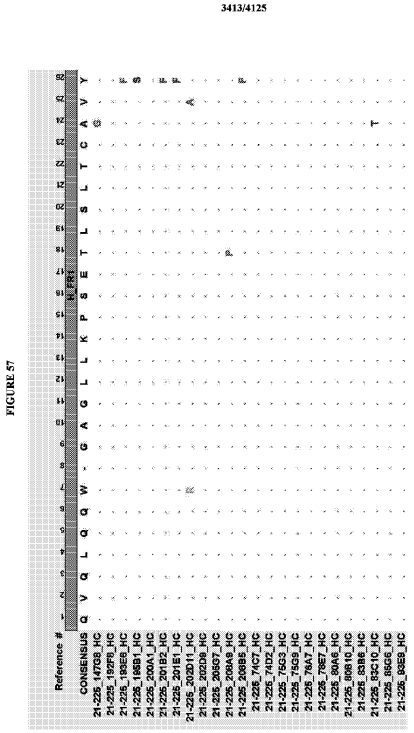
Asp Tyr Gly Gly Leu Asp Tyr (SEQ ID NO: 50235)

Gly Tyr Tyr Trp Ser (SEQ ID NO: 50519)

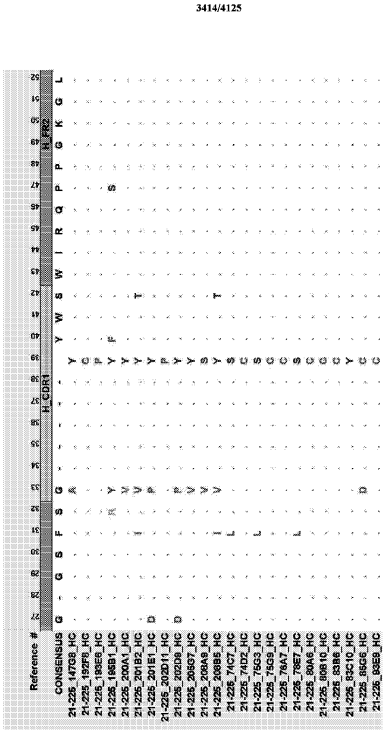
Glu Ile Asn His Ser Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50520)

Asp Tyr Gly Gly Leu Asp Tyr (SEQ ID NO: 50521)

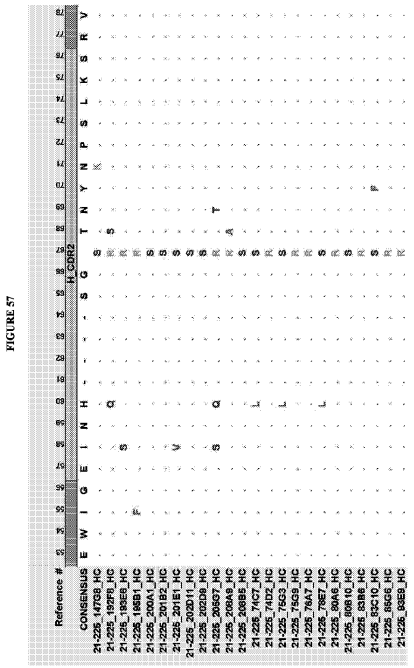
【図５７－２９０】



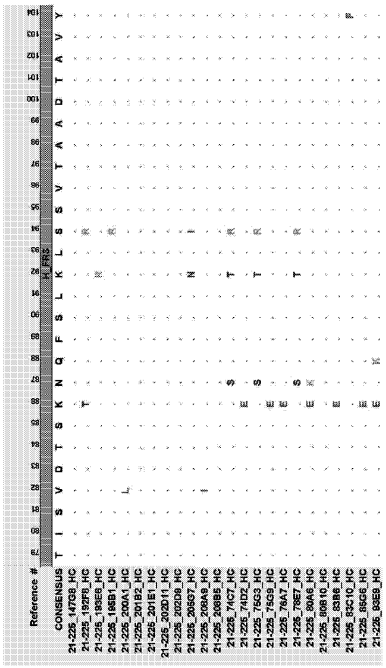
【図５７－２９１】



【図５７－２９２】

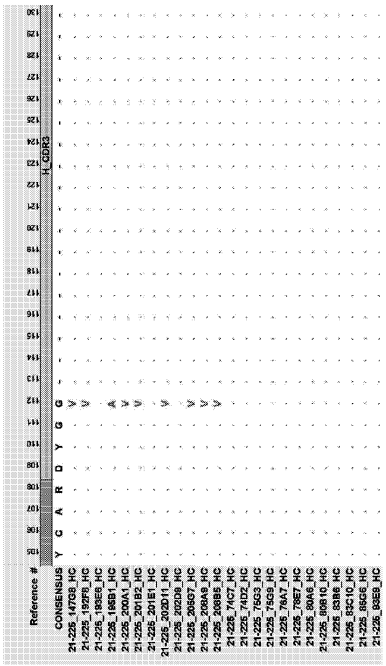


【図５７－２９３】



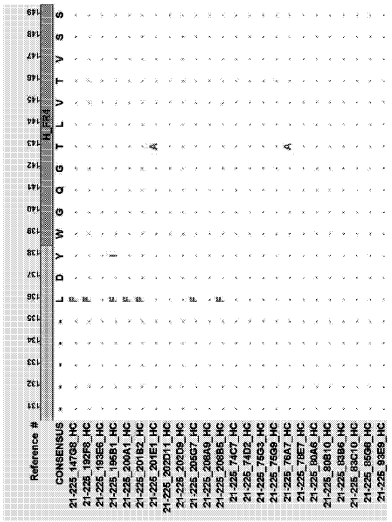
【図５７－２９４】

FIGURE 57



【図５７－２９５】

FIGURE 57



【図５７－２９６】

FIGURE 57

Table 67. Consensus 33-VH4|4-39/D1|1-26/RF3/JH4 (SEQ ID NO: 50284):

QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYWGWIRQPPGKGLEWIGNIXYX---SGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARHSSSW----------SLDYWGQGTLVTVSS wherein:

R in position 33 can be substituted with G

S in position 38 can be substituted with N

Y in position 39 can be substituted with S

N in position 57 can be substituted with S

S in position 67 can be substituted with Y, A, T or I

T in position 68 can be substituted with A, P or S

Y in position 69 can be substituted with Q, S, A or N

Y in position 70 can be substituted with C or H

N in position 71 can be substituted with I or T

H in position 109 can be substituted with L

S in position 111 can be substituted with T or G

L in position 136 can be substituted with F, I or V

Y in position 138 can be substituted with N, C, D or F

Xaa Ser Xaa Xaa Tyr Trp Gly (SEQ ID NO: 50046)

Xaa Ile Tyr Tyr Ser Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50047)

Xaa Ser Xaa Ser Trp Ser Xaa Asp Xaa (SEQ ID NO: 50048)

Arg Ser Ser Tyr Tyr Trp Gly (SEQ ID NO: 50522)

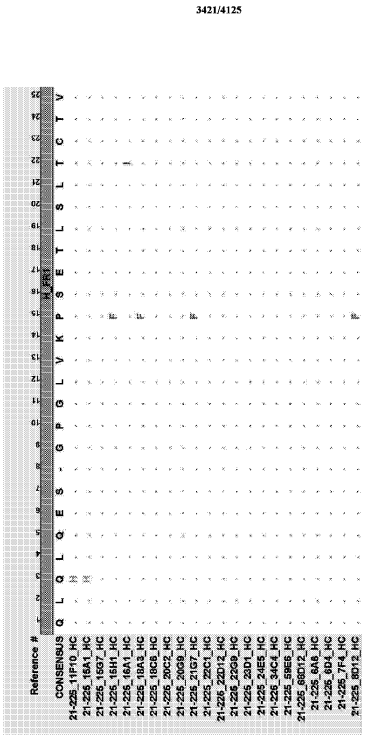
【図５７－２９７】

FIGURE 57

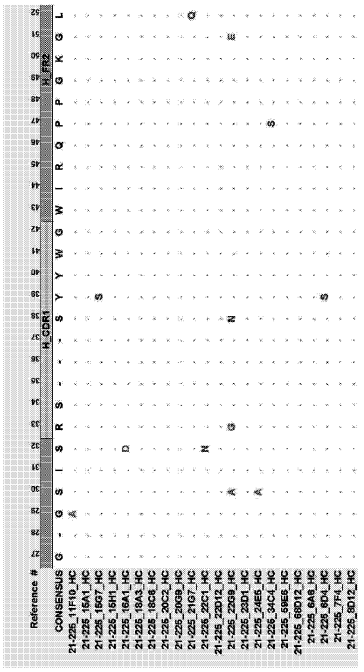
Asn Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50523)

His Ser Ser Ser Trp Ser Leu Asp Tyr (SEQ ID NO: 50524)

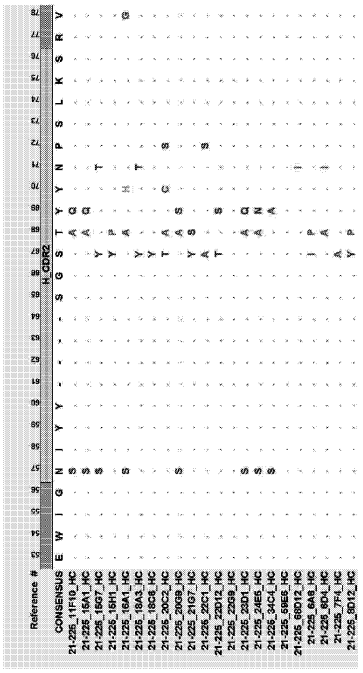
【図５７－２９８】



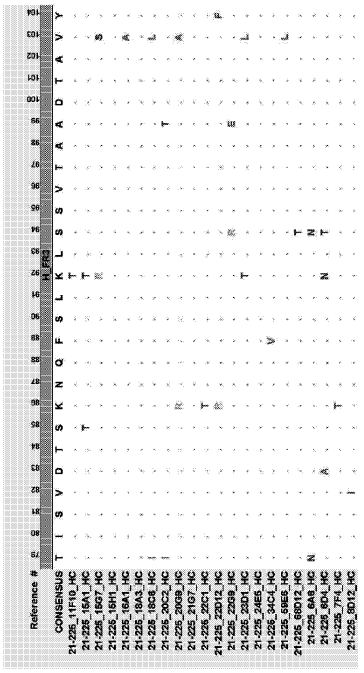
【図５７－２９９】



【図５７－３００】

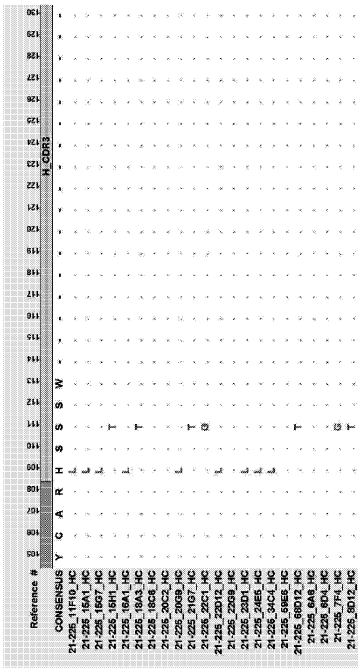


【図５７－３０１】



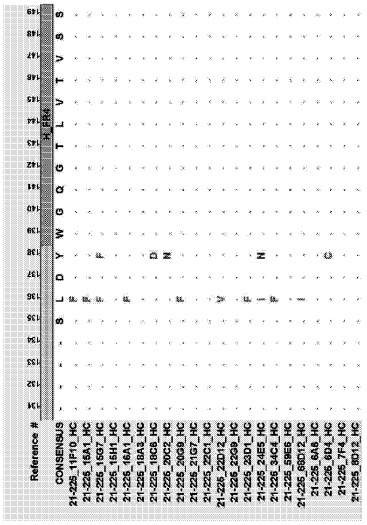
【図５７－３０２】

FIGURE 57



【図５７－３０３】

FIGURE 57



【図５７－３０４】

FIGURE 57

Table 68. Consensus 34-VH1|1-02/D5|5-18|RF3/JH5 (SEQ ID NO: 50285):

QVQLVQS-GAEVKKPGASVKVSCKASG-YTFTG-----YYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN—

SGGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGYSYGY----------NWFDPWGQGTLVTVSS wherein:

G in position 33 can be substituted with D

Y in position 39 can be substituted with H

Y in position 40 can be substituted with F

I in position 41 can be substituted with M

H in position 42 can be substituted with N

P in position 60 can be substituted with S

N in position 61 can be substituted with K

S in position 65 can be substituted with N

G in position 66 can be substituted with D

G in position 67 can be substituted with D

A in position 71 can be substituted with E

Q in position 72 can be substituted with E

G in position 76 can be substituted with D

G in position 109 can be substituted with D

Y in position 110 can be substituted with G, T or F

S in position 111 can be substituted with Y, D or R

Y in position 112 can be substituted with S

【図５７－３０５】

FIGURE 57

G in position 113 can be substituted with null (-) or S

Y in position 114 can be substituted with S or null (-)

null (-) in position 115 can be substituted with G

null (-) in position 116 can be substituted with S

null (-) in position 132 can be substituted with Y

null (-) in position 133 can be substituted with Y, F or H

N in position 134 can be substituted with null (-) or D

W in position 135 can be substituted with null (-), D or E

F in position 136 can be substituted with L

D in position 137 can be substituted with A

P in position 138 can be substituted with S

Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50049)

Trp Ile Asn Xaa Xaa Xaa Xaa Thr Asn Tyr Xaa Xaa Lys Phe Gln Xaa (SEQ ID NO: 50050)

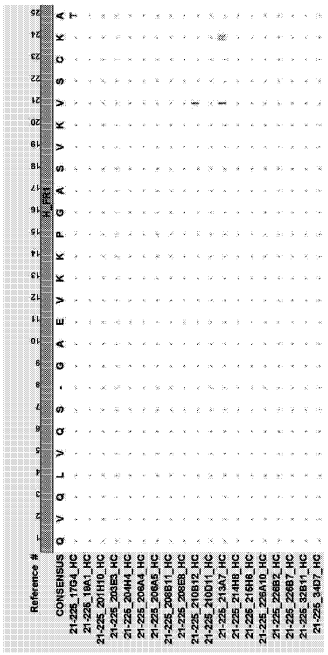
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50051)

Gly Tyr Tyr Ile His (SEQ ID NO: 50525)

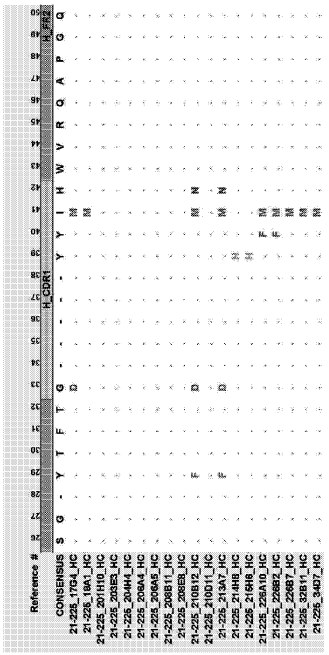
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50526)

Gly Tyr Ser Tyr Gly Tyr Asn Trp Phe Asp Pro (SEQ ID NO: 50527)

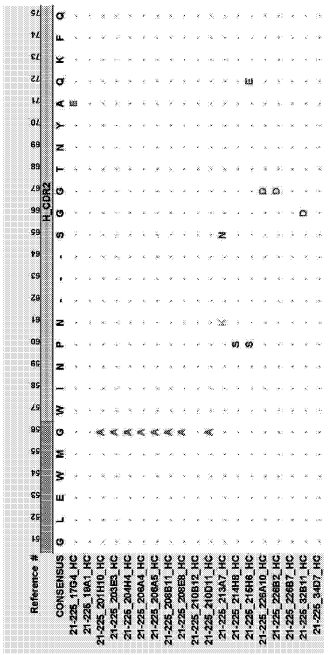
【図５７－３０６】



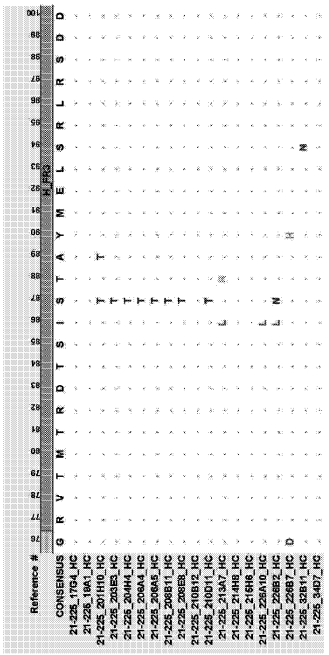
【図５７－３０７】



【図５７－３０８】

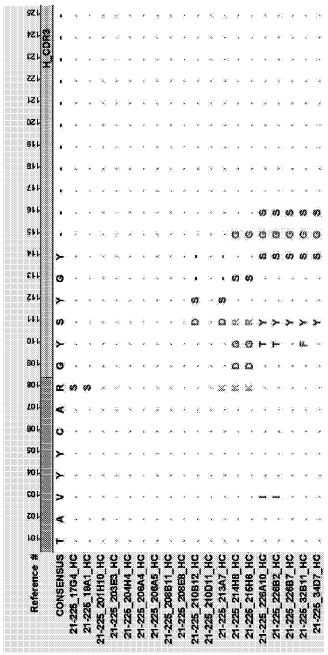


【図５７－３０９】



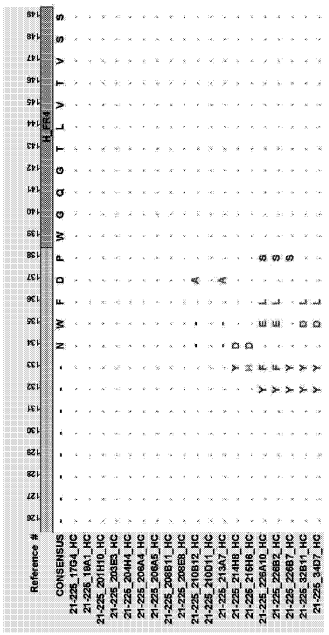
【図５７－３１０】

FIGURE 57



【図５７－３１１】

FIGURE 57



【図５７－３１２】

FIGURE 57

Table 69. Consensus 35- VH3/3-33/D11-1/JRF3/JH6 (SEQ ID NO: 50286):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSH----YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD----GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGDWNP----------EGMDYWGQGTTVTVSS wherein:

H in position 33 can be substituted with N

Y in position 39 can be substituted with S

V in position 57 can be substituted with I

W in position 59 can be substituted with Y

N in position 67 can be substituted with Y

K in position 68 can be substituted with E

Y in position 70 can be substituted with C or N

G in position 109 can be substituted with D

D in position 110 can be substituted with R

W in position 111 can be substituted with H

N in position 112 can be substituted with Y

P in position 113 can be substituted with D

null (-) in position 114 can be substituted with F

null (-) in position 115 can be substituted with H

null (-) in position 116 can be substituted with V

null (-) in position 117 can be substituted with P

【図５７－３１３】

FIGURE 57

null (-) in position 130 can be substituted with Y

null (-) in position 131 can be substituted with Y

null (-) in position 132 can be substituted with Y

null (-) in position 133 can be substituted with Y

E in position 134 can be substituted with Y

M in position 136 can be substituted with L

Xaa Xaa Gly Met His (SEQ ID NO: 50052)

Xaa Ile Xaa Tyr Asp Gly Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50053)

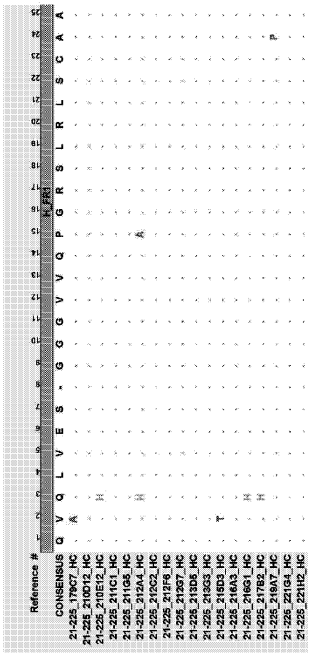
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50054)

His Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50528)

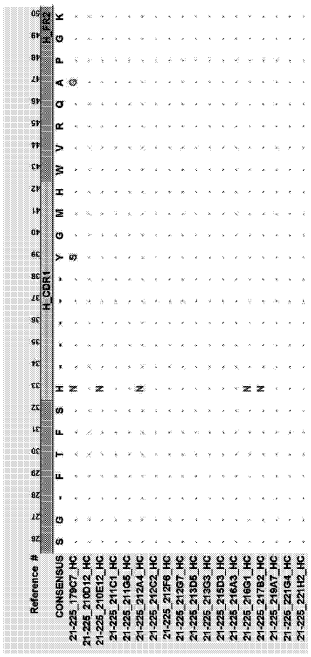
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50529)

Gly Asp Trp Asn Pro Glu Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50530)

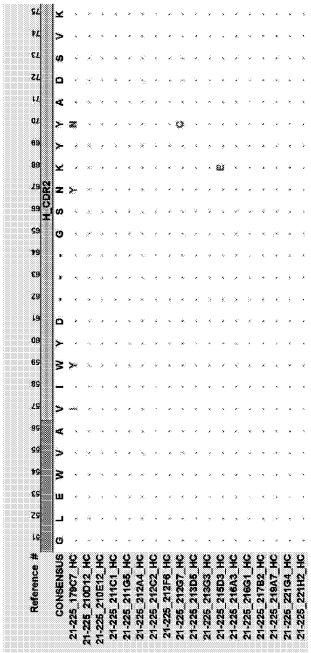
【図５７－３１４】



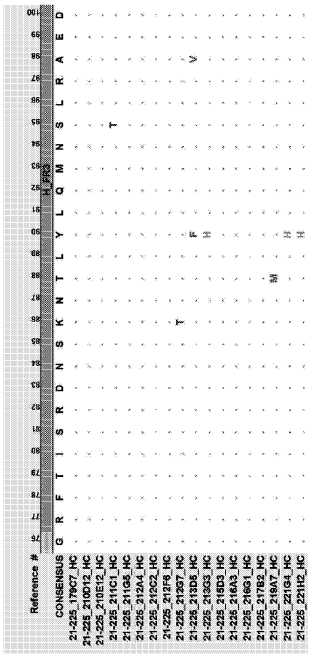
【図５７－３１５】



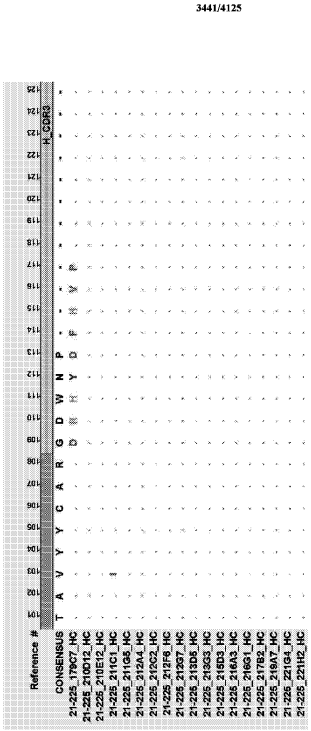
【図５７－３１６】



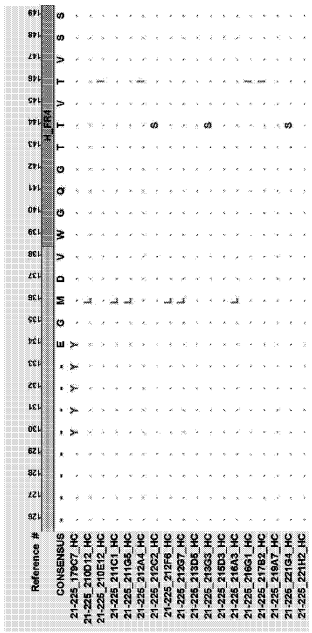
【図５７－３１７】



【図５７－３１８】



【図５７－３１９】



【図５７－３２０】

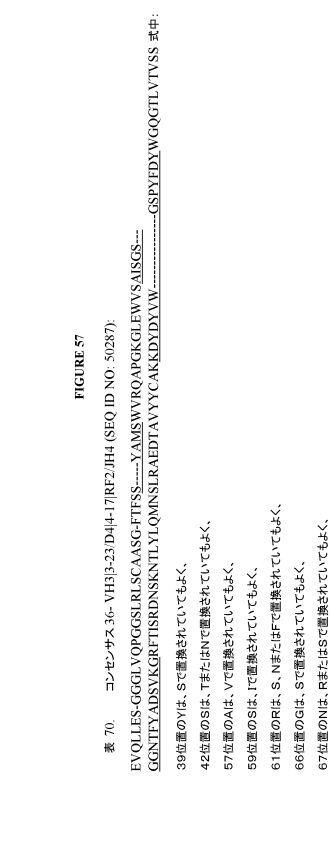
FIGURE 57

表 70.　コンセンサス 36- VH3|3-23|D4|4-17|RF2/JH4 (SEQ ID NO: 50287):

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS-----YAMSWVRQAPGKGLEWVSAISGS---
GGNTFYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKDYDYVW----------GSPYFDYWGQGTLVTVSS 式中:

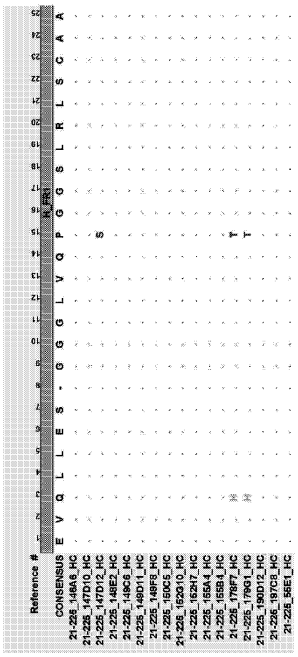
39位置のYは、Sで置換されていてもよく、
42位置のSは、Tまたはいずれも置換されていてもよく、
57位置のAは、Vで置換されていてもよく、
59位置のSは、Iで置換されていてもよく、
61位置のRは、S、Nまたはいずれも置換されていてもよく、
66位置のGは、Sで置換されていてもよく、
67位置のNは、Rまたはいずれも置換されていてもよく、
68位置のTは、Aで置換されていてもよく、
69位置のFは、Yで置換されていてもよく、
109位置のKは、Dまたはいずれも置換されていてもよく、
110位置のDは、Y、H、Mまたはいずれも置換されていてもよく、
111位置のYは、Gまたはいずれも置換されていてもよく、
112位置のDは、I、Rまたはいずれも置換されていてもよく、
113位置のYは、欠損(－)、Sまたはいずれも置換されていてもよく、
114位置のVは、欠損(－)、G、Rまたはいずれも置換されていてもよく、
115位置のWは、欠損(－)またはいずれも置換されていてもよく、
116位置の欠損(－)は、Aで置換されていてもよく、

【図５７－３２１】



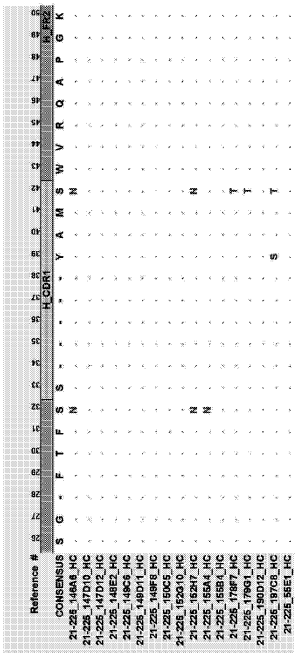
【図５７－３２２】

FIGURE 57



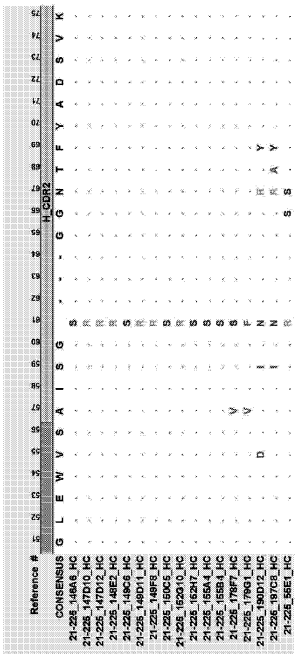
【図５７－３２３】

FIGURE 57



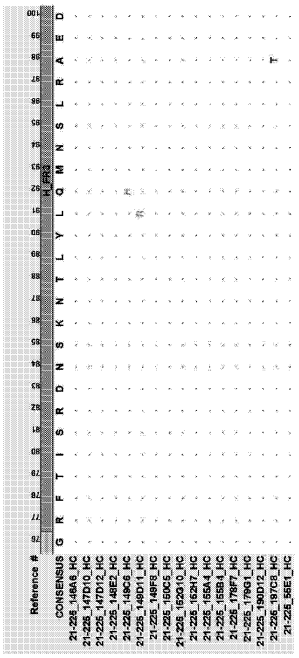
【図５７－３２４】

FIGURE 57



【図５７－３２５】

FIGURE 57



【図５７－３２６】

【図５７－３２７】

【図５７－３２８】

FIGURE 57

表 71. コンセンサス 37- VH1|1-02/D3|3-2|RF2/JH4 (SEQ ID NO: 50288)

QVQLVQS-GAEVKKPGASVKVSCK-ASG-YTFTG-----YYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN---
SGGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARSYYYGSGS----------YYNFEDYWGQGTLVTVSS 式中：

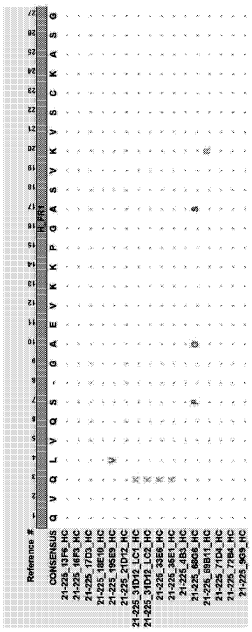
33位置のGは、Dで置換されていてもよく、
39位置のYは、Hで置換されていてもよく、
40位置のYは、Cで置換されていてもよく、
41位置のMは、Iで置換されていてもよく、
57位置のWは、Sで置換されていてもよく、
59位置のNは、Yで置換されていてもよく、
60位置のPは、Rで置換されていてもよく、
61位置のNは、Kで置換されていてもよく、
67位置のGは、Aで置換されていてもよく、
68位置のTは、Aで置換されていてもよく、
69位置のNは、Dで置換されていてもよく、
70位置のYは、Nまたは Sで置換されていてもよく、
71位置のAは、Gまたは Vで置換されていてもよく、
76位置のGは、Dまたは Vで置換されていてもよく、
109位置のSは、A、Yまたは Tで置換されていてもよく、
110位置のYは、Fまたは Nで置換されていてもよく、
112位置のYは、Hで置換されていてもよい。

【図５７－３２９】

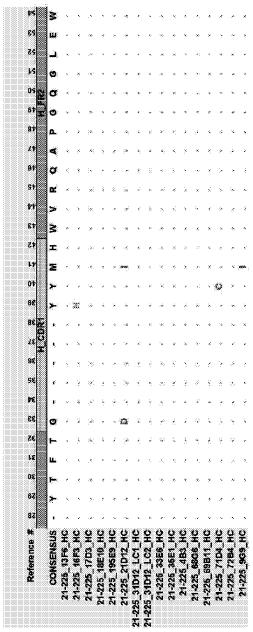
FIGURE 57

S in position 116 can be substituted with T
Y in position 133 can be substituted with H
E in position 135 can be substituted with G or D
Xaa Xaa Xaa Xaa His (SEQ ID NO: 50058)
Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Ser Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Gln Lys Phe Gln Xaa (SEQ ID NO: 50059)
Xaa Xaa Tyr Xaa Gly Ser Gly Xaa Tyr Xaa Asn Xaa Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50060)
Gly Tyr Tyr Met His (SEQ ID NO: 50534)
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50535)
Ser Tyr Tyr Tyr Gly Ser Gly Ser Tyr Tyr Asn Glu Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50536)

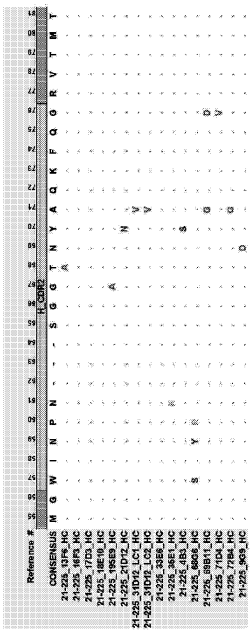
【図５７－３３０】



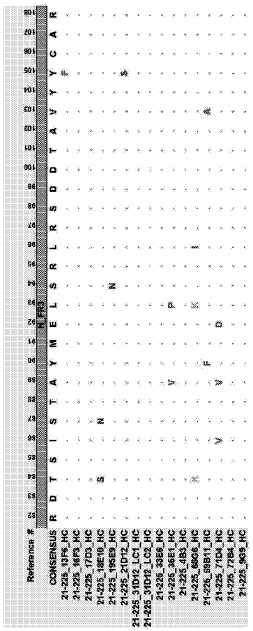
【図５７－３３１】



【図５７－３３２】

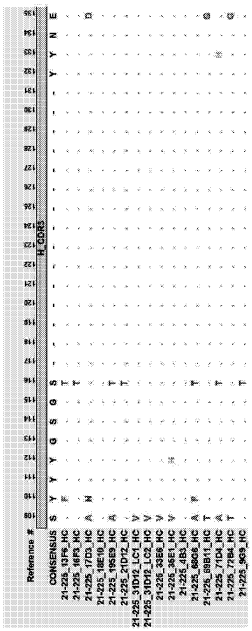


【図５７－３３３】



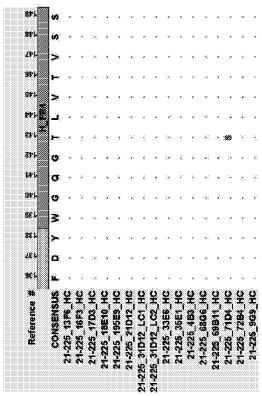
【図５７－３３４】

FIGURE 57



【図５７－３３５】

FIGURE 57



【図５７－３３６】

FIGURE 57

Table 72. Consensus 38 - VH1|1-02/D4|4-23|RF2/JH6 (SEQ ID NO: 50289):

QVQLVQS-GAEVKKPGASVKVSCKASG-YTFTG------YYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPY—

SGDTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRFDDTAVYYCARDWGGYSS----------YYYGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

I in position 41 can be substituted with T

D in position 67 can be substituted with G

N in position 69 can be substituted with K

Y in position 70 can be substituted with S

Y in position 134 can be substituted with F

Gly Tyr Tyr Xaa His (SEQ ID NO: 50061)

Trp Ile Asn Pro Tyr Ser Gly Xaa Thr Xaa Xaa Ala Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50062)

Asp Trp Gly Gly Tyr Ser Ser Tyr Tyr Xaa Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50236)

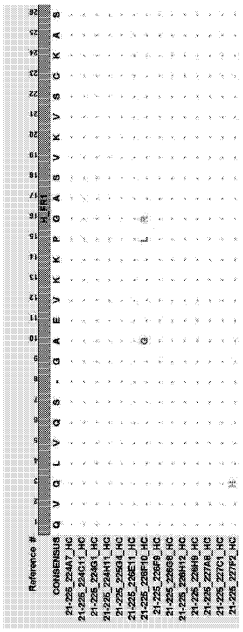
Gly Tyr Tyr Ile His (SEQ ID NO: 50537)

Trp Ile Asn Pro Tyr Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50538)

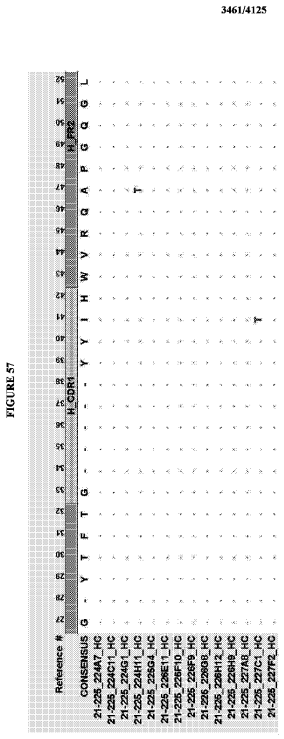
Asp Trp Gly Gly Tyr Ser Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50539)

【図５７－３３７】

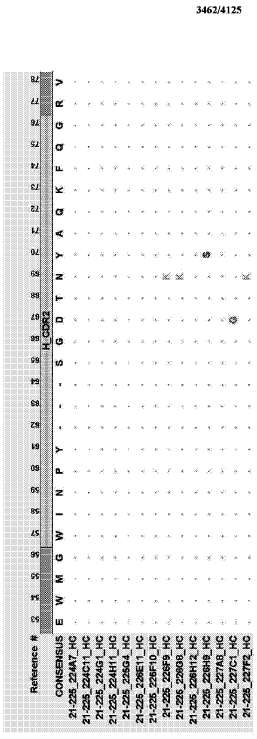
FIGURE 57



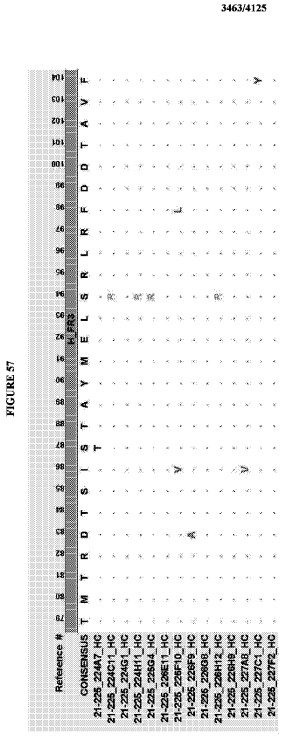
【図５７－３３８】



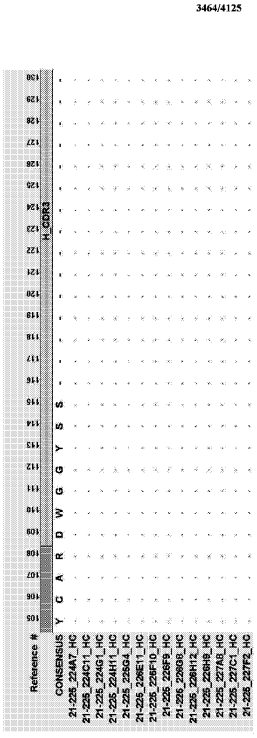
【図５７－３３９】



【図５７－３４０】

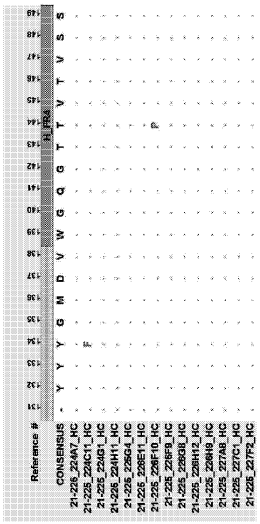


【図５７－３４１】



【図５７－３４２】

FIGURE 57



【図５７－３４３】

FIGURE 57

Table 73. Consensus 39 - VH3|3-21/D7-27|RF1/JH4 (SEQ ID NO: 50290):

EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASG-FTFSS----XSMNWVRQAPGKGLEWVSSISGS---
SSYIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARLT----------FDXWGQGTLVTVSS wherein:

S in position 33 can be substituted with T

Y in position 39 can be substituted with F

S in position 40 can be substituted with T, N or G

N in position 42 can be substituted with S or I

G in position 60 can be substituted with S

S in position 61 can be substituted with T

S in position 65 can be substituted with I or N

S in position 66 can be substituted with N, T or Y

I in position 68 can be substituted with M or S

Y in position 69 can be substituted with N

A in position 71 can be substituted with T

Xaa Xaa Xaa Met Xaa (SEQ ID NO: 50063)

Ser Ile Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Tyr Xaa Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50064)

Leu Thr Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50065)

Ser Tyr Ser Met Asn (SEQ ID NO: 50540)

Ser Ile Ser Gly Ser Ser Ser Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50541)

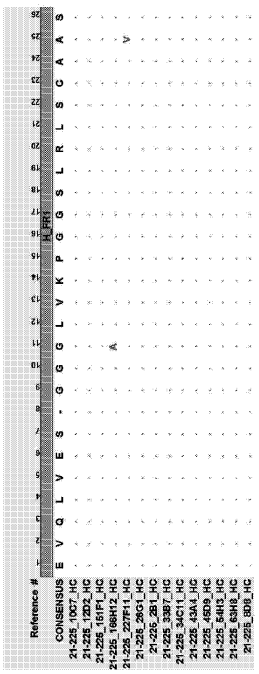
Leu Thr Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50542)

【図５７－３４４】

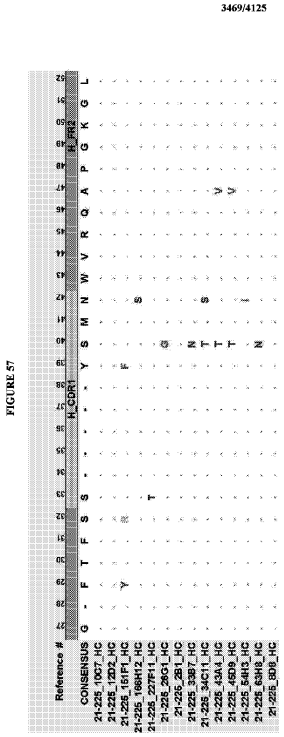
FIGURE 57

【図５７－３４５】

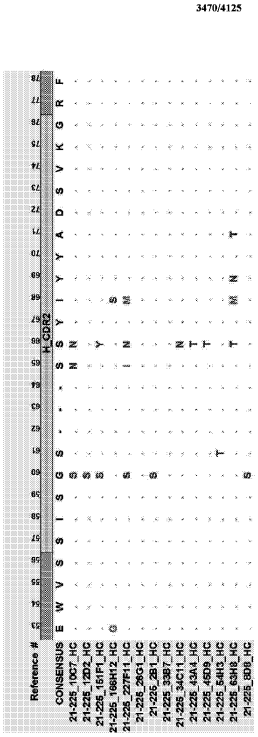
FIGURE 57



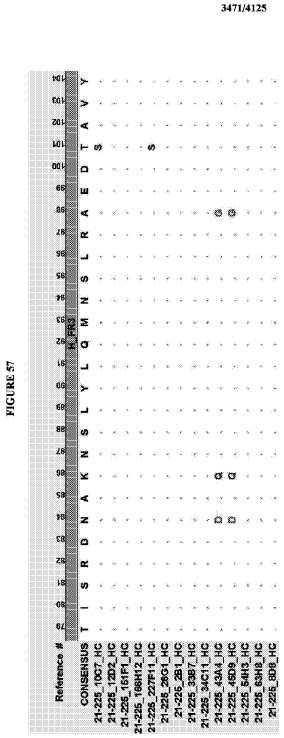
【図５７－３４６】



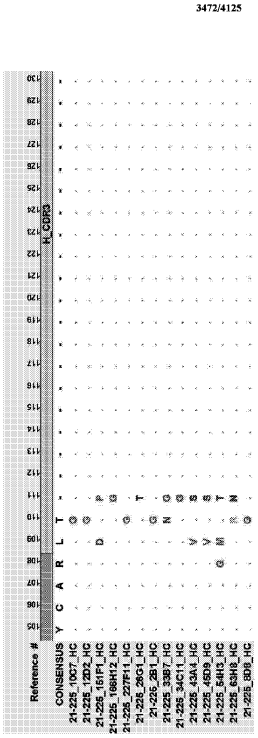
【図５７－３４７】



【図５７－３４８】

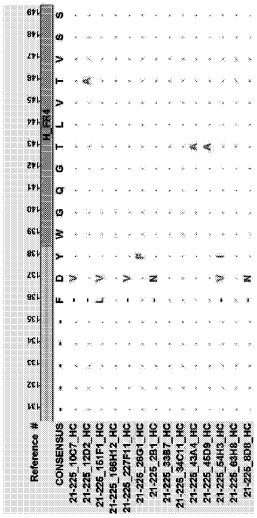


【図５７－３４９】



【図５７－３５０】

FIGURE 57



【図５７－３５１】

FIGURE 57

Table 74. Consensus 40 - VH3|3-33/D3|3-9|RF2|JH4 (SEQ ID NO: 50291):

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFS[]----YGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWYD---
GTNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQLNSLRAEDTAVYYCARDPLRGYN----------DPVMDYWGQGTLVTVSS wherein:

T in position 33 can be substituted with S

I in position 57 can be substituted with V

T in position 66 can be substituted with S

K in position 75 can be substituted with R

M in position 136 can be substituted with L

Xaa Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50066)

Xaa Ile Trp Tyr Asp Gly Xaa Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Xaa Gly (SEQ ID NO: 50067)

Asp Pro Leu Arg Gly Tyr Asn Asp Pro Val Xaa Asp Tyr (SEQ ID NO: 50068)

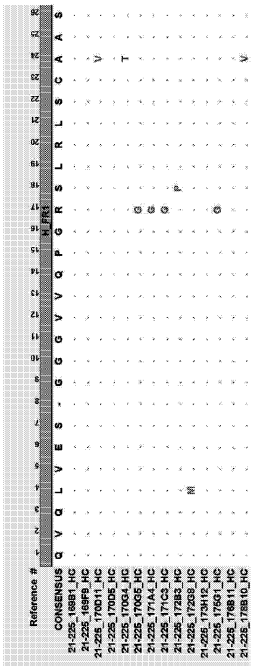
Thr Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50543)

Ile Ile Trp Tyr Asp Gly Thr Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50544)

Asp Pro Leu Arg Gly Tyr Asn Asp Pro Val Met Asp Tyr (SEQ ID NO: 50545)

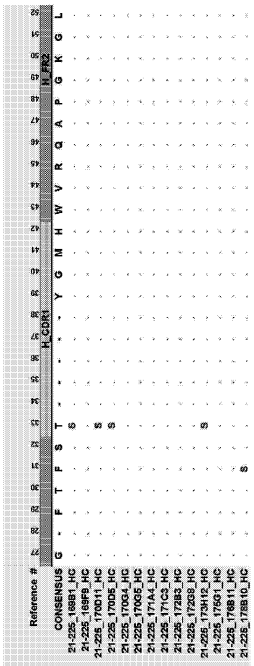
【図５７－３５２】

FIGURE 57

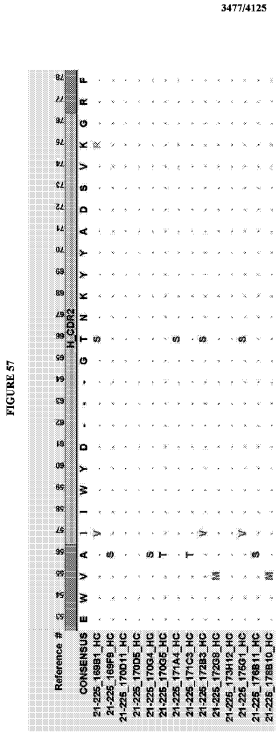


【図５７－３５３】

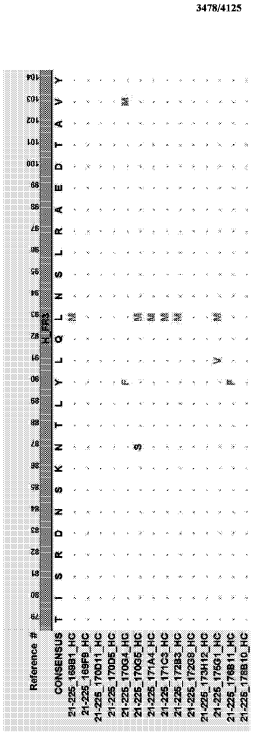
FIGURE 57



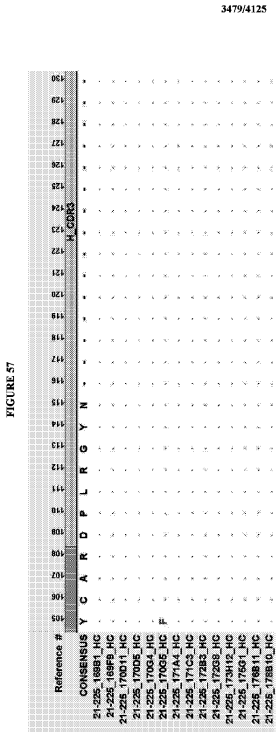
【図５７－３５４】



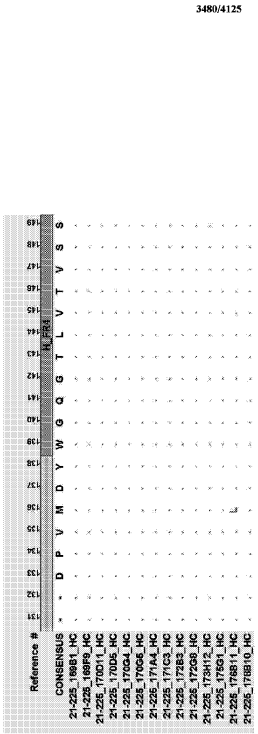
【図５７－３５５】



【図５７－３５６】



【図５７－３５７】



【図５７－３５８】

FIGURE 57

Table 75. Consensus 41 - VH3|3-23/D4|4-17|RF2|JH5 (SEQ ID NO: 50292):

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS-----YAMSWVRQAPGKGLEWVSAISGR---
GGNTFYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKRVTDYGG-----------NDWFDPWGQGTLVTVSS wherein:

S in position 33 can be substituted with N

S in position 42 can be substituted with N or T

R in position 61 can be substituted with S

G in position 66 can be substituted with K

Xaa Tyr Ala Met Xaa (SEQ ID NO: 50069)

Ala Ile Ser Gly Xaa Gly Xaa Asn Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50070)

Arg Val Thr Asp Tyr Gly Gly Asn Asp Trp Phe Asp Pro (SEQ ID NO: 50071)

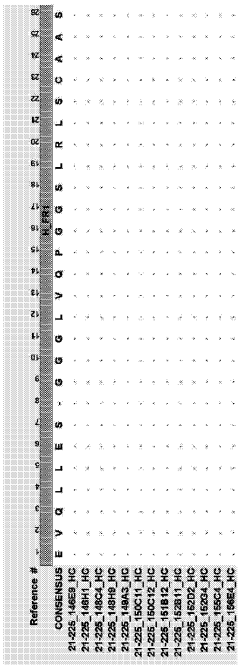
Ser Tyr Ala Met Ser (SEQ ID NO: 50546)

Ala Ile Ser Gly Arg Gly Gly Asn Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50547)

Arg Val Thr Asp Tyr Gly Gly Asn Asp Trp Phe Asp Pro (SEQ ID NO: 50548)

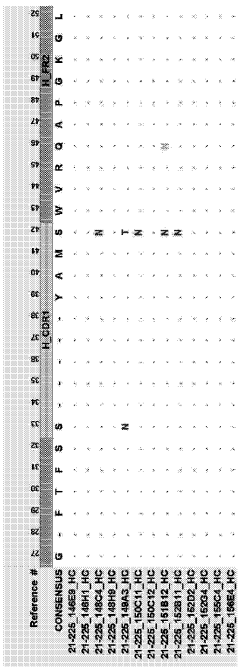
【図５７－３５９】

FIGURE 57



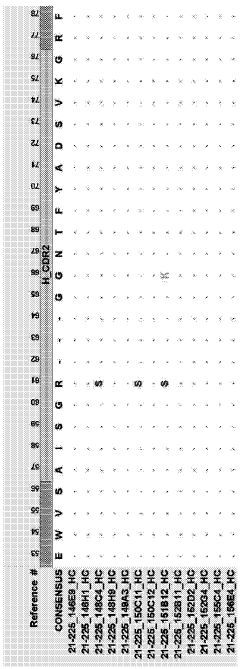
【図５７－３６０】

FIGURE 57



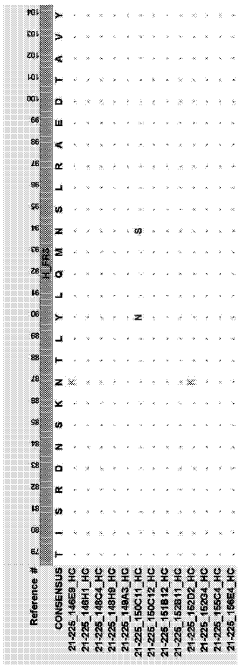
【図５７－３６１】

FIGURE 57



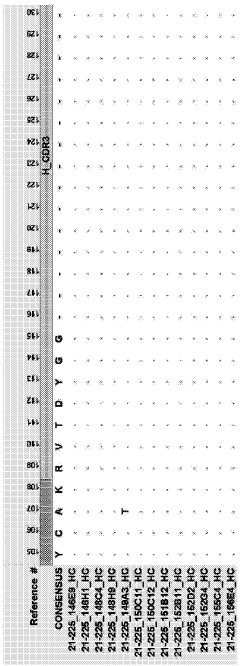
【図５７－３６２】

FIGURE 57



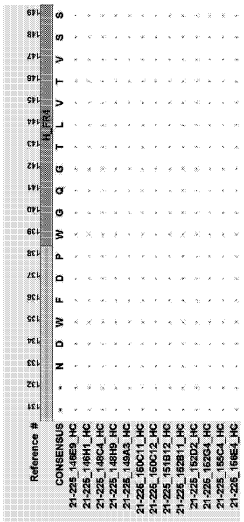
【図５７－３６３】

FIGURE 57



【図５７－３６４】

FIGURE 57



【図５７－３６５】

FIGURE 57

Table 76. Consensus 42 - VH3|3-33/D3|3-3|RF2|JH6 (SEQ ID NO: 50293):

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSI----YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYG---
GSNKDYADSVKGRFTISRDISKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRDYCSGGSC--------PYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

T in position 33 can be substituted with S

I in position 58 can be substituted with V

G in position 61 can be substituted with D

S in position 66 can be substituted with N

N in position 67 can be substituted with D or S

K in position 68 can be substituted with T

D in position 69 can be substituted with Y or S

Y in position 70 can be substituted with F

A in position 71 can be substituted with V

K in position 75 can be substituted with R or T

D in position 111 can be substituted with V

Y in position 112 can be substituted with F

G in position 116 can be substituted with T

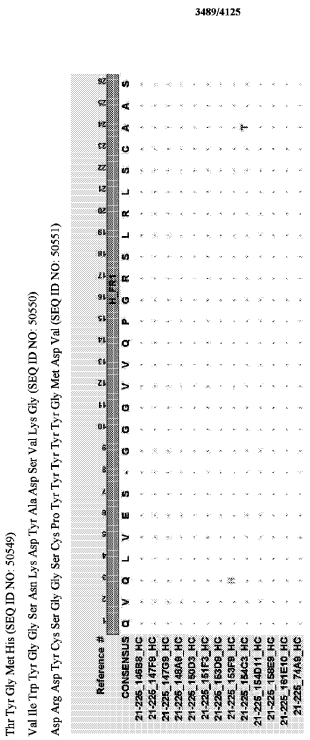
S in position 117 can be substituted with T or N

Xaa Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50072)

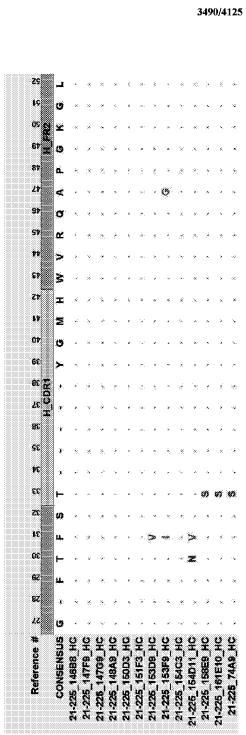
Val Xaa Trp Tyr Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Ser Val Xaa Gly (SEQ ID NO: 50073)

Asp Arg Xaa Xaa Cys Ser Gly Xaa Xaa Cys Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50074)

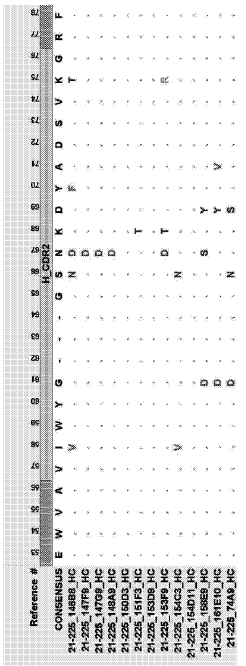
【図５７－３６６】



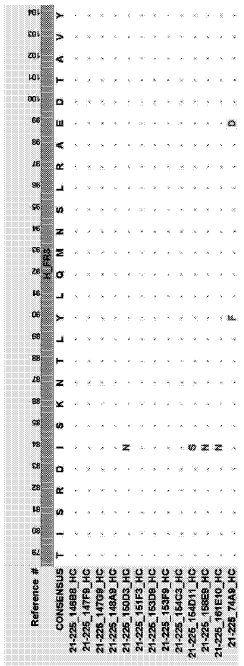
【図５７－３６７】



【図５７－３６８】

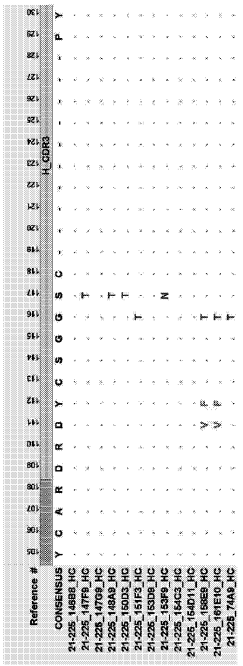


【図５７－３６９】



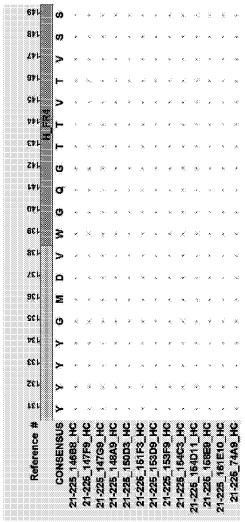
【図５７－３７０】

FIGURE 57



【図５７－３７１】

FIGURE 57



【図５７－３７２】

FIGURE 57

Table 77. Consensus 43 - VH4|4-39/D|4-17|RF2/JH4 (SEQ ID NO: 50294):

QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSG-GSISSSSYYWGWIRQPPGKGLEWIGNIXYY---SGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCGRHJGKDW----------GLDYWGQGTLVTVSS wherein:

S in position 65 can be substituted with G

S in position 67 can be substituted with T or N

T in position 68 can be substituted with A

Y in position 70 can be substituted with N, D, H or T

L in position 74 can be substituted with V

S in position 76 can be substituted with G

Y in position 138 can be substituted with F or N

Arg Ser Ser Tyr Tyr Trp Gly (SEQ ID NO: 50075)

Asn Ile Tyr Tyr Xaa Gly Xaa Tyr Xaa Asn Pro Ser Xaa Lys Xaa (SEQ ID NO: 50076)

His Gly Lys Asp Trp Gly Leu Asp Xaa (SEQ ID NO: 50077)

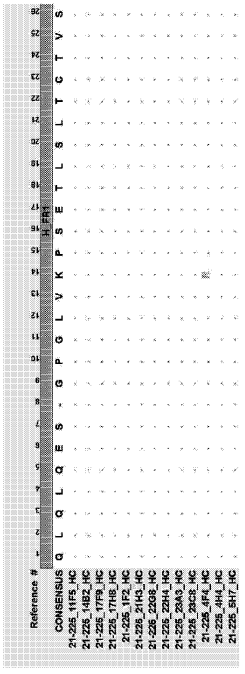
Arg Ser Ser Tyr Tyr Trp Gly (SEQ ID NO: 50552)

Asn Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50553)

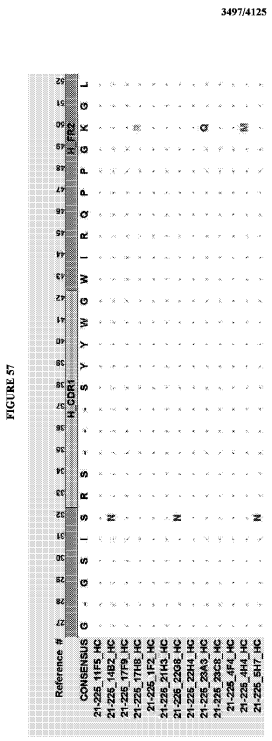
His Gly Lys Asp Trp Gly Leu Asp Tyr (SEQ ID NO: 50554)

【図５７－３７３】

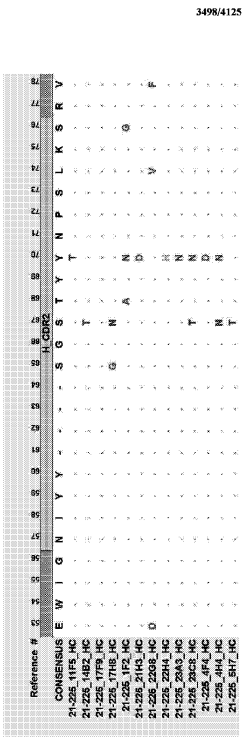
FIGURE 57



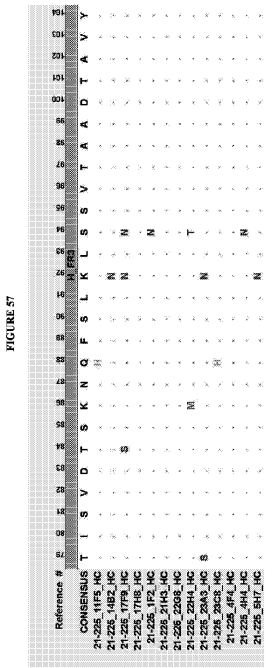
【図５７－３７４】



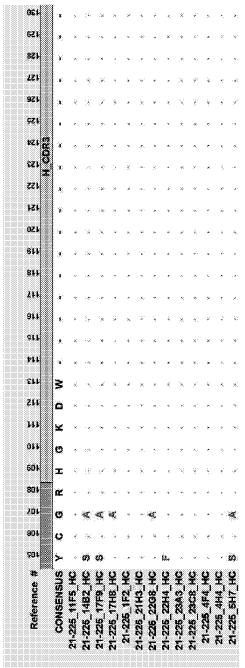
【図５７－３７５】



【図５７－３７６】

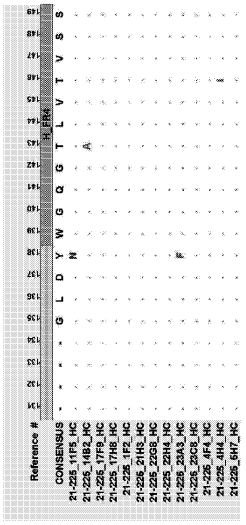


【図５７－３７７】



【図５７－３７８】

FIGURE 57



【図５７－３７９】

FIGURE 57

Table 78. Consensus 44 - VH1[1-02/D7/7-27/RF1/JH4 (SEQ ID NO: 50295):

QVQLVQS-GAEVKKPGASVKVSCKASG-YTFTG-----YYMHWVRQAPGQGLEWAMGWIKPN---
SGGTNQAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSGLRSDDTAVYYCARQGTAAAG----------TWGYFDYWGQGTLVTVSS wherein:

M at position 41 can be substituted with I

K in position 59 can be substituted with N

N in position 61 can be substituted with K

Q in position 70 can be substituted with S, H, N or Y

A in position 71 can be substituted with V

T in position 112 can be substituted with K or I

A in position 113 can be substituted with V

A in position 114 can be substituted with P

A in position 115 can be substituted with T

T in position 132 can be substituted with S

Y in position 135 can be substituted with F or C

Gly Tyr Tyr Xaa His (SEQ ID NO: 50078)

Trp Ile Xaa Pro Xaa Ser Gly Gly Thr Asn Xaa Xaa Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50079)

Ala Pro Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Trp Gly Xaa Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50080)

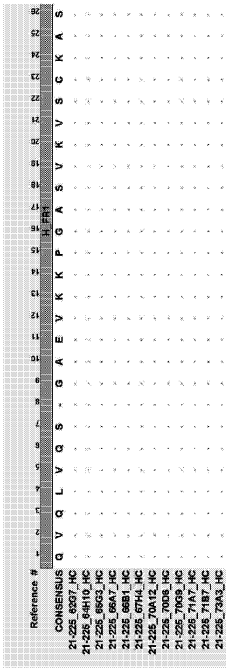
Gly Tyr Tyr Met His (SEQ ID NO: 50555)

Trp Ile Lys Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Gln Ala Gln Lys Phe Gln Gly (SEQ ID NO: 50556)

Ala Pro Gly Thr Ala Ala Ala Gly Thr Trp Gly Tyr Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50557)

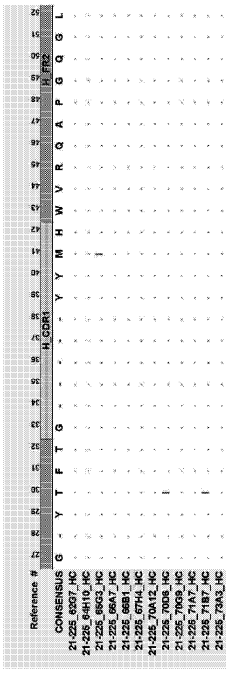
【図５７－３８０】

FIGURE 57



【図５７－３８１】

FIGURE 57



【図５７－３８２】

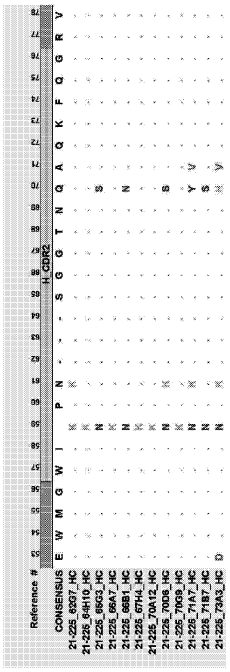


FIGURE 57

【図５７－３８３】

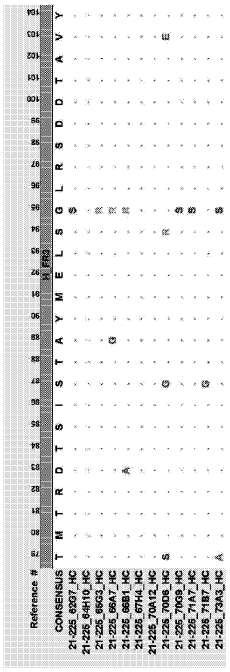


FIGURE 57

【図５７－３８４】

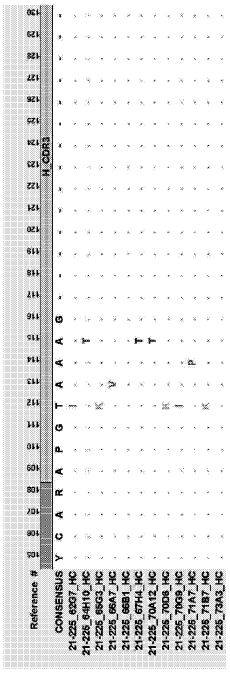


FIGURE 57

【図５７－３８５】

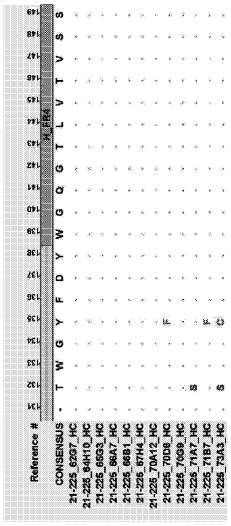


FIGURE 57

【図５７－３８６】

FIGURE 57

Table 79. Consensus 45 - VH2|2-05/D6|6-6|RF2.JH4 (SEQ ID NO: 50296):

QITLKES-GPTLVKPTQTL/TLTCTFSG-FSLSTG----GVGVGWIRQPPGKALEWLALIYW-----
DDDKRYSPSLKSRLTITKDTSKNQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHIJAV-----AFDYWGQGTLVTVSS wherein:

G in position 34 can be substituted with S

L in position 57 can be substituted with F

D in position 65 can be substituted with H, N, K or S

K in position 68 can be substituted with E

K in position 75 can be substituted with R

L in position 109 can be substituted with I or A

I in position 110 can be substituted with V or A

A in position 135 can be substituted with S

F in position 136 can be substituted with C

Thr Xaa Gly Val Gly Val Gly (SEQ ID NO: 50081)

Xaa Ile Tyr Trp Xaa Asp Asp Xaa Arg Tyr Ser Pro Ser Leu Xaa Ser (SEQ ID NO: 50082)

Xaa Xaa Ala Val Xaa Xaa Asp Tyr (SEQ ID NO: 50083)

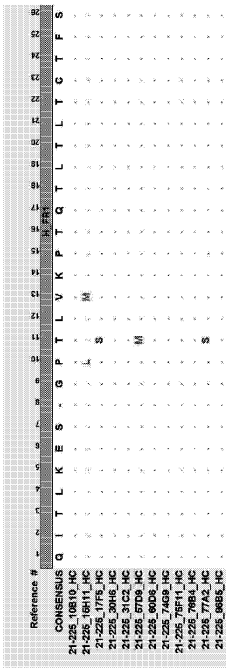
Thr Gly Gly Val Gly Val Gly (SEQ ID NO: 50558)

Leu Ile Tyr Trp Asp Asp Lys Arg Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50559)

Leu Ile Ala Val Ala Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50560)

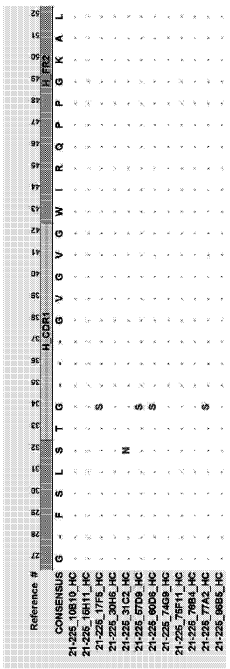
【図５７－３８７】

FIGURE 57



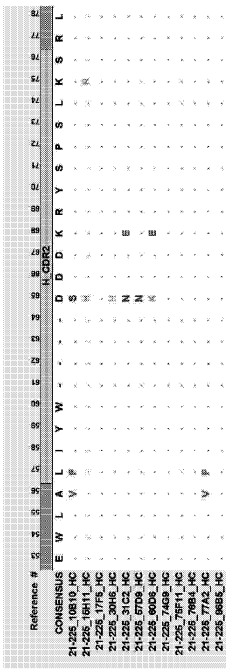
【図５７－３８８】

FIGURE 57



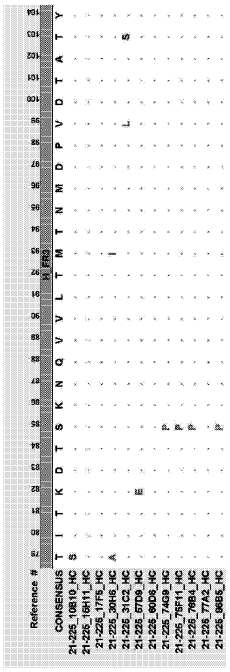
【図５７－３８９】

FIGURE 57



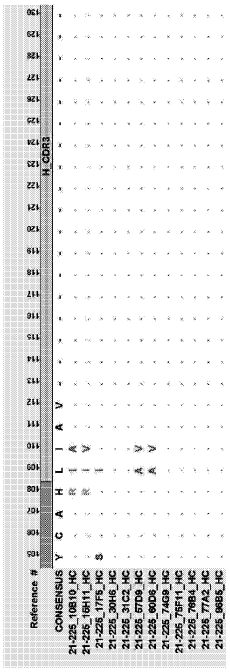
【図５７－３９０】

FIGURE 57



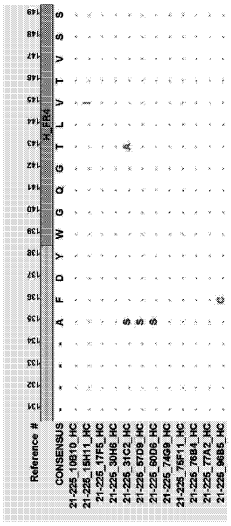
【図５７－３９１】

FIGURE 57



【図５７－３９２】

FIGURE 57



【図５７－３９３】

FIGURE 57

Table 80. Consensus 46 - VH3|3-33/D3|3-22|RF2/JH4 (SEQ ID NO: 50297):

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFS-----YGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWYD---GSYKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAREAYDFW----------SQYFDYWGQGTLVTVSS wherein

S at position 33 can be substituted with N or T

I at position 57 can be substituted with V

Y at position 67 can be substituted with N

A at position 71 can be substituted with V

A at position 110 can be substituted with G, R, or N

Y at position 135 can be substituted with F or H

F at position 136 can be substituted with L, Y, or W

D at position 137 can be substituted with G

Y at position 138 can be substituted with S

Xaa Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50084)

Xaa Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Xaa Lys Tyr Tyr Xaa Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50085)

Glu Xaa Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50086)

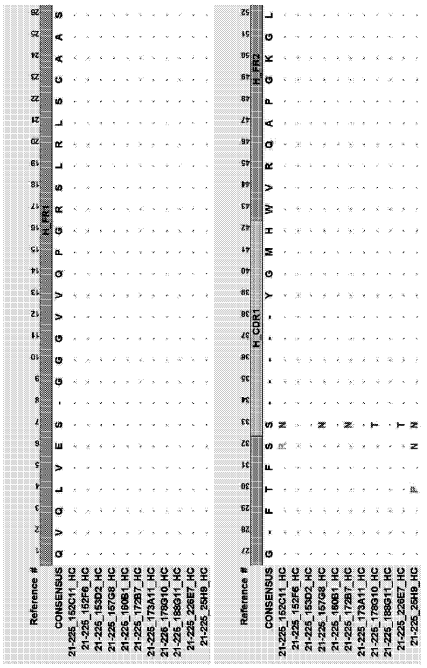
Ser Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50561)

Ile Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Tyr Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50562)

Glu Ala Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50563)

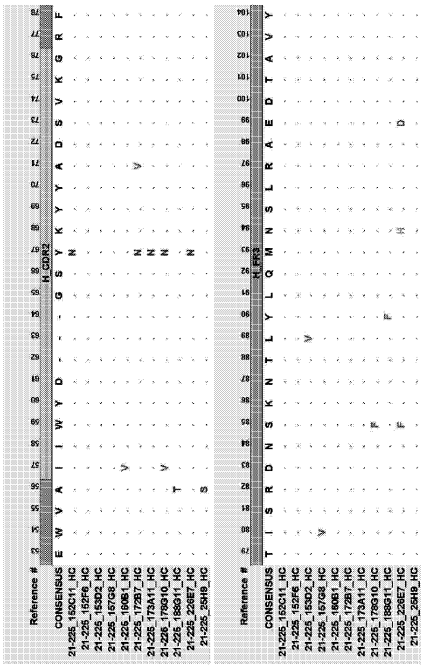
【図５７－３９４】

FIGURE 57



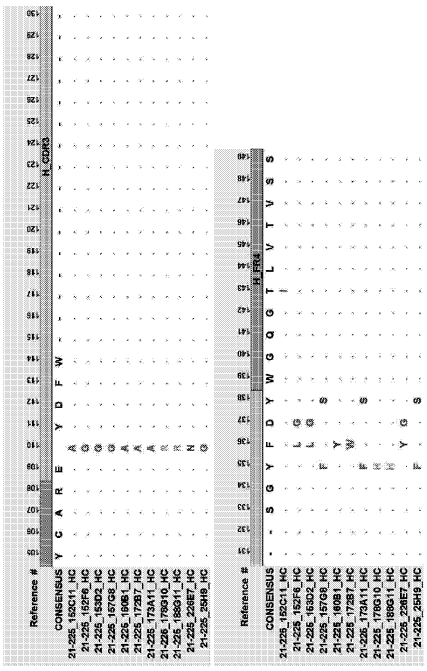
【図５７－３９５】

FIGURE 57



【図５７－３９６】

FIGURE 57



【図５７－３９７】

FIGURE 57

Table 81. Consensus 47 -VH3/3-33/D5/5-18/RF3/JH6 (SEQ ID NO: 50298).

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSS-----YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD---GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRDYGD----------YGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

M at position 41 can be substituted with L

Y at position 69 can be substituted with N

A at position 71 can be substituted with E

D at position 109 can be substituted with W

R at position 110 can be substituted with R, G or Y

D at position 111 can be substituted with S or Y

G at position 113 can be substituted with Y

D at position 114 can be substituted with Y

null (-) at position 115 can be substituted with P

null (-) at position 116 can be substituted with P

null (-) at position 117 can be substituted with Y

null (-) at position 131 can be substituted with Y

null (-) at position 132 can be substituted with Y

null (-) at position 133 can be substituted with Y

Y at position 134 can be substituted with D

Ser Tyr Gly Xaa His (SEQ ID NO: 50087)

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Xaa Tyr Xaa Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50088)

【図５７－３９８】

FIGURE 57

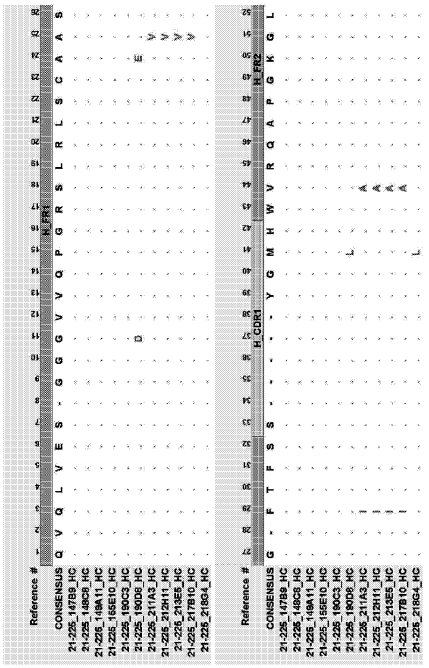
Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50089)

Ser Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50564)

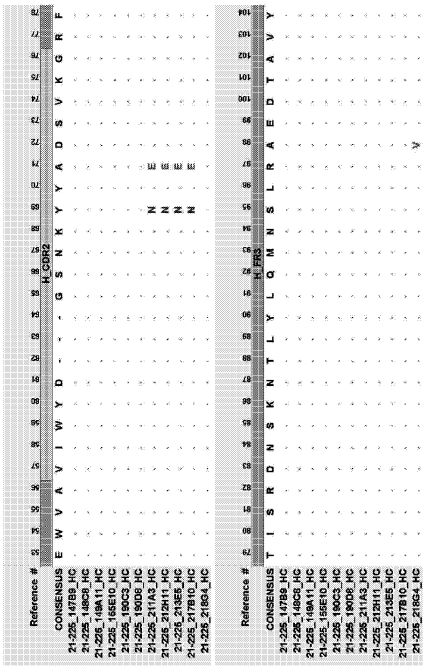
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50565)

Asp Arg Asp Tyr Gly Asp Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50566)

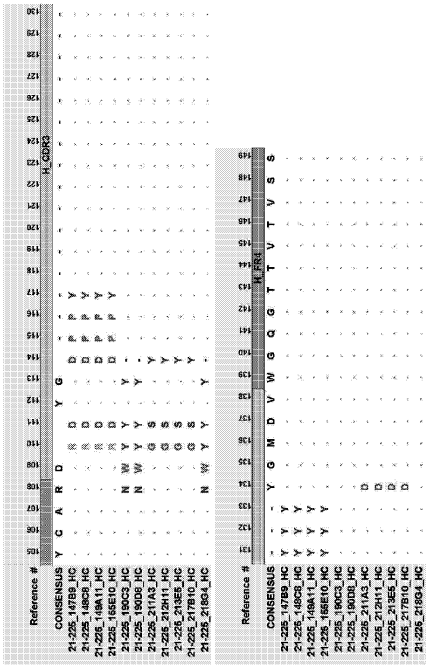
【図５７－３９９】



【図５７－４００】



【図５７－４０１】



【図５７－４０２】

FIGURE 57

Table 82. Consensus 48 -VH3|3-23/D4|4-17/RF2/JH6 (SEQ ID NO: 50299).

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS------YAMSWVRQAPGKGLEWVSAISGS---
GGNTFYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKLGKDYY----------YYGMDVWGQGTTVTVSS wherein

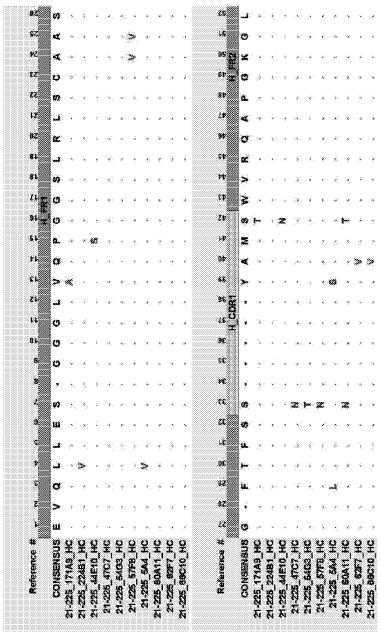
S at position 33 can be substituted with N or T
Y at position 39 can be substituted with S
A at position 40 can be substituted with V
S at position 42 can be substituted with T or N
A at position 57 can be substituted with G
I at position 58 can be substituted with S or V
S at position 59 can be substituted with V
S at position 61 can be substituted with R
G at position 66 can be substituted with A, S or V
N at position 67 can be substituted with R or K
F at position 69 can be substituted with Y
Y at position 70 can be substituted with N
A at position 71 can be substituted with T
K at position 75 can be substituted with T
L at position 109 can be substituted with D or E
G at position 110 can be substituted with R
K at position 111 can be substituted with G or I

【図５７－４０３】

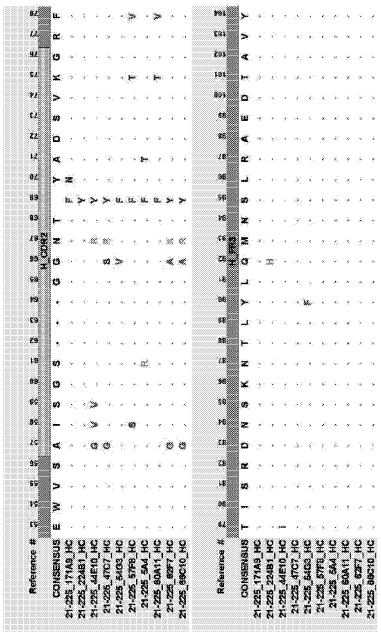
FIGURE 57

D at position 112 can be substituted with Q or Y
Y at position 113 can be substituted with W
Y at position 114 can be substituted with H or L
Y at position 133 can be substituted with null (-), L or L
Y at position 134 can be substituted with G
M at position 136 can be substituted with V
Xaa Xaa Xaa Met Xaa (SEQ ID NO: 50090)
Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Gly Xaa Xaa Thr Xaa Xaa Xaa Asp Ser Val Xaa Gly (SEQ ID NO: 50091)
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50092)
Ser Tyr Ala Met Ser (SEQ ID NO: 50567)
Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Asn Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50568)
Leu Gly Lys Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50569)

【図５７－４０４】

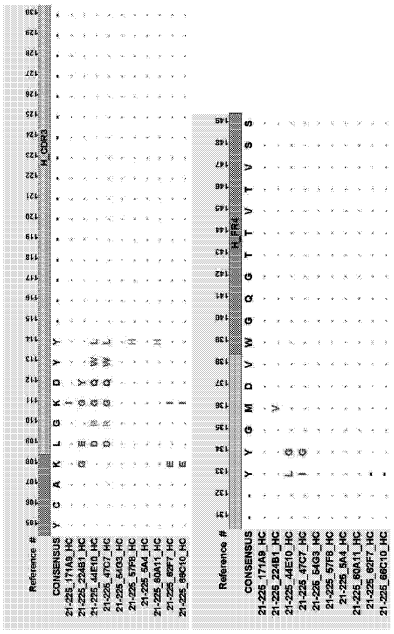


【図５７－４０５】



【図５７－４０６】

FIGURE 57



【図５７－４０７】

FIGURE 57

Table 83. Consensus 49 -VH3/3-23/D7/J7-27/RF1/JH4 (SEQ ID NO: 50300):

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS----YXMSWVRQAPGKGLEWVSAMSGS---

GGRTYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAK-LTA----------FDYWGQGTLVTVSS wherein:

V at position 40 can be substituted with A

S at position 42 can be substituted with N

A at position 57 can be substituted with G, T or S

M at position 58 can be substituted with I or T

G at position 66 can be substituted with N or V

R at position 67 can be substituted with N or W

Y at position 69 can be substituted with F or N

K at position 75 can be substituted with N

G at position 76 can be substituted with D

L at position 109 can be substituted with V, Y or F

T at position 110 can be substituted with E, F or G

A at position 111 can be substituted with G, L, W, null (-) or F

null (-) at position 112 can be substituted with G or M

null (-) at position 113 can be substituted with V

null (-) at position 114 can be substituted with G

null (-) at position 133 can be substituted with A

null (-) at position 134 can be substituted with G

【図５７－４０８】

FIGURE 57

null (-) at position 135 can be substituted with I or F

F at position 136 can be substituted with N or null (-)

D at position 137 can be substituted with G or I

Y at position 138 can be substituted with D

Ser Tyr Xaa Met Xaa (SEQ ID NO: 50093)

Xaa Xaa Ser Gly Ser Gly Xaa Xaa Thr Xaa Tyr Ala Asp Ser Val Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50094)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50095)

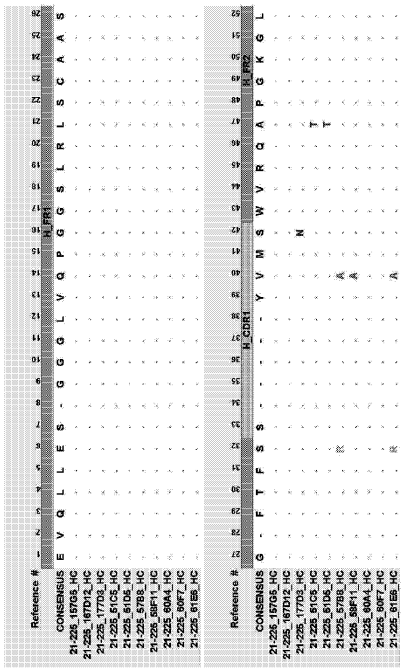
Ser Tyr Val Met Ser (SEQ ID NO: 50570)

Ala Met Ser Gly Ser Gly Gly Arg Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50571)

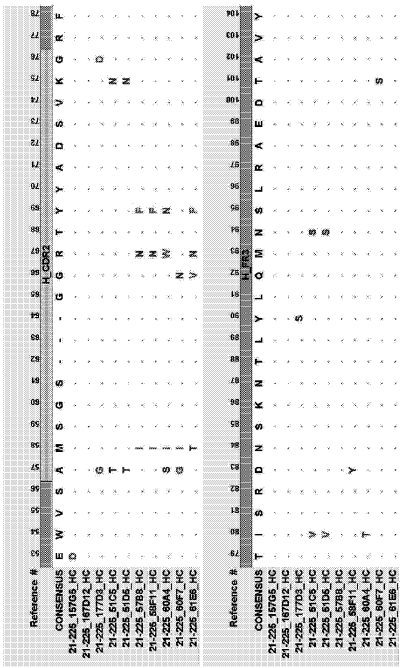
Leu Thr Ala Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50572)

【図５７－４０９】

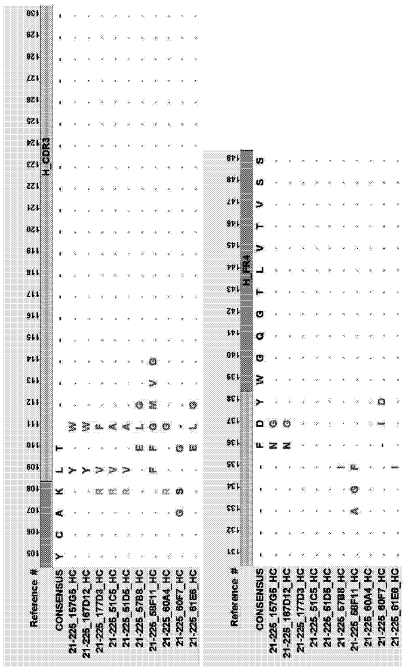
FIGURE 57



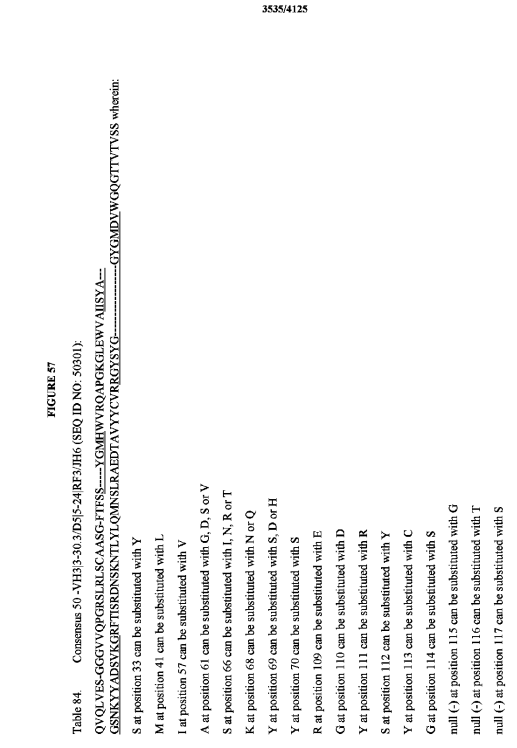
【図５７－４１０】



【図５７－４１１】



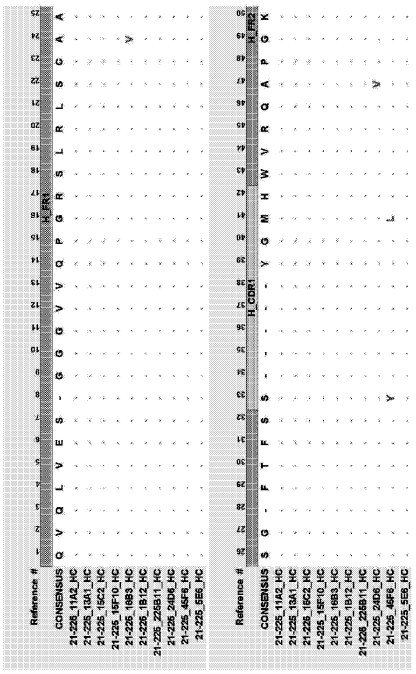
【図５７－４１２】



【図５７－４１３】

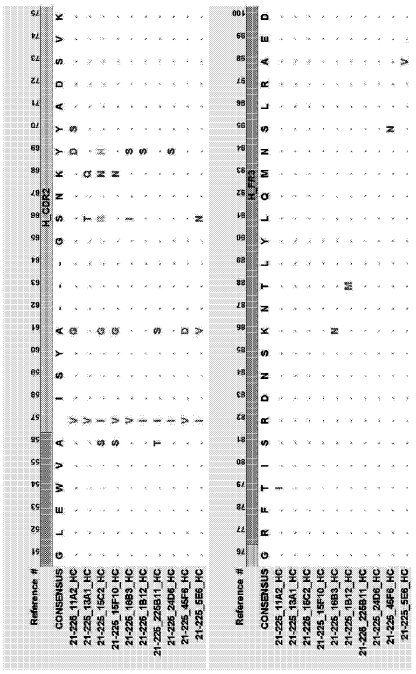
【図５７－４１４】

FIGURE 57



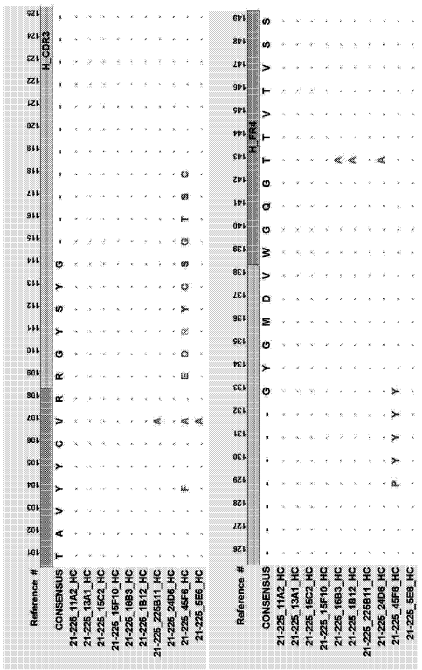
【図５７－４１５】

FIGURE 57



【図５７－４１６】

FIGURE 57



【図５７－４１７】

FIGURE 57

Table 85. Consensus 51 -VH3-33/D3[3-10]RF2/JH6 (SEQ ID NO: 50302).

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSD----YYMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD—

GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARE----PYYSGW----------YDYGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

D at position 33 can be substituted with S

Y at position 39 can be substituted with C

V at position 40 can be substituted with G

H at position 42 can be substituted with Q

V at position 57 can be substituted with I

G at position 76 can be substituted with V

P at position 110 can be substituted with R

T at position 112 can be substituted with N

Y at position 132 can be substituted with H

M at position 136 can be substituted with L

Xaa Xaa Xaa Met Xaa (SEQ ID NO: 50099)

Xaa Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Xaa (SEQ ID NO: 50100)

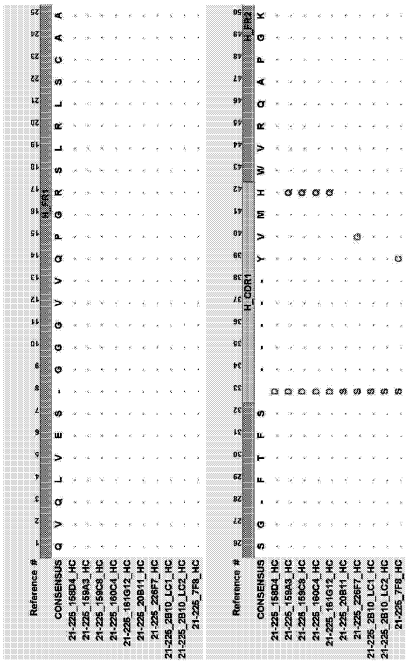
Glu Xaa Tyr Xaa Ser Gly Trp Xaa Asp Tyr Gly Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50101)

Asp Tyr Val Met His (SEQ ID NO: 50576)

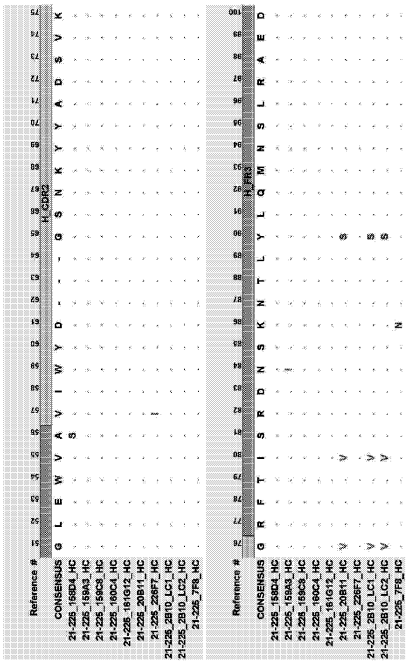
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50577)

Glu Pro Tyr Thr Ser Gly Trp Tyr Asp Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50578)

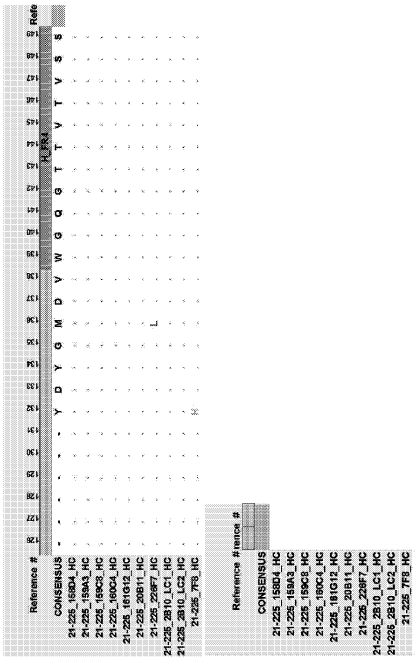
【図５７－４１８】



【図５７－４１９】



【図５７－４２０】



【図５７－４２１】

FIGURE 57

Table 86. Consensus 52-VH1[1-18/D3[3-3]RF2/JH6 (SEQ ID NO: 50303).

QVQLVQS-GAEVKKPGASVKVSCKASG-YTFNS----YGISWVRQAPGQGLEWMGWISAY---
NGNTKYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR[ID]WSGY----------YKGMDVWGQGTTVTVSS wherein:

I in position 41 can be substituted with F or V

T in position 68 can be substituted with R

Y in position 70 can be substituted with N, E or F

K in position 73 can be substituted with R

L in position 74 can be substituted with F

Ser Tyr Gly Xaa Ser (SEQ ID NO: 50102)

Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Xaa Lys Xaa Ala Gln Xaa Xaa Gln Gly (SEQ ID NO: 50103)

His Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Tyr Lys Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50227)

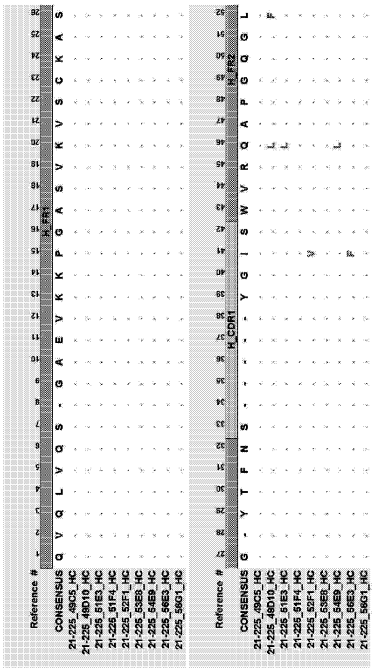
Ser Tyr Gly Ile Ser (SEQ ID NO: 50579)

Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Lys Tyr Ala Gln Lys Leu Gln Gly (SEQ ID NO: 50580)

His Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Tyr Lys Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50581)

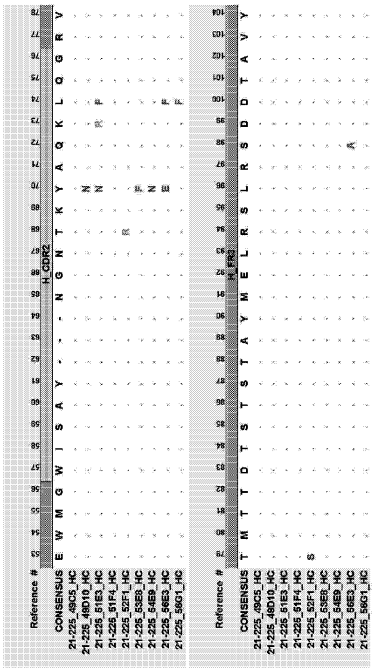
【図５７－４２２】

FIGURE 57



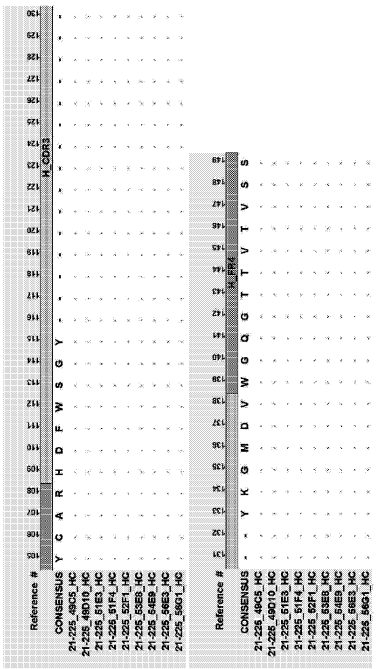
【図５７－４２３】

FIGURE 57



【図５７－４２４】

FIGURE 57



【図５７－４２５】

FIGURE 57

Table 87. Consensus 53 - VH3-23/D6[6-6]RF1/JH4 (SEQ ID NO: 50304):

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS----YAMSWVRQAPGKGLEWVSAISGR---GG

NTFDADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKERSGS----------YFDYWGQGTLVTVSS wherein:

Y at position 39 can be substituted with S

A at position 57 can be substituted with V or S

R at position 61 can be substituted with S

G at position 66 can be substituted with I or V

N at position 67 can be substituted with S

D at position 70 can be substituted with Y

A at position 71 can be substituted with T

E at position 109 can be substituted with S

R at position 110 can be substituted with N

G at position 112 can be substituted with S

S at position 113 can be substituted with G

Y at position 135 can be substituted with W

Xaa Xaa Ala Met Ser (SEQ ID NO: 50104)

Xaa Ile Ser Gly Xaa Gly Xaa Xaa Thr Phe Xaa Xaa Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50105)

Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50106)

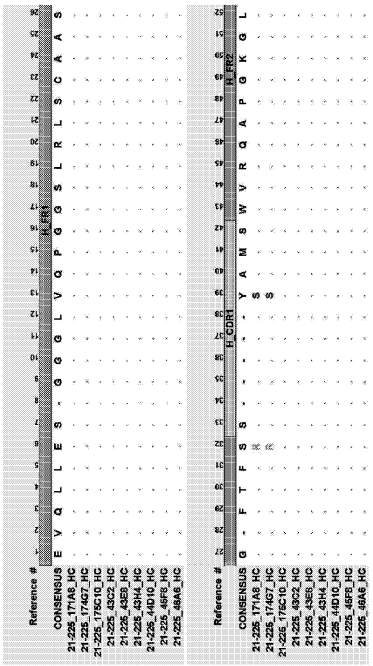
Ser Tyr Ala Met Ser (SEQ ID NO: 50582)

Ala Ile Ser Gly Arg Gly Gly Asn Thr Phe Asp Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50583)

【図５７－４２６】

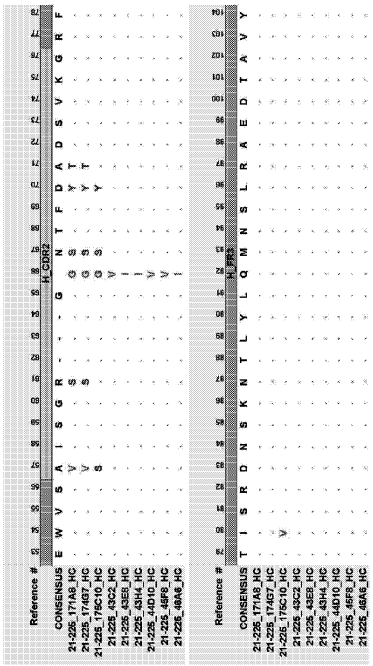
FIGURE 57

Glu Arg Ser Gly Ser Tyr Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50584)



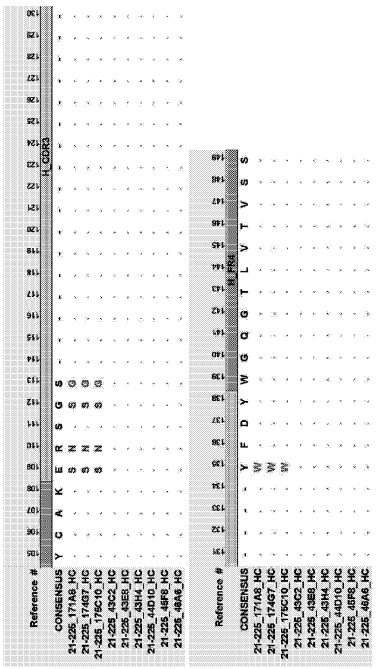
【図５７－４２７】

FIGURE 57



【図５７－４２８】

FIGURE 57



【図５７－４２９】

FIGURE 57

Table 88. Consensus 54-VH3-33/D6[6-6]RF1/JH4 (SEQ ID NO: 50305).

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFSN----YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWHD—
GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR[ENSSS----------YYFDYWGQGTLVTVSS wherein:

N in position 33 can be substituted with S, Y or H

G in position 40 can be substituted with V

V in position 57 can be substituted with L

H in position 60 can be substituted with Y

S in position 66 can be substituted with T

N in position 67 can be substituted with D

K in position 68 can be substituted with A

A in position 71 can be substituted with V or G

Y in position 134 can be substituted with F

Xaa Tyr Xaa Met His (SEQ ID NO: 50107)

Xaa Ile Trp Xaa Asp Gly Xaa Xaa Xaa Tyr Tyr Xaa Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50108)

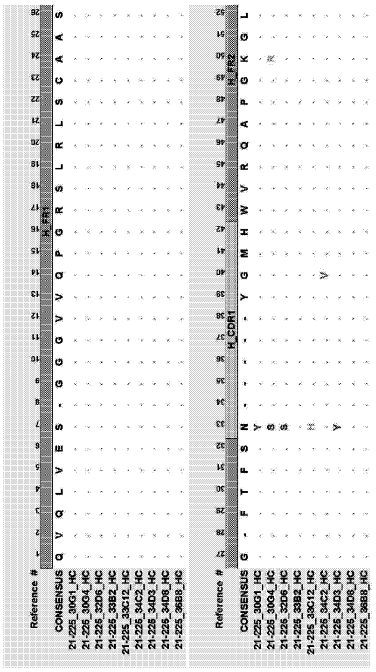
Glu Asn Ser Ser Ser Xaa Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser (SEQ ID NO: 50109)

Asn Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50585)

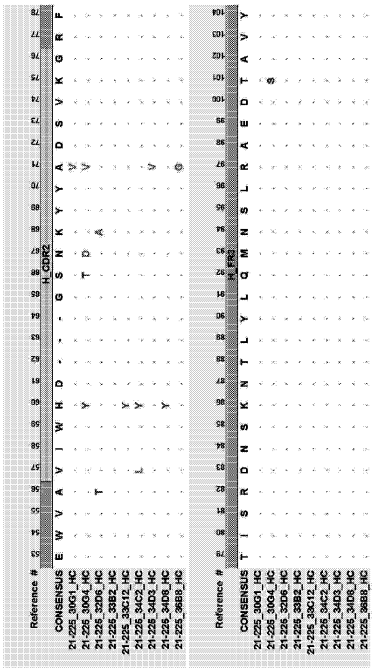
Val Ile Trp His Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50586)

Glu Asn Ser Ser Ser Tyr Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser (SEQ ID NO: 50587)

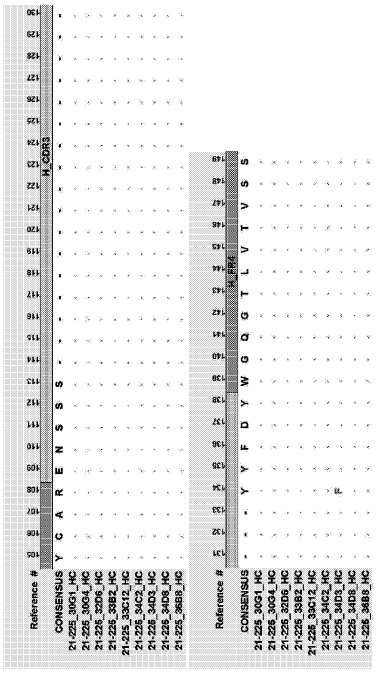
【図５７－４３０】



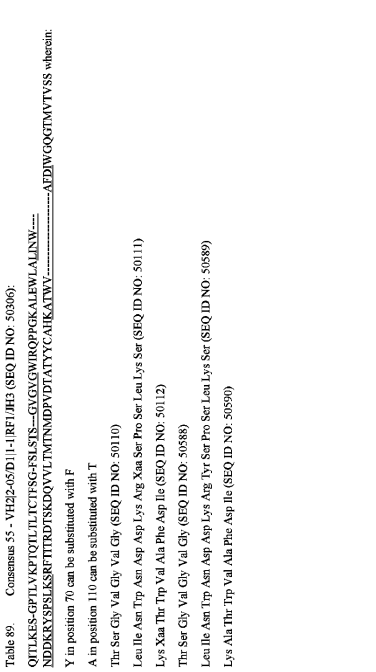
【図５７－４３１】



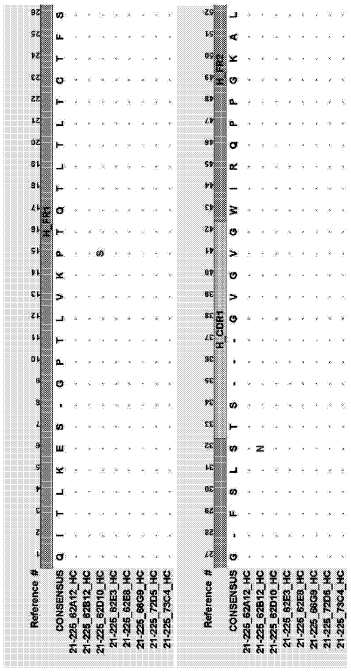
【図５７－４３２】



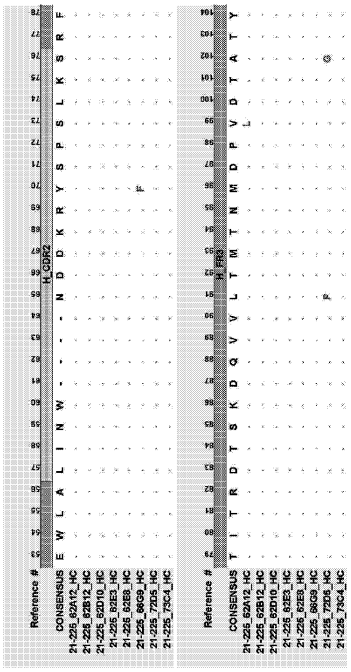
【図５７－４３３】



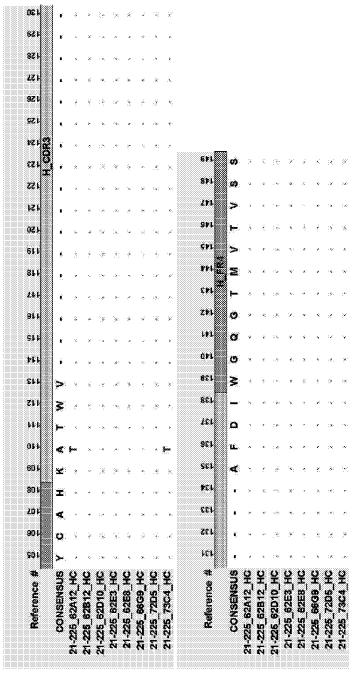
【図５７－４３４】



【図５７－４３５】



【図５７－４３６】



【図５７－４３７】

3560/4125

FIGURE 57

Table 90. Consensus 56 - VH3|3-23/D4|4-11|RF3/JH4 (SEQ ID NO: 50307):

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS-----XYMNWVRQAPGKGLEWVSAISGS---
GGRTYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARTAT----------FDYWGQGTLVTVSS wherein:

V at position 40 can be substituted with A

M at position 41 can be substituted with I or L

N at position 42 can be substituted with S or R

A at position 57 can be substituted with D

I at position 58 can be substituted with M

G at position 66 can be substituted with D or V

R at position 67 can be substituted with S, F or T

A at position 71 can be substituted with V

A at position 110 can be substituted with G, S, T or Y

T at position 111 can be substituted with V, null (-), H, L or G

F at position 136 can be substituted with null (-) or K

D at position 137 can be substituted with null (-)

Y at position 138 can be substituted with L

Ser Tyr Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50113)

Xaa Xaa Ser Gly Ser Gly Xaa Xaa Thr Tyr Tyr Xaa Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50114)

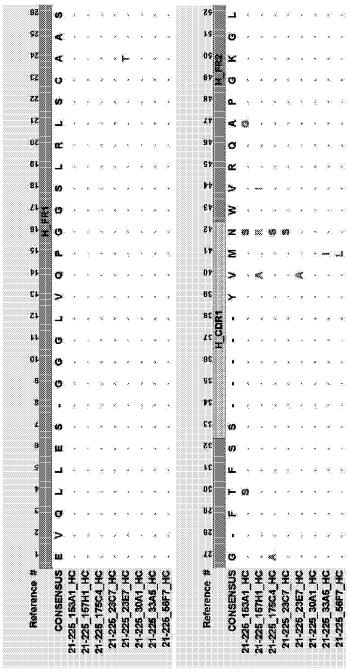
Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50115)

Ser Tyr Val Met Asn (SEQ ID NO: 50591)

【図５７－４３８】

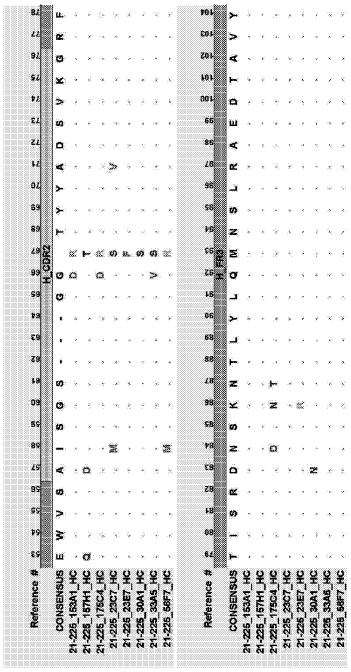
FIGURE 57

Ala Ile Ser Gly Ser Gly Arg Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50592)
Thr Ala Thr Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50593)



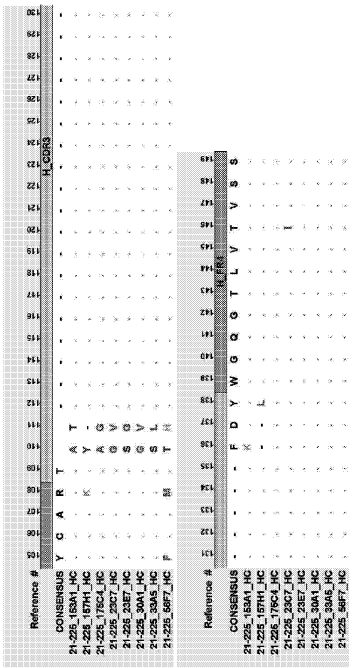
【図５７－４３９】

FIGURE 57



【図５７－４４０】

FIGURE 57



【図５７－４４１】

FIGURE 57

Table 91 Consensus 57-VH3-23/D7-27/RF1/JH3 (SEQ ID NO: 50308).

EVQLLES-GGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS----YAMSWVRQAPGKGLEWVSVISGR---GGTTEYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKRTPSD----------VFDIWGQGTMVTVSS wherein:

Y at position 39 can be substituted with F

S at position 42 can be substituted with N

V at position 57 can be substituted with A or I

I at position 58 can be substituted with L

R at position 61 can be substituted with S or G

G at position 66 can be substituted with S or K

T at position 67 can be substituted with N or S

F at position 69 can be substituted with Y

P at position 111 can be substituted with G

S at position 112 can be substituted with D or E

V at position 135 can be substituted with A

I at position 138 can be substituted with V

Ser Xaa Ala Met Xaa (SEQ ID NO: 50116)

Xaa Xaa Ser Gly Xaa Gly Xaa Xaa Thr Xaa Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50117)

Lys Arg Thr Xaa Xaa Asp Xaa Phe Asp Xaa (SEQ ID NO: 50118)

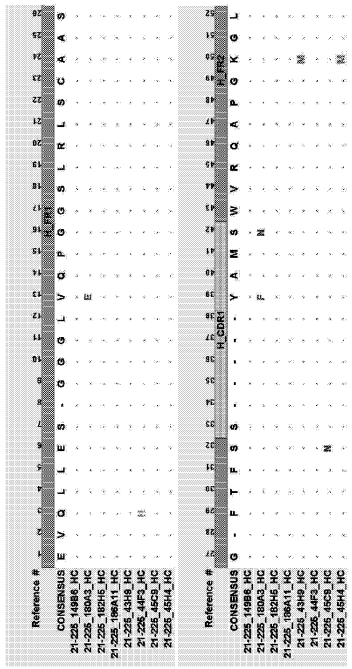
Ser Tyr Ala Met Ser (SEQ ID NO: 50594)

Val Ile Ser Gly Arg Gly Gly Thr Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50595)

【図５７－４４２】

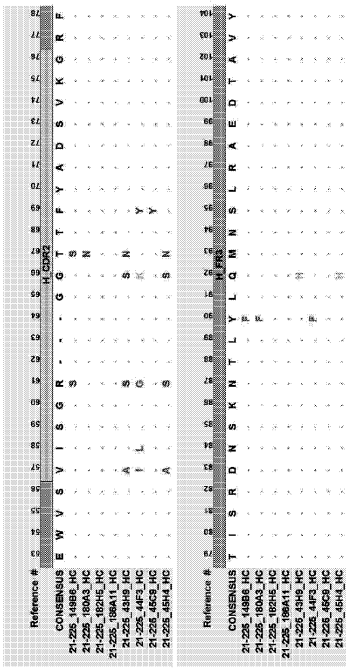
FIGURE 57

Lys Arg Thr Pro Ser Asp Val Phe Asp Ile (SEQ ID NO: 50596)



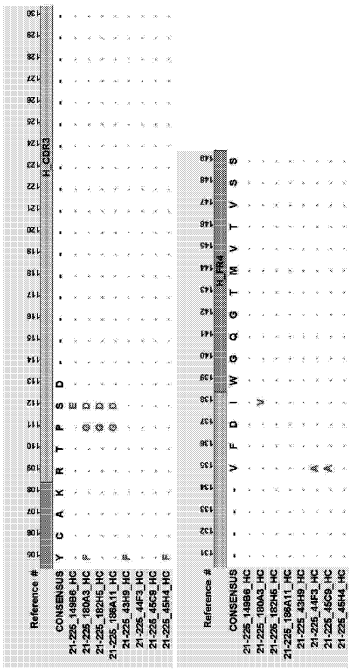
【図５７－４４３】

FIGURE 57



【図５７－４４４】

FIGURE 57



【図５７－４４５】

FIGURE 57

Table 92. Consensus 58 -VH3/3-33/D4J4-11|RF2/JH4 (SEQ ID NO: 50369)

QVQLVES-GGGVVQPGRSLRLSCAASG-FTFS-----YGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD---

GSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRPRS----------SAE DYWGQGTLVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with N or T

Y at position 39 can be substituted with F

G at position 40 can be substituted with D or N

V at position 57 can be substituted with A

Y at position 60 can be substituted with H

S at position 66 can be substituted with R

N at position 67 can be substituted with D or H

K at position 68 can be substituted with R

Y at position 70 can be substituted with C or S

A at position 71 can be substituted with E or T

R at position 110 can be substituted with D or H

P at position 111 can be substituted with S or A

I at position 112 can be substituted with R or Y

S at position 113 can be substituted with L, V or W

Null (-) at position 114 can be substituted with G

【図５７－４４６】

FIGURE 57

Null (-) at position 133 can be substituted with A

S at position 134 can be substituted with T or A

A at position 135 can be substituted with F, S or Y

F at position 136 can be substituted with G or S

Y at position 138 can be substituted with F

Xaa Xaa Xaa Met His (SEQ ID NO: 50237)

Xaa Ile Trp Xaa Asp Gly Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50238)

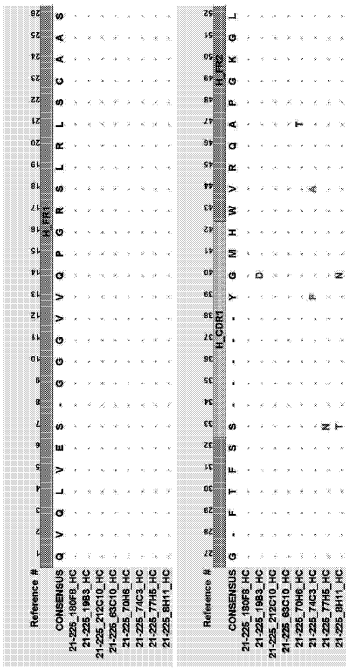
Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Xaa (SEQ ID NO: 50239)

Ser Tyr Gly Met His (SEQ ID NO: 50597)

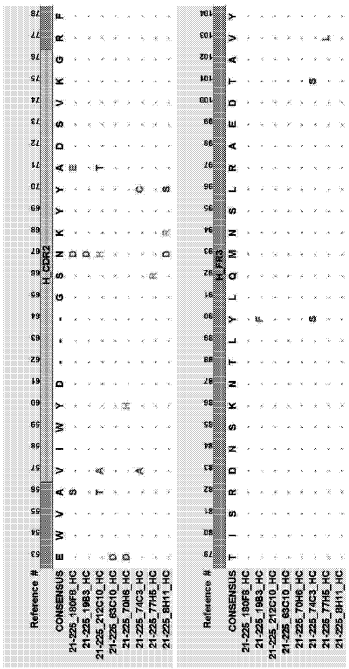
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50598)

Asp Arg Pro Arg Ser Ser Ala Phe Asp Tyr (SEQ ID NO: 50599)

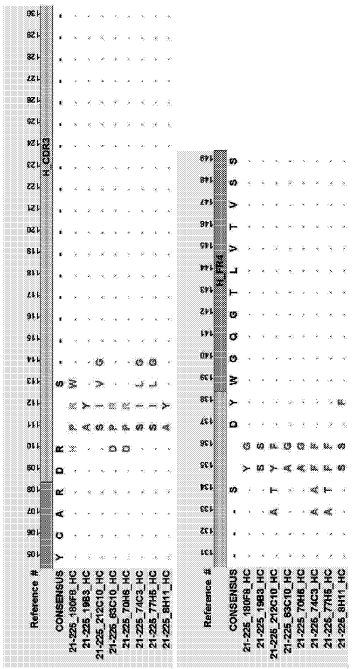
【図５７－４４７】



【図５７－４４８】



【図５７－４４９】



【図５７－４５０】

FIGURE 57

Table 93. Consensus 59 - VH3J3-48/D4J4-11|RF2|JH6 (SEQ ID NO: 50310):

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG-FTFSS-----YNMNWVRQAPGKGLEWVSYISRS---
SNTIKYYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRDEDTAVYYCARDRSGSYGY----------FYYYGLDVWGQGITVTVSS wherein:

S at position 33 can be substituted with N

N at position 40 can be substituted with S

R at position 60 can be substituted with S

S at position 65 can be substituted with G

N at position 66 can be substituted with S

K at position 68 can be substituted with T

Y at position 69 can be substituted with H

A at position 71 can be substituted with V

K at position 75 can be substituted with R, E or Q

R at position 110 can be substituted with S

S at position 111 can be substituted with R

G at position 112 can be substituted with K

S at position 113 can be substituted with G

Y at position 114 can be substituted with F

G at position 115 can be substituted with null (-)

Y at position 116 can be substituted with null (-)

【図５７－４５１】

FIGURE 57

F at position 131 can be substituted with null (-)

Y at position 132 can be substituted with null (-)

L at position 136 can be substituted with M

Xaa Tyr Xaa Met Asn (SEQ ID NO: 50240)

Tyr Ile Ser Xaa Ser Xaa Xaa Thr Xaa Xaa Tyr Xaa Asp Ser Val Xaa Gly (SEQ ID NO: 50241)

Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Tyr Gly Xaa Asp Val (SEQ ID NO: 50242)

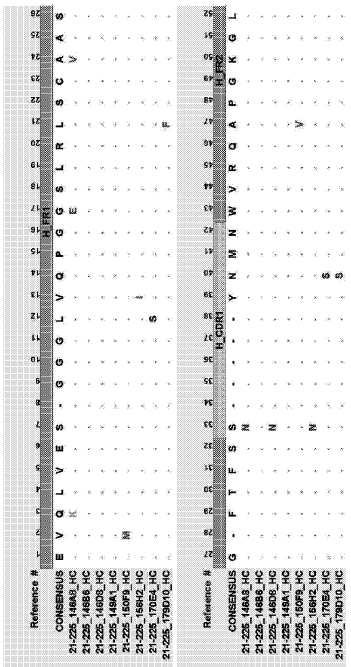
Ser Tyr Asn Met Asn (SEQ ID NO: 50600)

Tyr Ile Ser Arg Ser Asn Thr Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly (SEQ ID NO: 50601)

Asp Arg Ser Gly Ser Tyr Gly Tyr Phe Tyr Tyr Tyr Gly Leu Asp Val (SEQ ID NO: 50602)

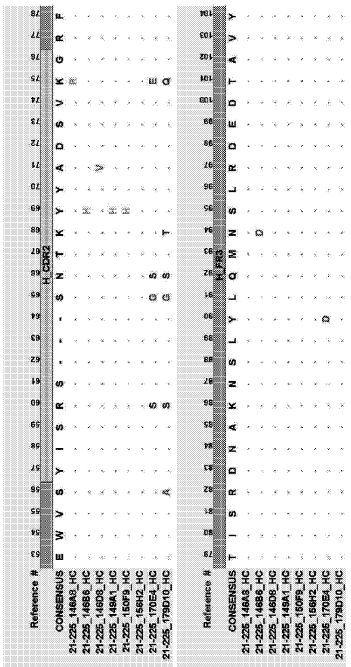
【図５７－４５２】

FIGURE 57



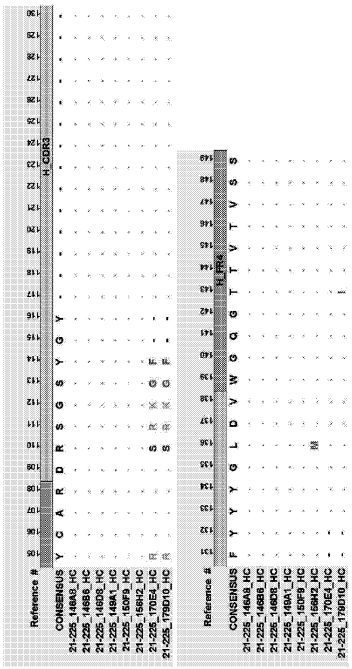
【図５７－４５３】

FIGURE 57



【図５７－４５４】

FIGURE 57



【図５７－４５５】

FIGURE 57

Table 94. Consensus 60 - VH4|4-30.1/D4|4-11|RF2/JH6 (SEQ ID NO: 50311):

QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSG-GSISRSG---GDYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYY---
S(GSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDSSSY----------GMDYWGQGTTVTVSS wherein:

S at position 67 can be substituted with I or P

S at position 110 can be substituted with G or H

S at position 111 can be substituted with A

S at position 112 can be substituted with L or R

Y at position 113 can be substituted with R or H

Ser Gly Gly Asp Tyr Trp Ser (SEQ ID NO: 50119)

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Xaa Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50120)

Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50121)

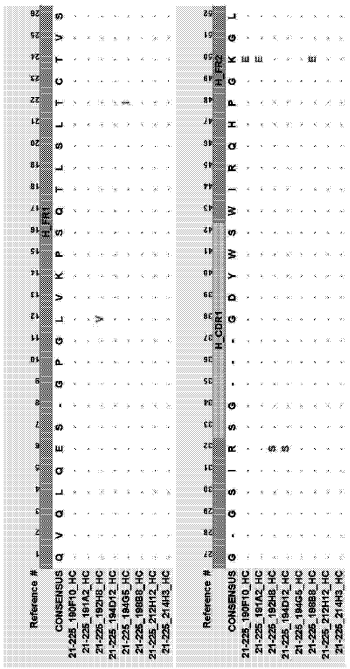
Ser Gly Gly Asp Tyr Trp Ser (SEQ ID NO: 50603)

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser (SEQ ID NO: 50604)

Asp Ser Ser Ser Tyr Gly Met Asp Val (SEQ ID NO: 50605)

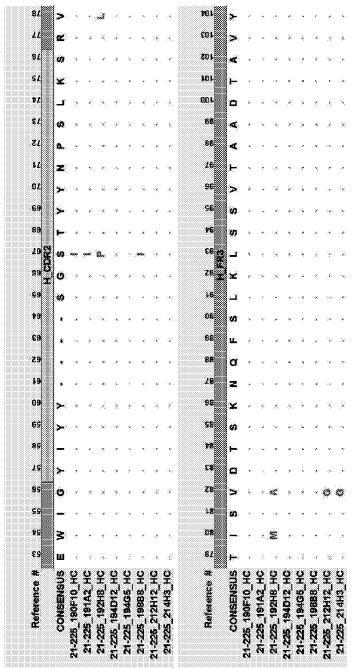
【図５７－４５６】

FIGURE 57



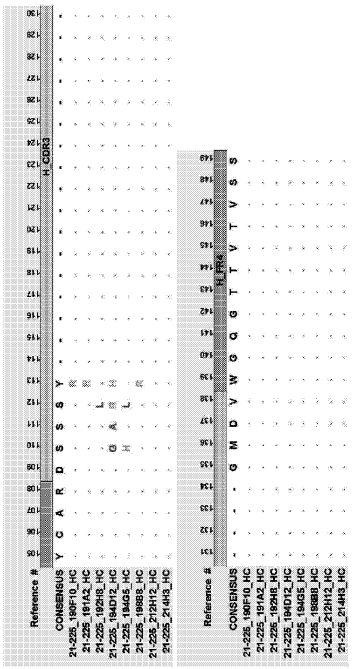
【図５７－４５７】

FIGURE 57



【図５７－４５８】

FIGURE 57



【図５７－４５９】

FIGURE 57

Table 95. Consensus 15-VK1/A30/JK4 (SEQ ID NO: 50312):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QGIR------NDLGWYQQKSPGKAPKRLIYA------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQDYNS--------------YPLTFGGGTKVEIKR wherein:

R at position 24 can be substituted with L

A at position 25 can be substituted with T

Q at position 29 can be substituted with R

G at position 30 can be substituted with D, A or V

I at position 31 can be substituted with M or V

R at position 32 can be substituted with E, K, N or S

N at position 39 can be substituted with S, D, T, K or I

D at position 40 can be substituted with N or A

L at position 41 can be substituted with F or V

G at position 42 can be substituted with D or N

A at position 58 can be substituted with T, S, V, G, D or R

A at position 67 can be substituted with T, V or E

S at position 68 can be substituted with F, C or Y

S at position 69 can be substituted with N, T, F, R or I

L at position 70 can be substituted with V, F or S

Q at position 71 can be substituted with H or E

S at position 72 can be substituted with R, N, T or G

【図５７－４６０】

FIGURE 57

L at position 107 can be substituted with V or I

Q at position 108 can be substituted with H

H at position 109 can be substituted with D, Y, N or R

N at position 110 can be substituted with S, Y, T, D, K, A, I, E, H, P or R

S at position 111 can be substituted with I, N, R, T, D, A, L or V

Y at position 135 can be substituted with F, H or S

P at position 136 can be substituted with A or M

L at position 137 can be substituted with P, F, N or V

T at position 138 can be substituted with K or I

Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50122)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50123)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50124)

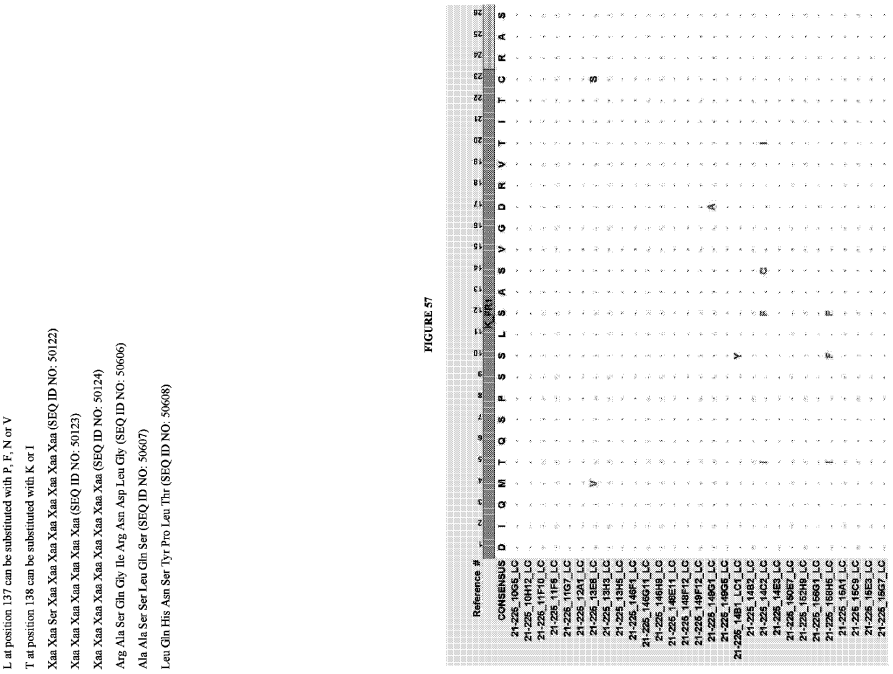
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Asp Leu Gly (SEQ ID NO: 50606)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50607)

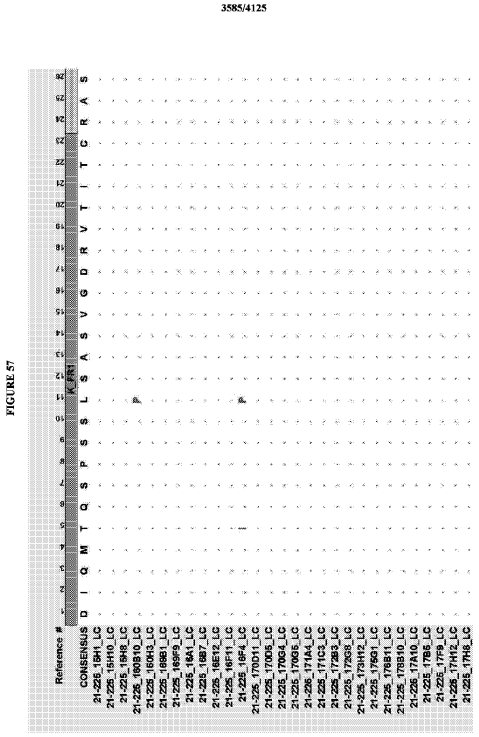
Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Leu Thr (SEQ ID NO: 50608)

【図５７－４６１】

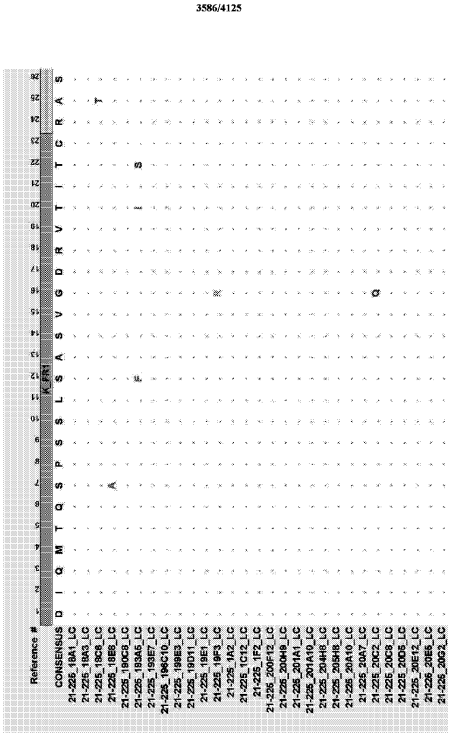
FIGURE 57



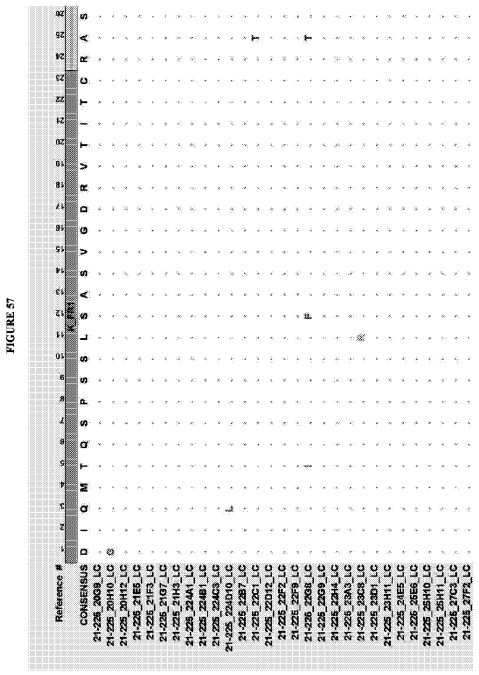
【図５７－４６２】



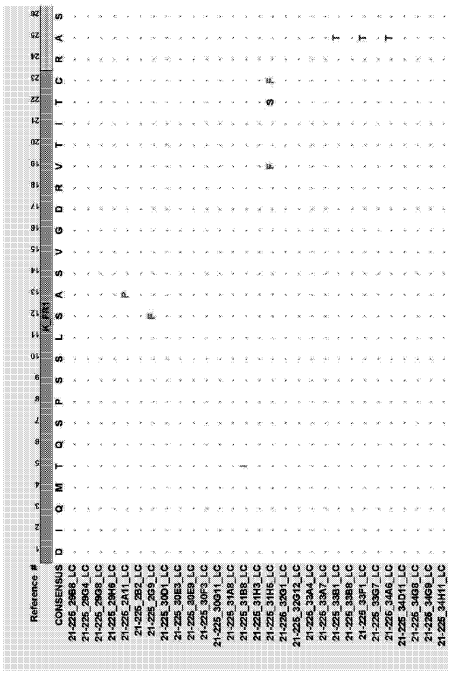
【図５７－４６３】



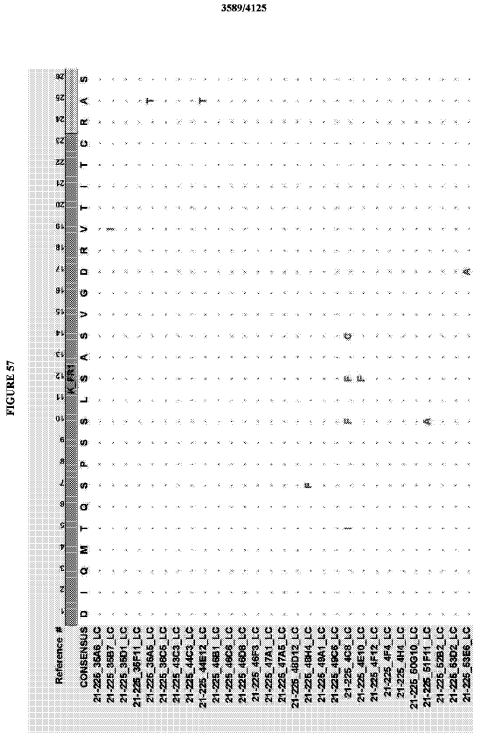
【図５７－４６４】



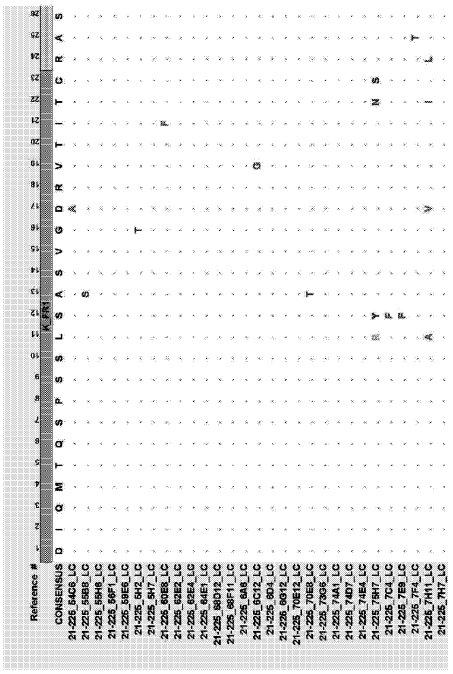
【図５７－４６５】



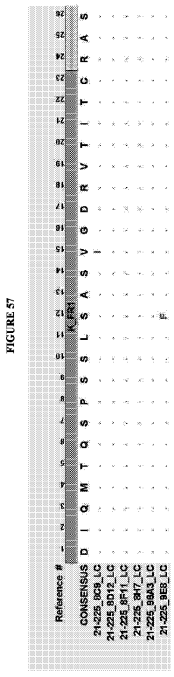
【図５７－４６６】



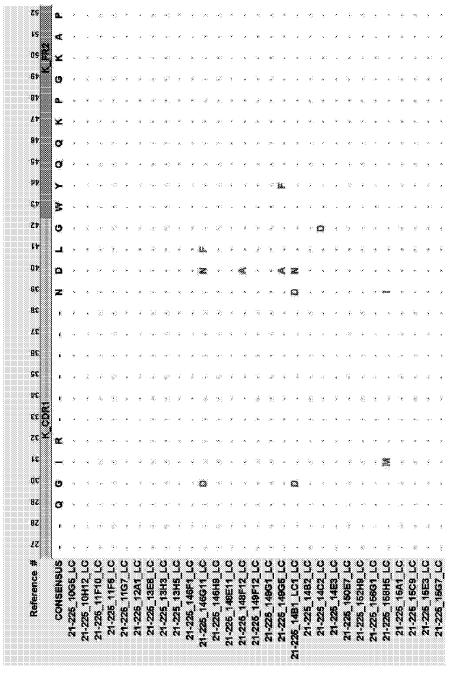
【図５７－４６７】



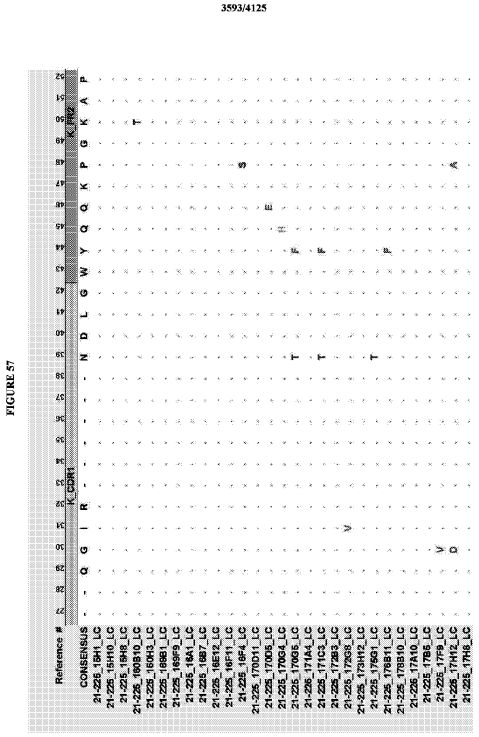
【図５７－４６８】



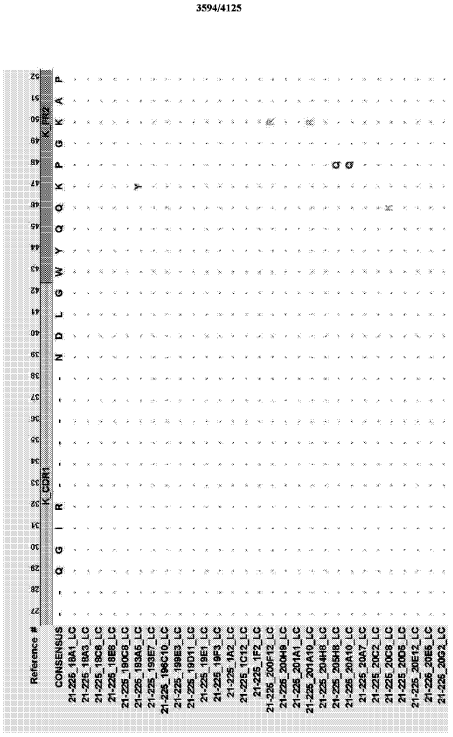
【図５７－４６９】



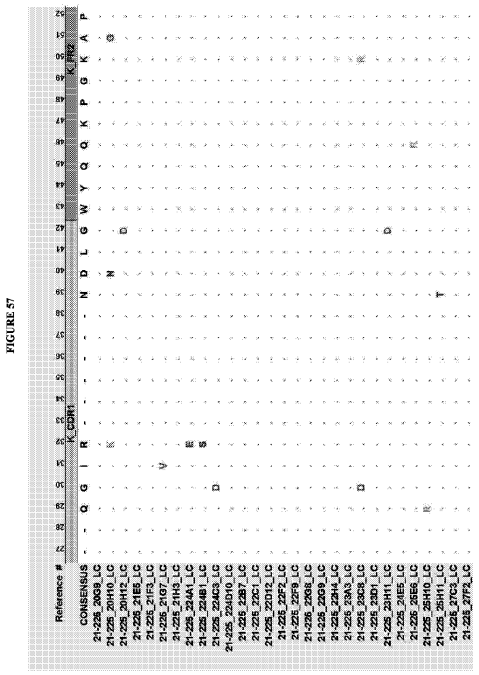
【図５７－４７０】



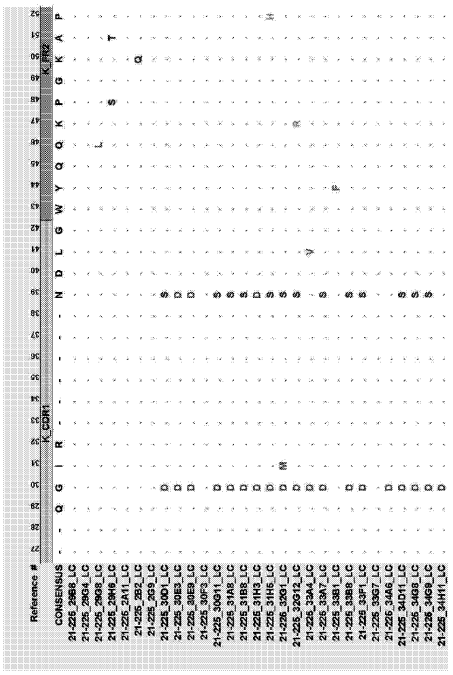
【図５７－４７１】



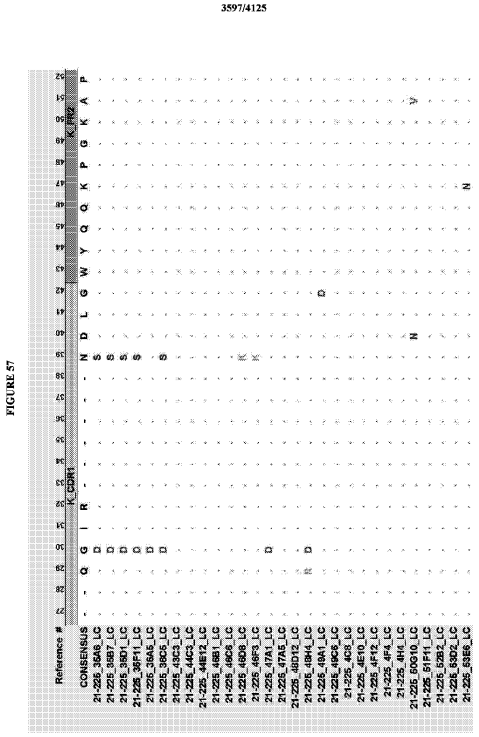
【図５７－４７２】



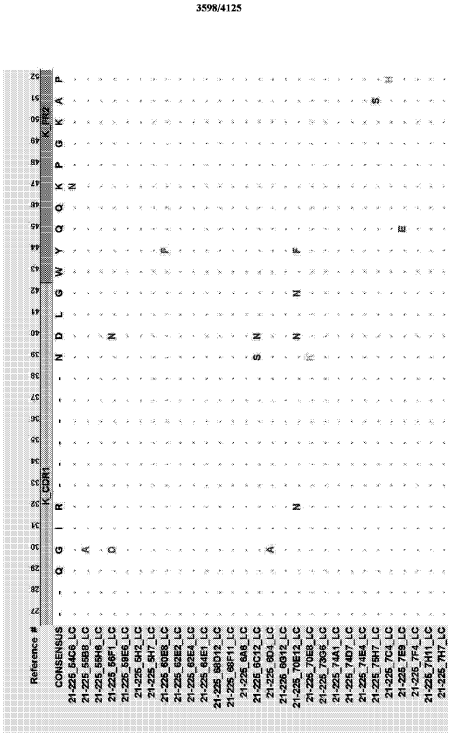
【図５７－４７３】



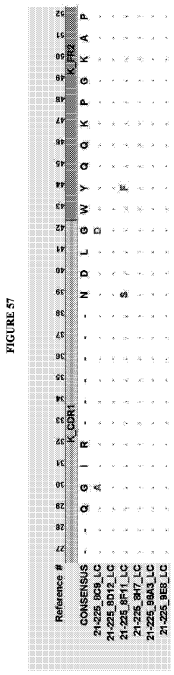
【図５７－４７４】



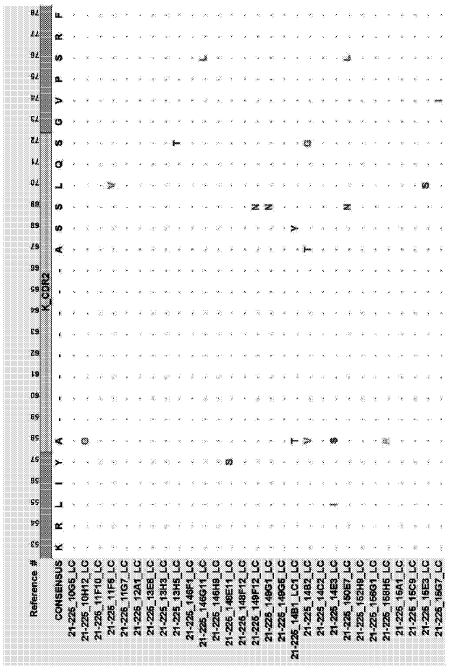
【図５７－４７５】



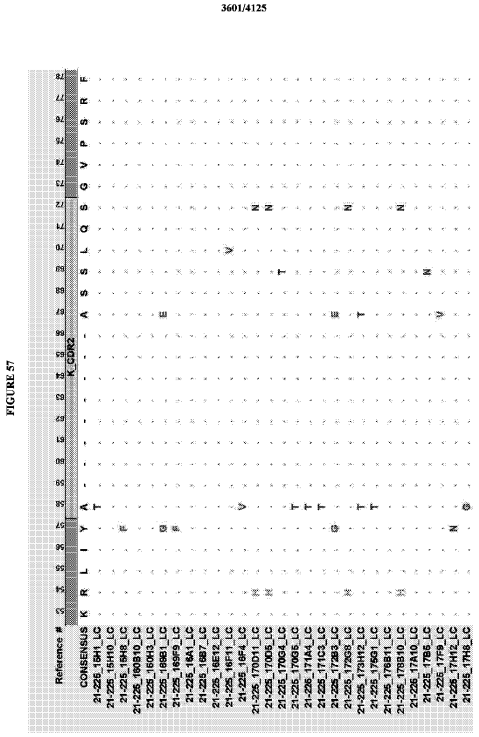
【図５７－４７６】



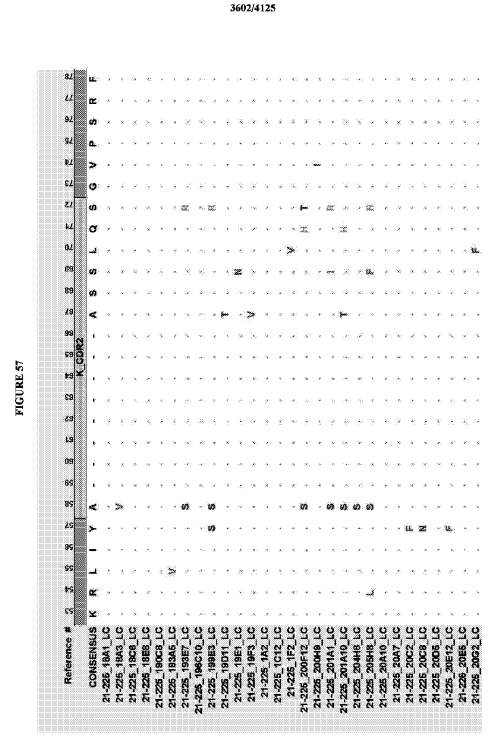
【図５７－４７７】



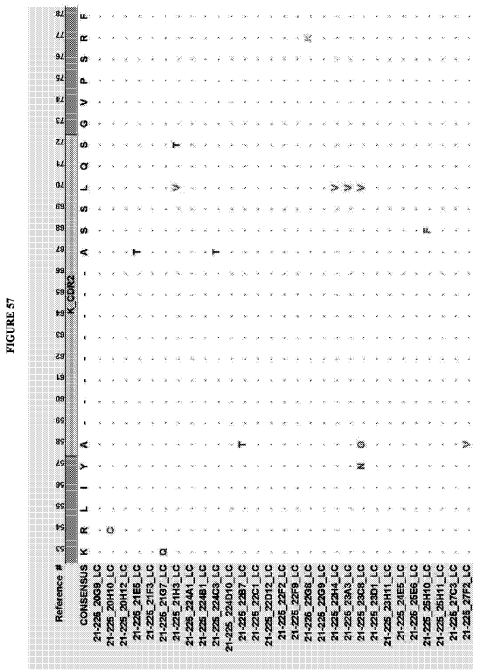
【図５７－４７８】



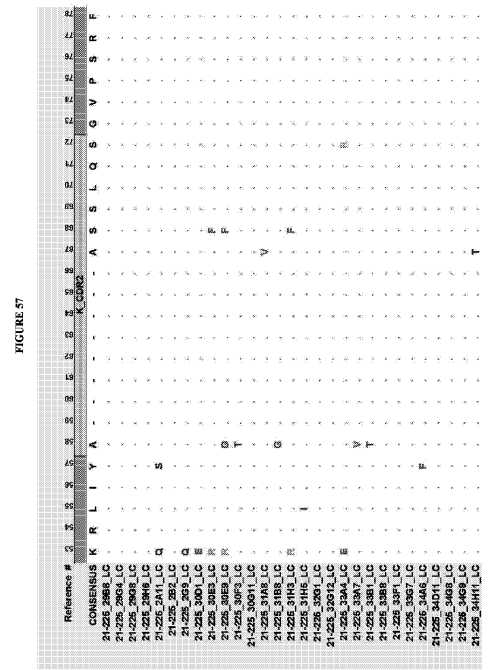
【図５７－４７９】



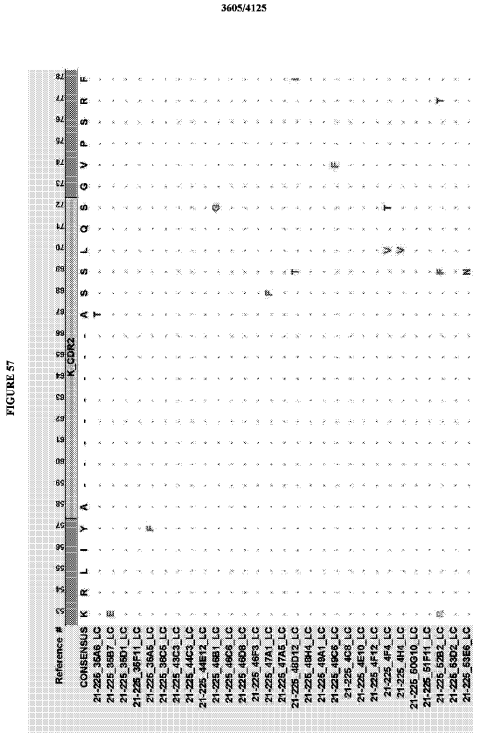
【図５７－４８０】



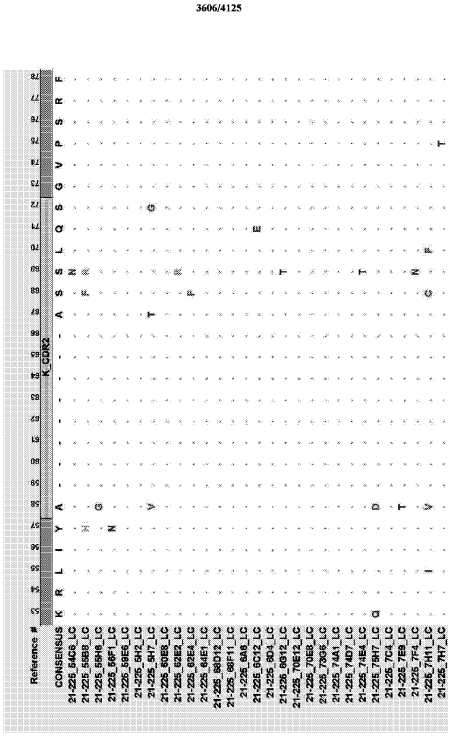
【図５７－４８１】



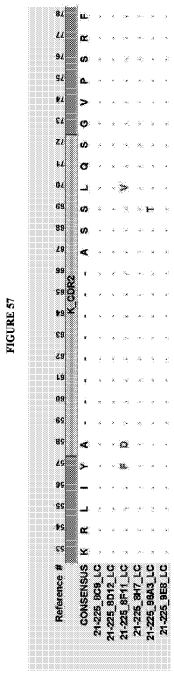
【図５７－４８２】



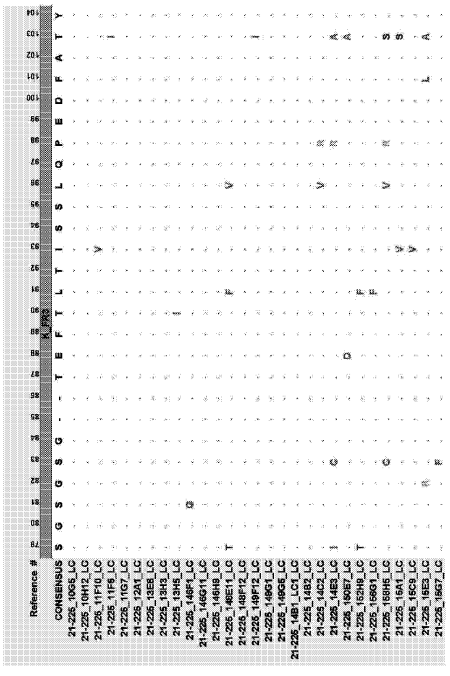
【図５７－４８３】



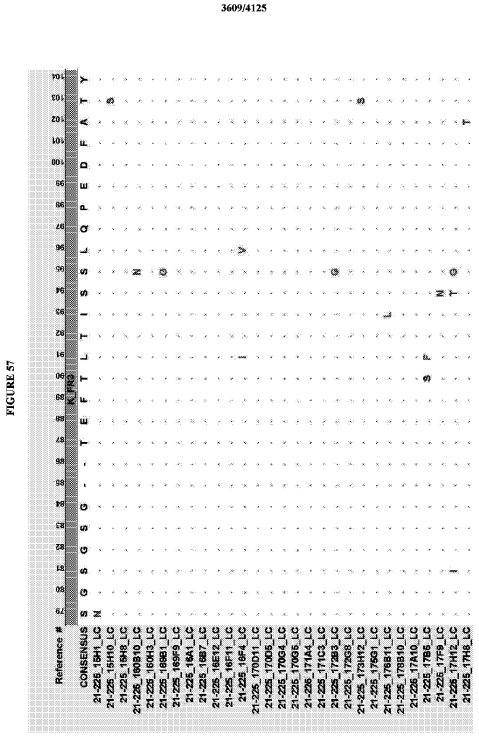
【図５７－４８４】



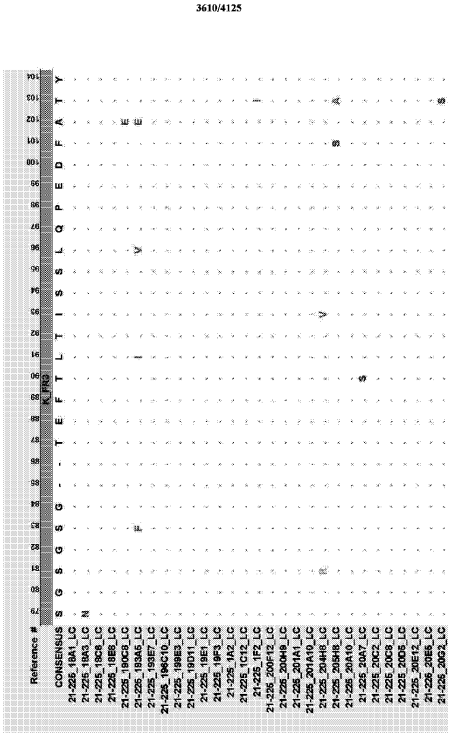
【図５７－４８５】



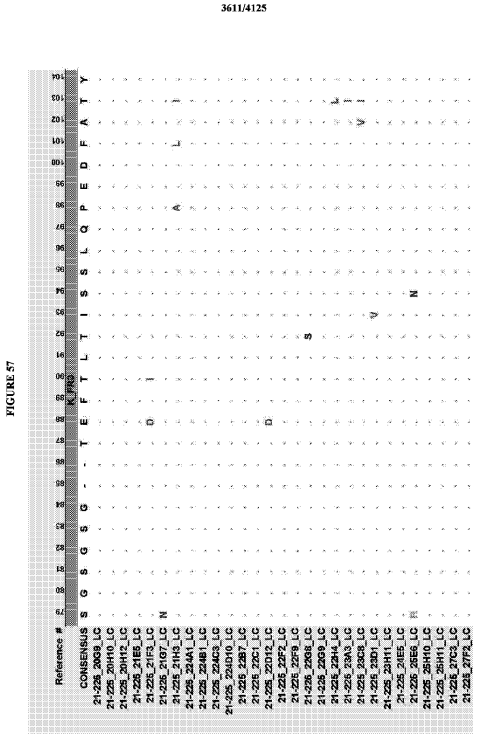
【図５７－４８６】



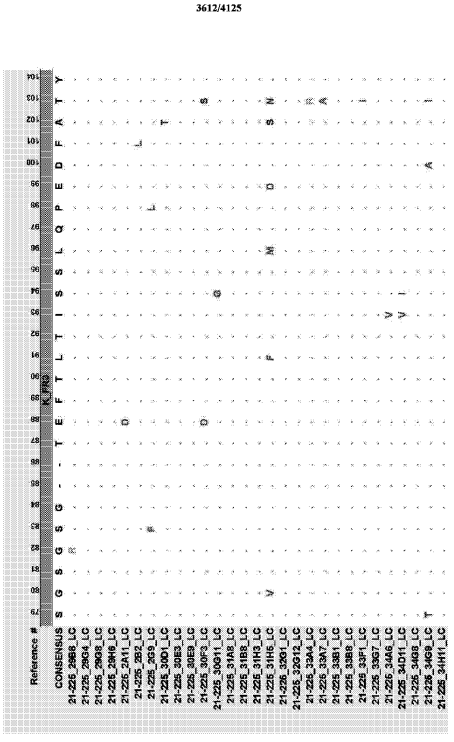
【図５７－４８７】



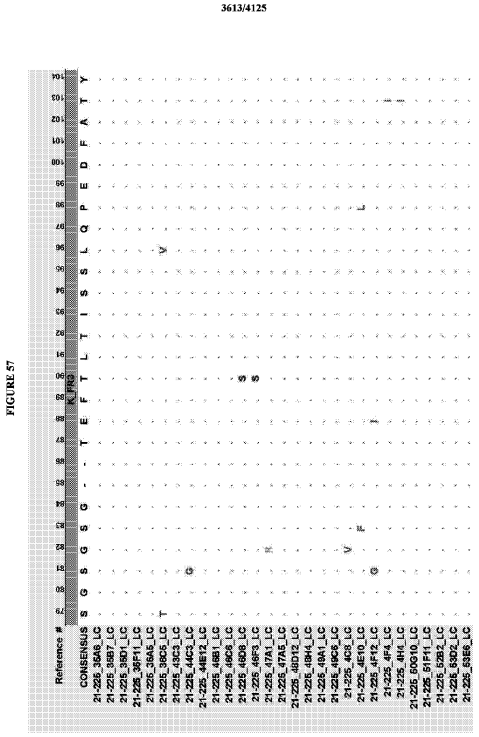
【図５７－４８８】



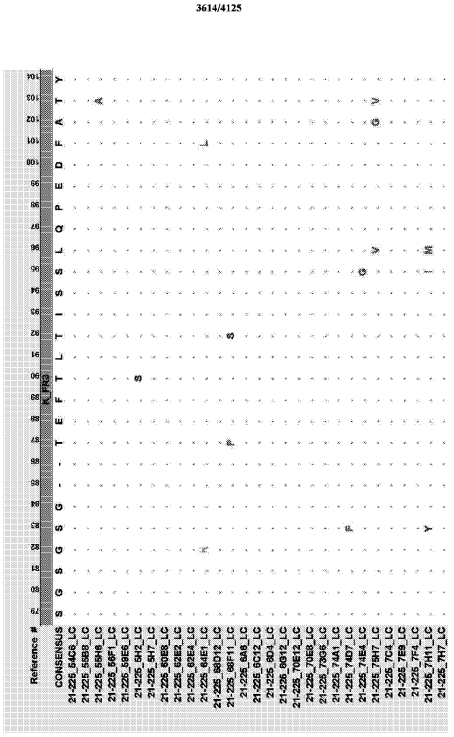
【図５７－４８９】



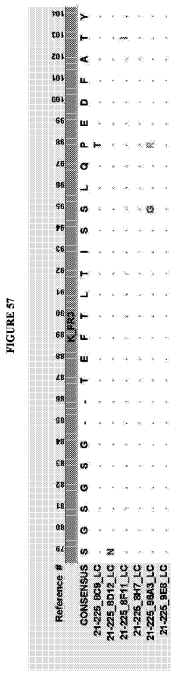
【図５７－４９０】



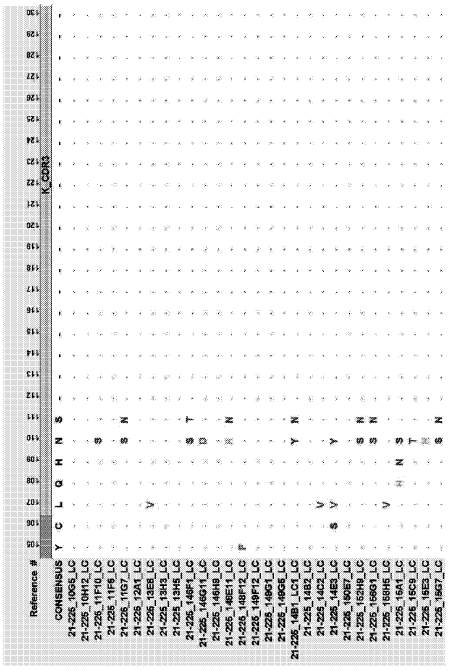
【図５７－４９１】



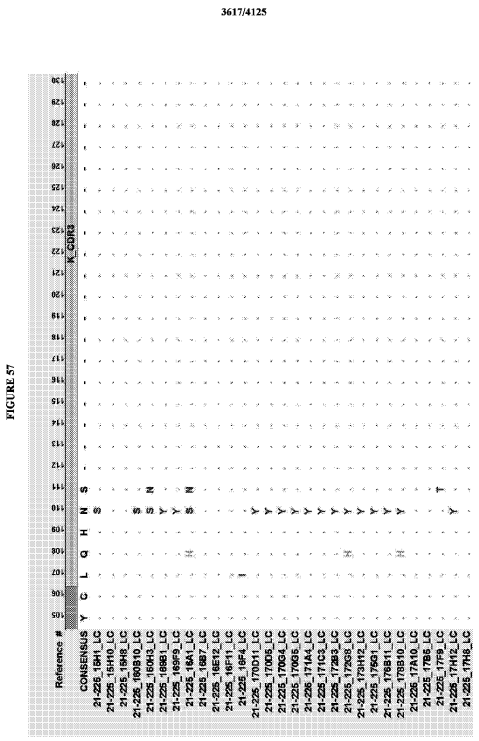
【図５７－４９２】



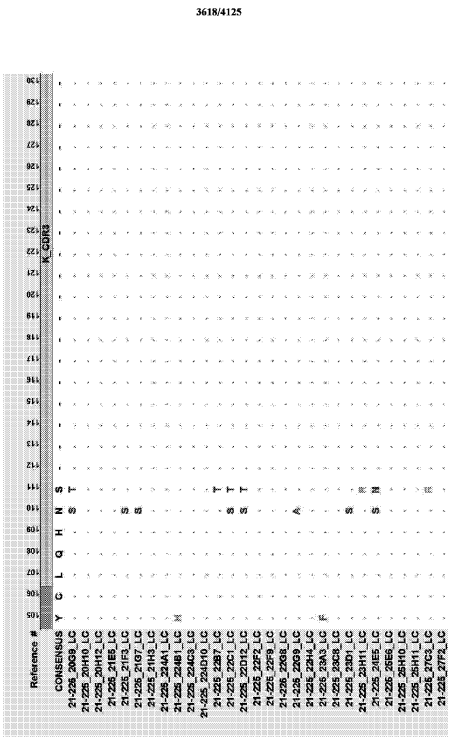
【図５７－４９３】



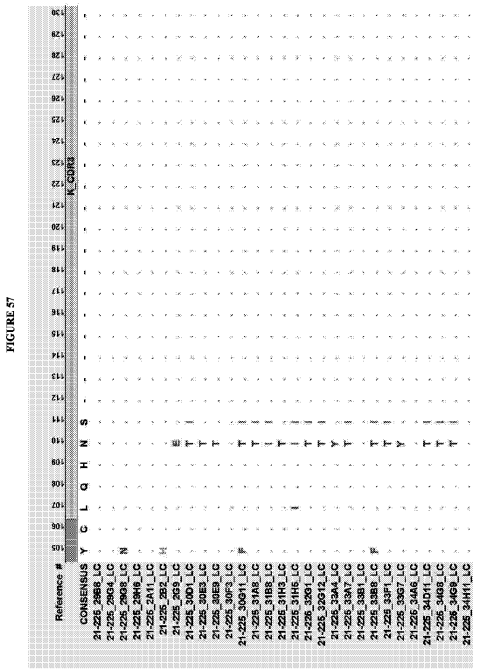
【図５７－４９４】



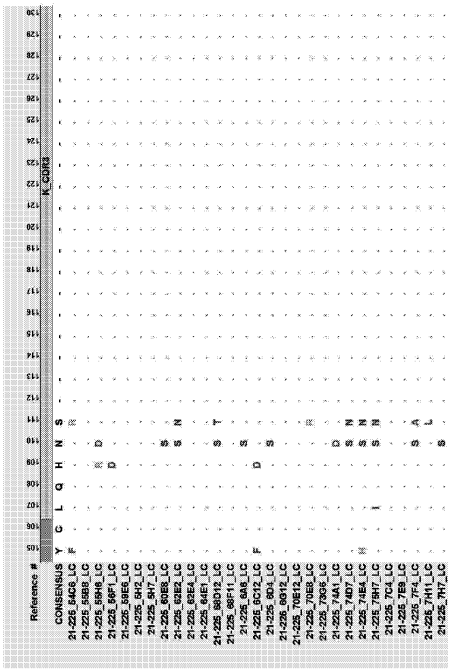
【図５７－４９５】



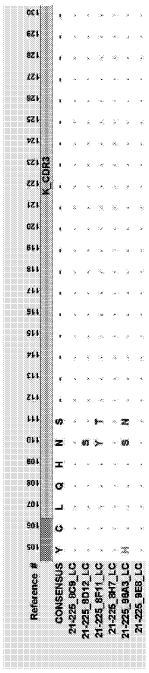
【図５７－４９６】



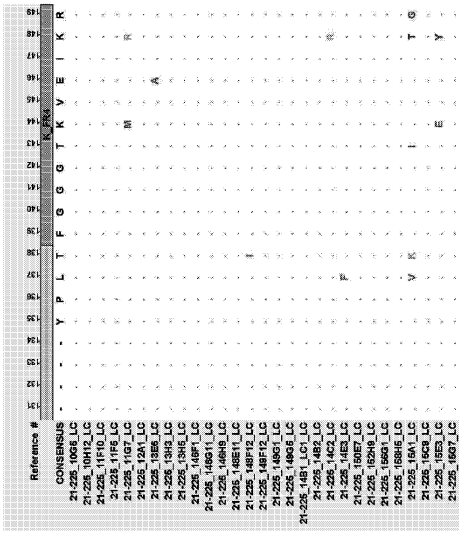
【図５７－４９７】



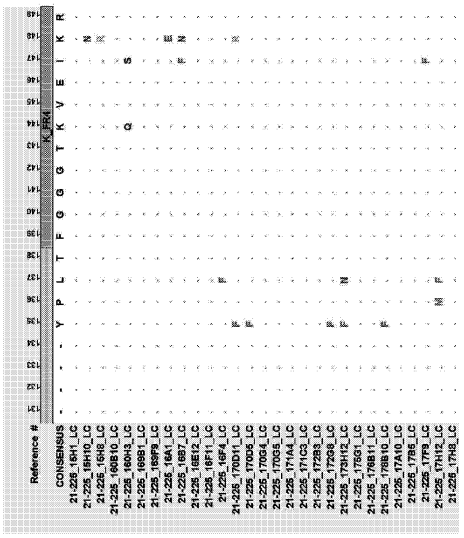
【図５７－４９８】



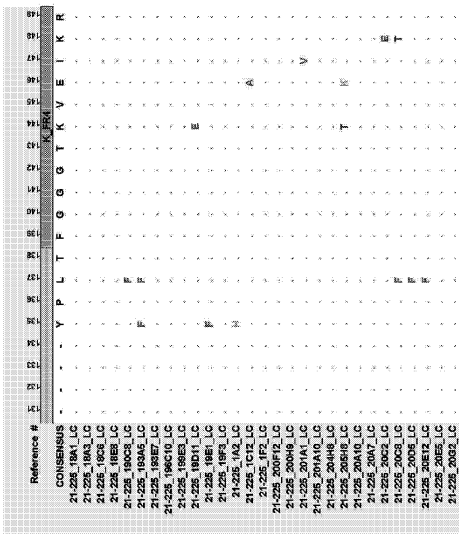
【図５７－４９９】



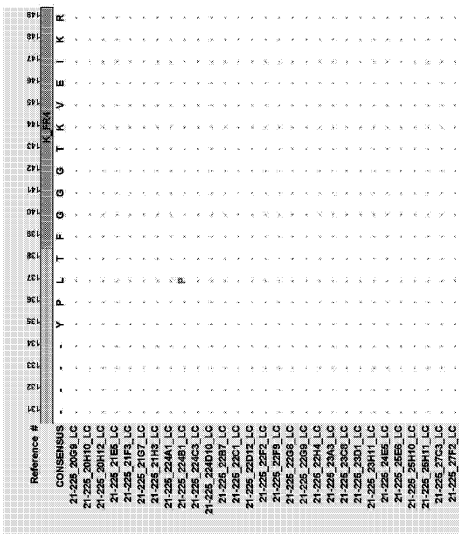
【図５７－５００】



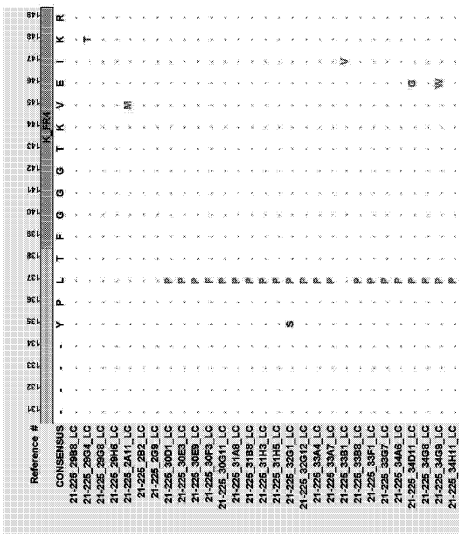
【図５７－５０１】



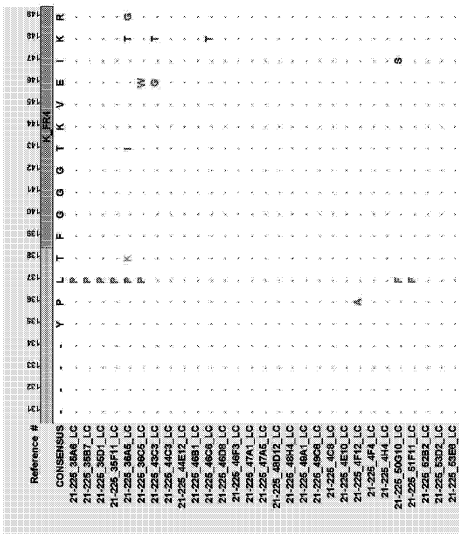
【図５７－５０２】



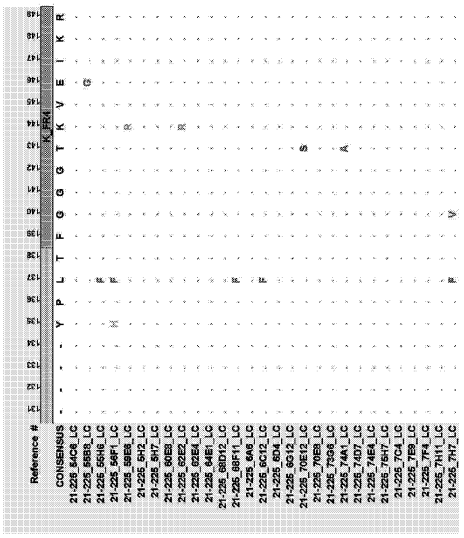
【図５７－５０３】



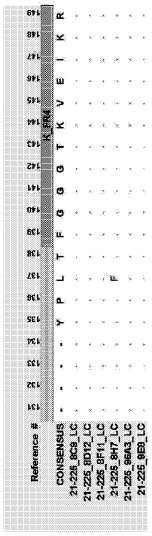
【図５７－５０４】



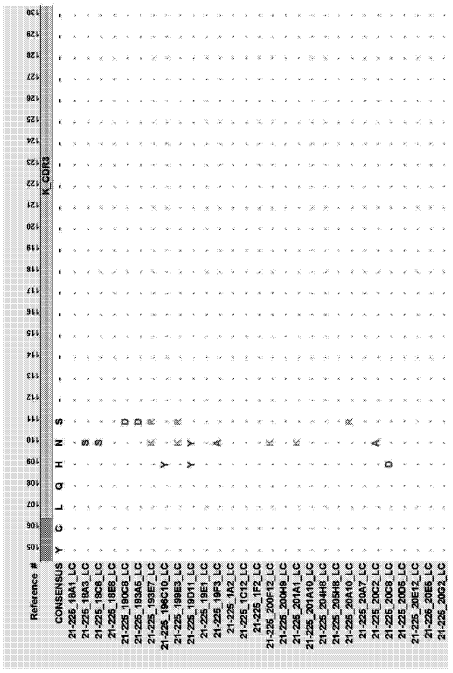
【図５７－５０５】



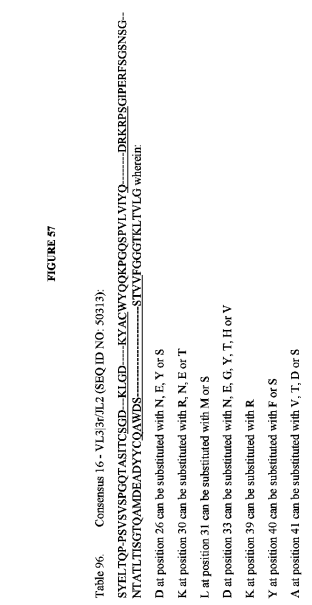
【図５７－５０６】



【図５７－５０７】

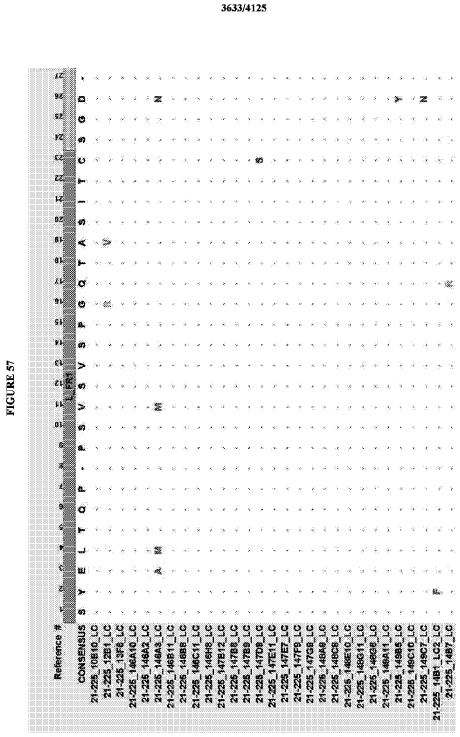


【図５７－５０８】

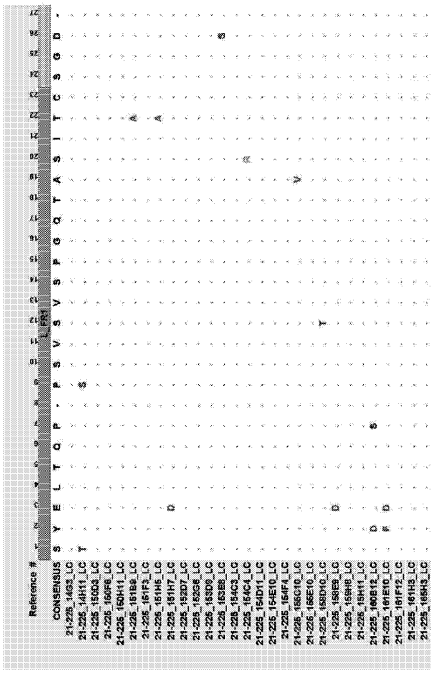


【図５７－５０９】

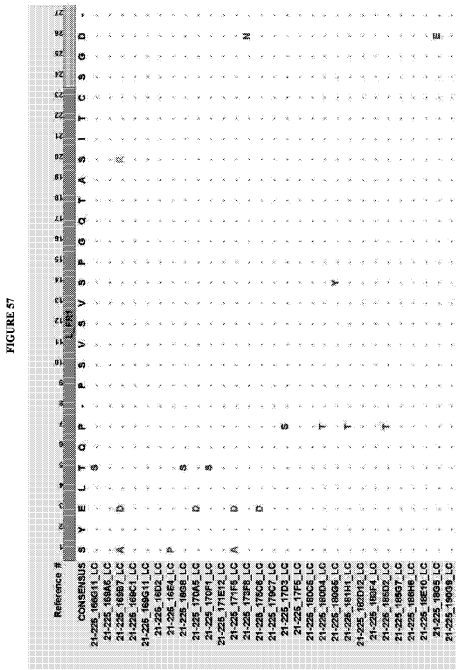
【図５７－５１０】



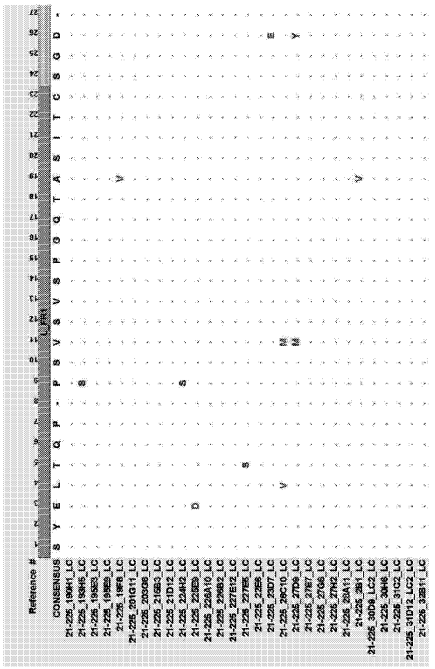
【図５７－５１１】



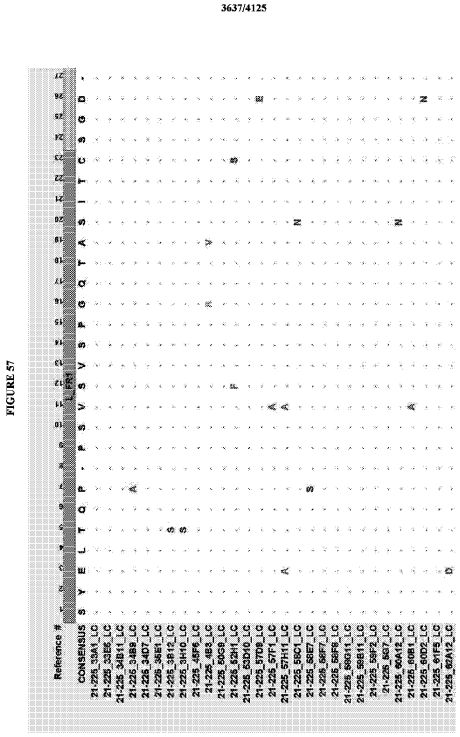
【図５７－５１２】



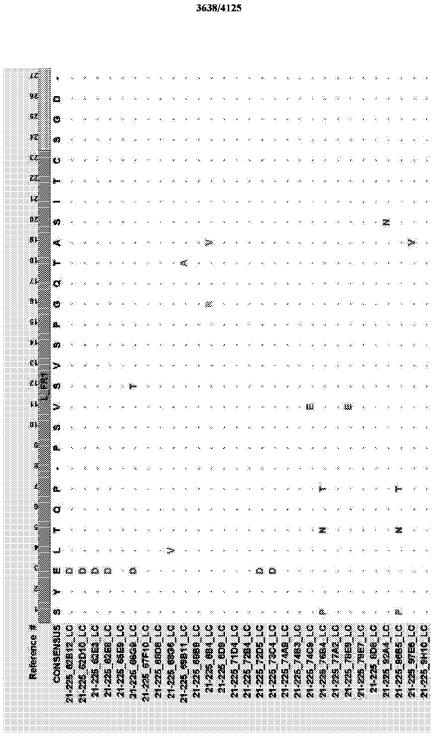
【図５７－５１３】



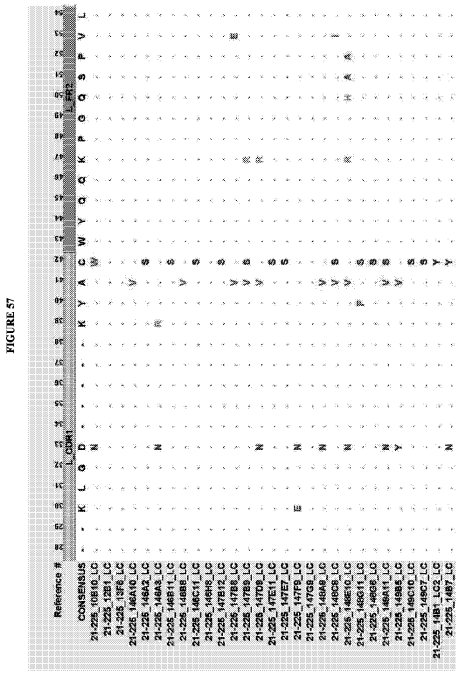
【図５７－５１４】



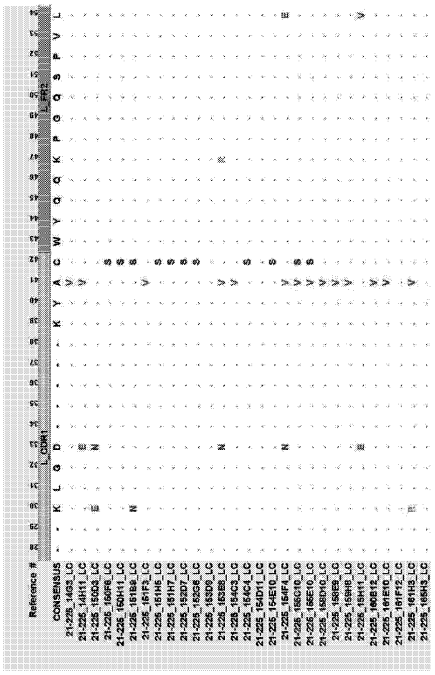
【図５７－５１５】



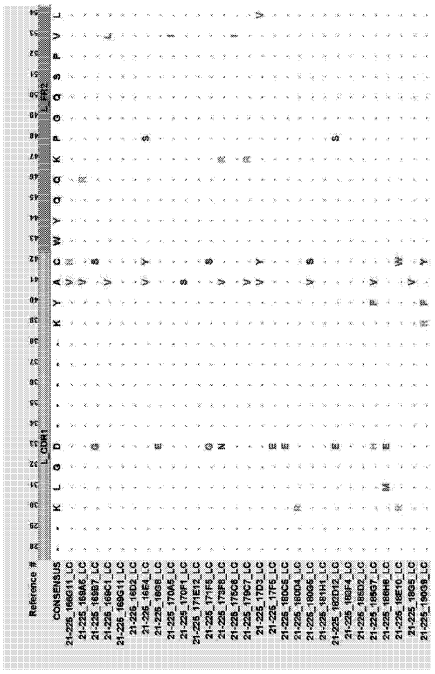
【図５７－５１６】



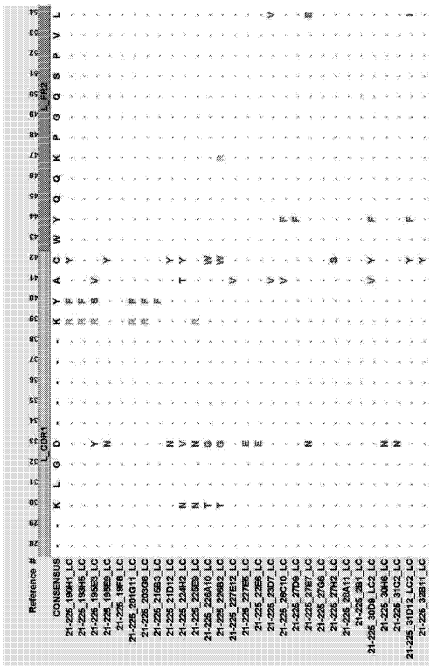
【図５７－５１７】



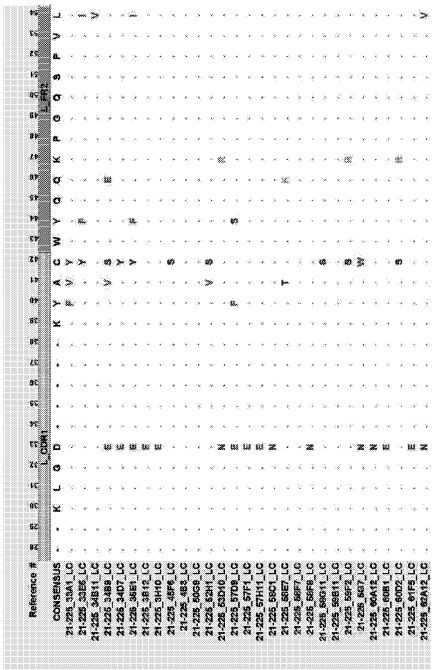
【図５７－５１８】



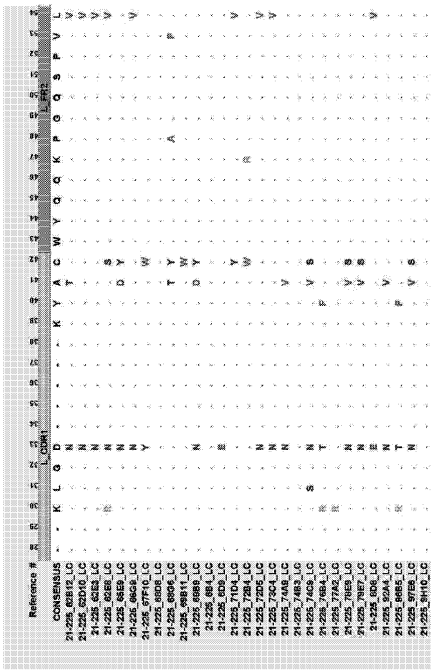
【図５７－５１９】



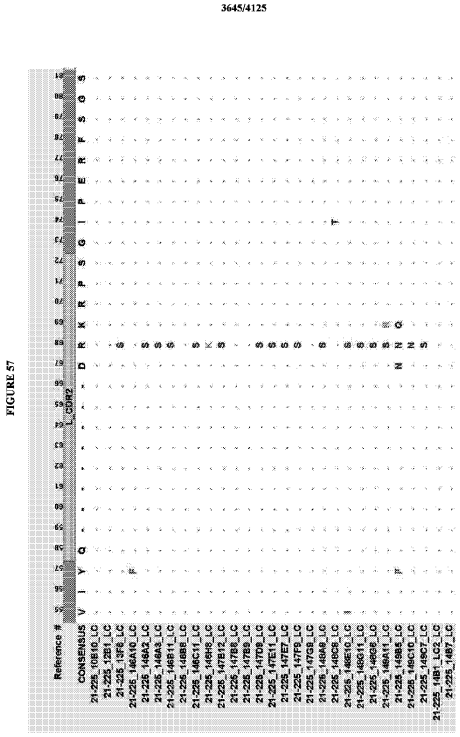
【図５７－５２０】



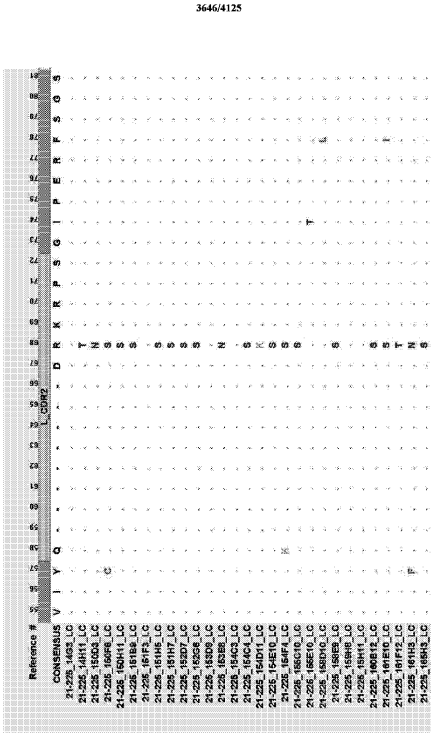
【図５７－５２１】



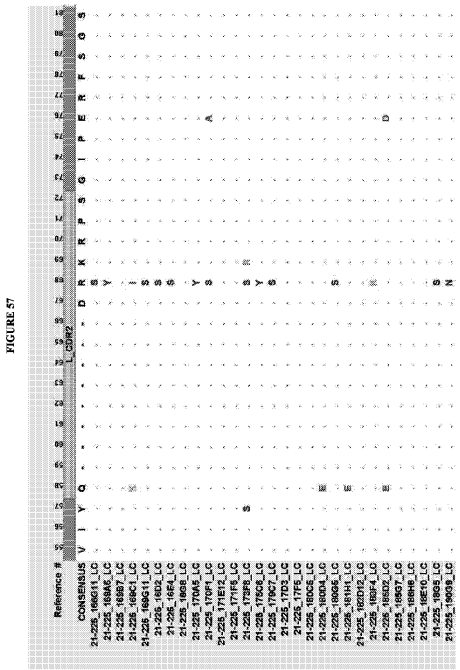
【図５７－５２２】



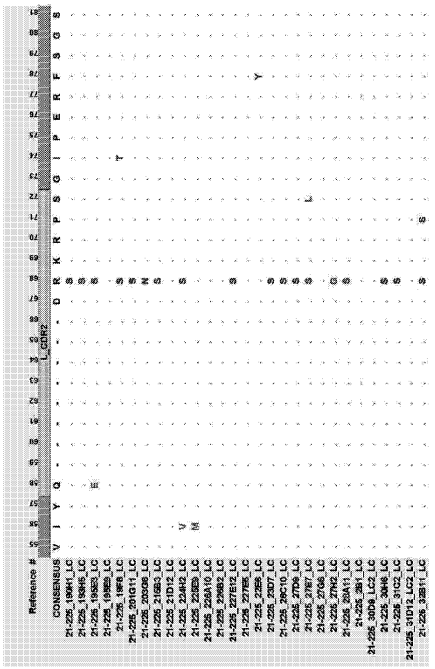
【図５７－５２３】



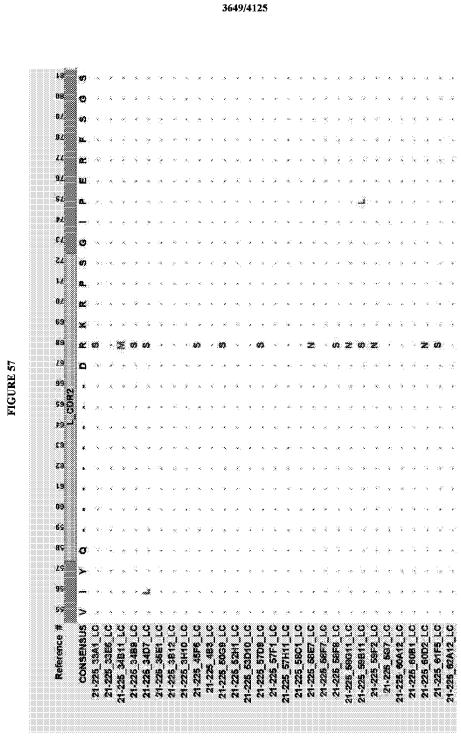
【図５７－５２４】



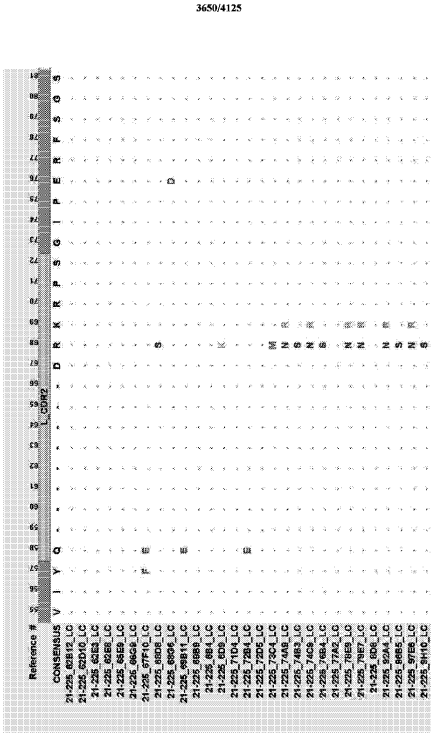
【図５７－５２５】



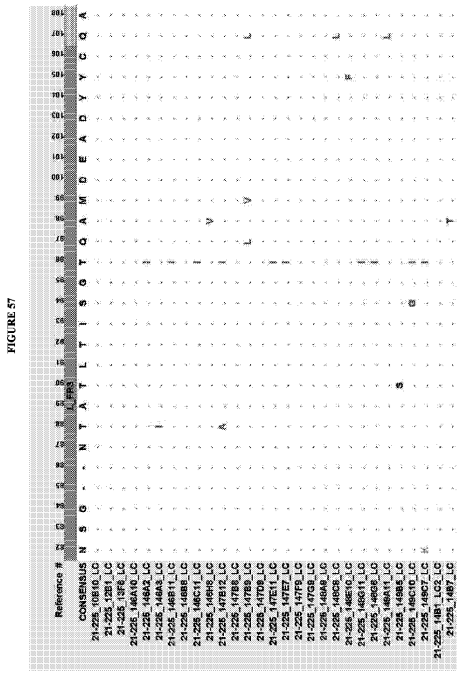
【図５７－５２６】



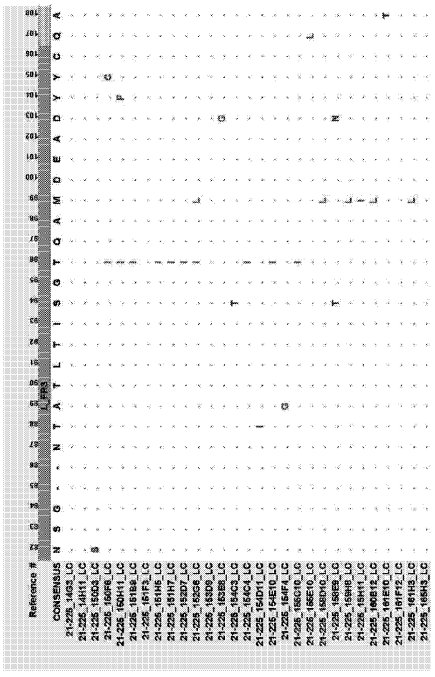
【図５７－５２７】



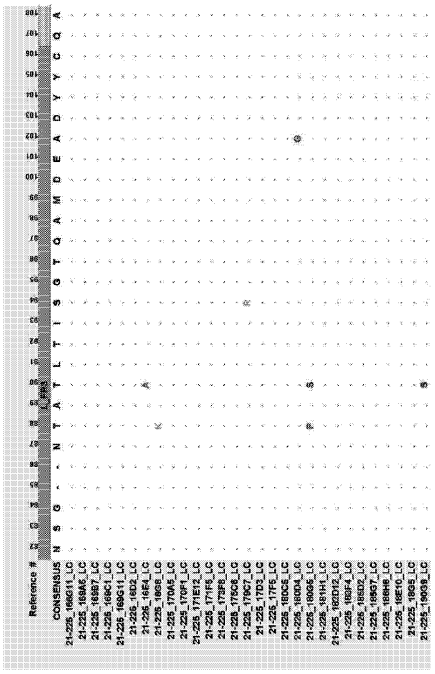
【図５７－５２８】



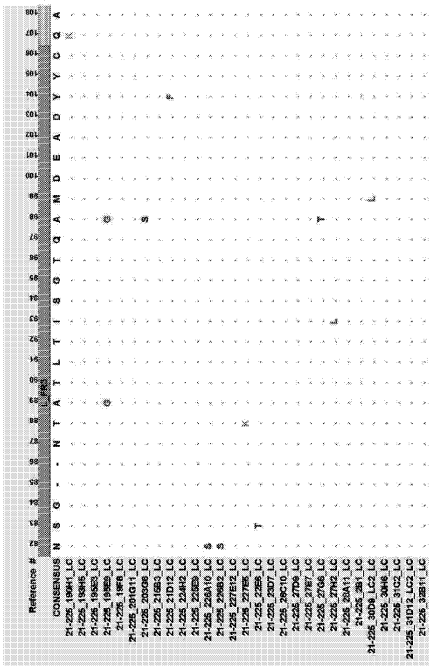
【図５７－５２９】



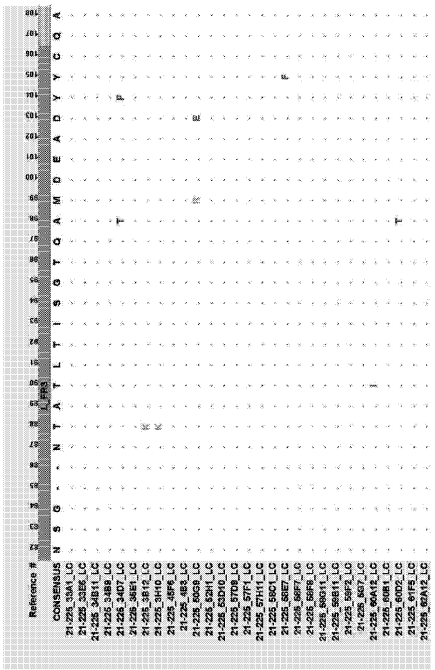
【図５７－５３０】



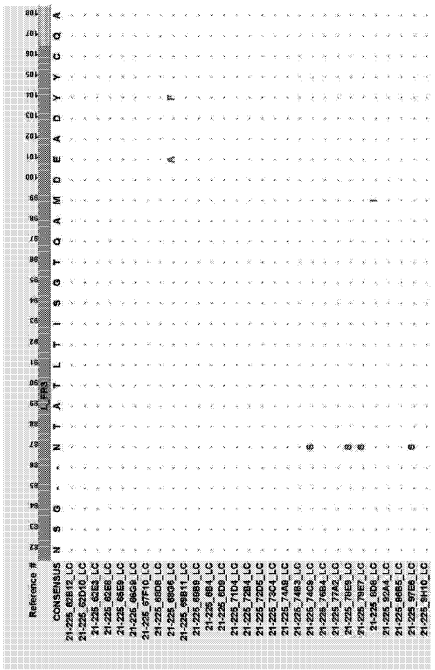
【図５７－５３１】



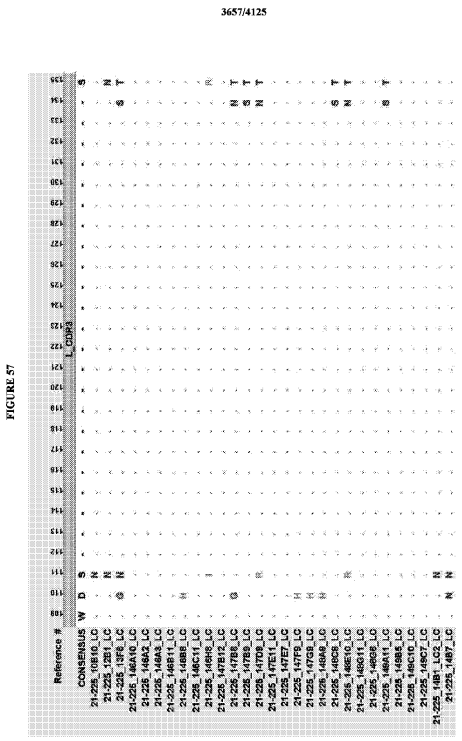
【図５７－５３２】



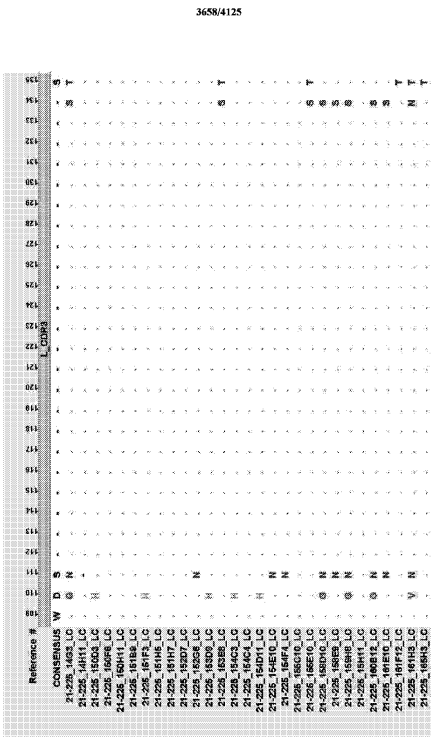
【図５７－５３３】



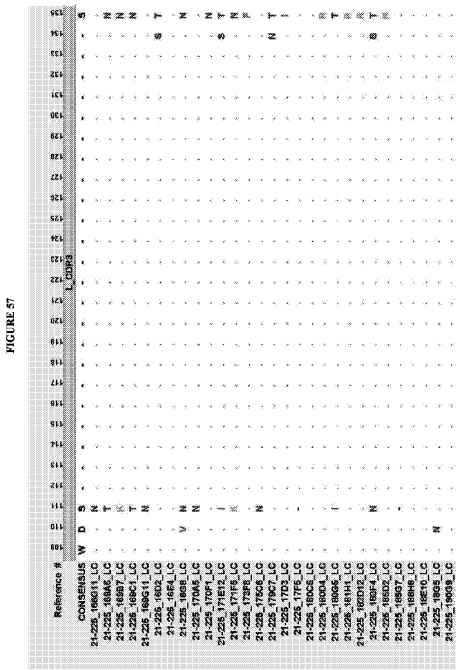
【図５７－５３４】



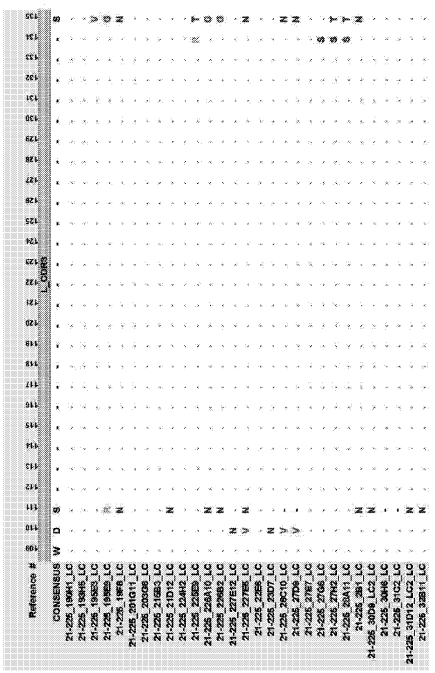
【図５７－５３５】



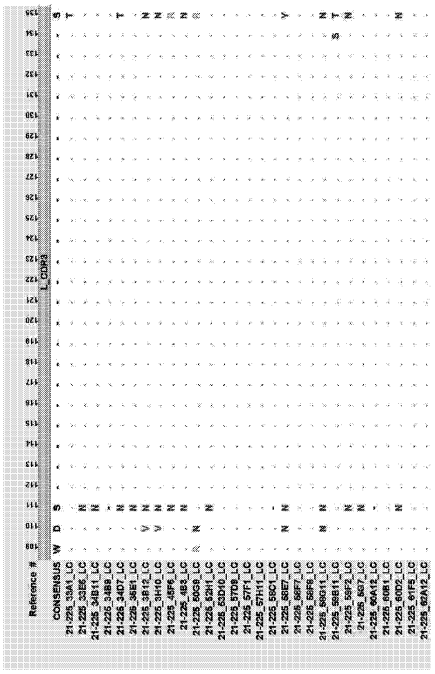
【図５７－５３６】



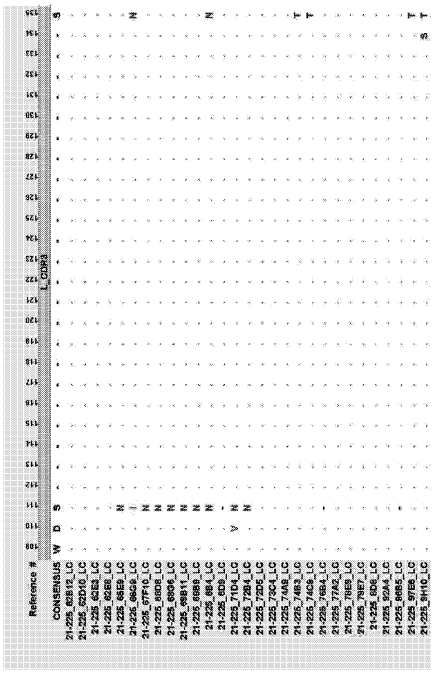
【図５７－５３７】



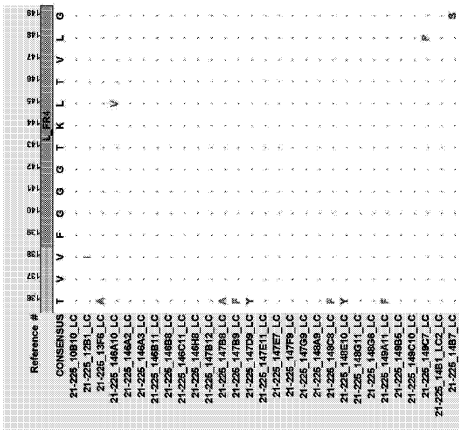
【図５７－５３８】



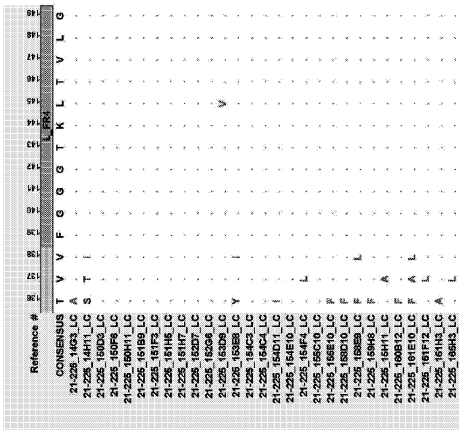
【図５７－５３９】



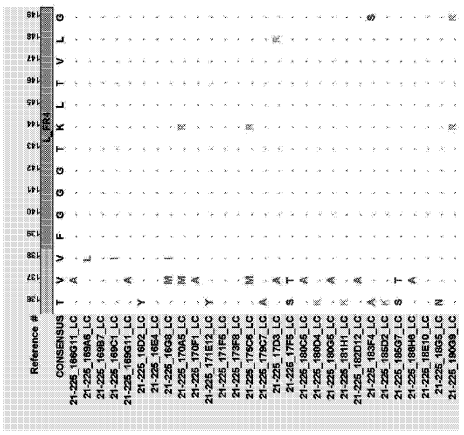
【図５７－５４０】



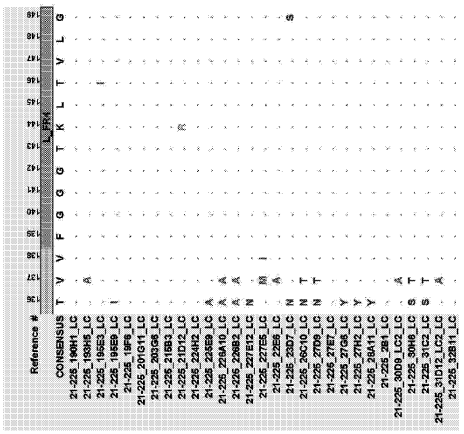
【図５７－５４１】



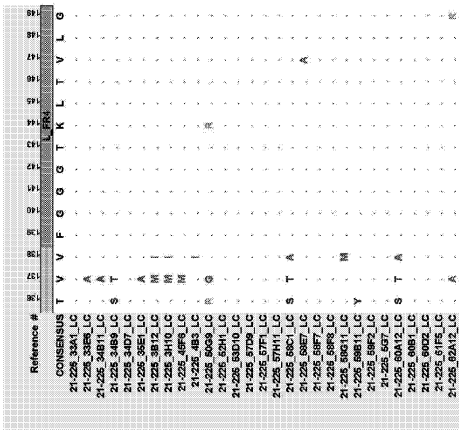
【図５７－５４２】



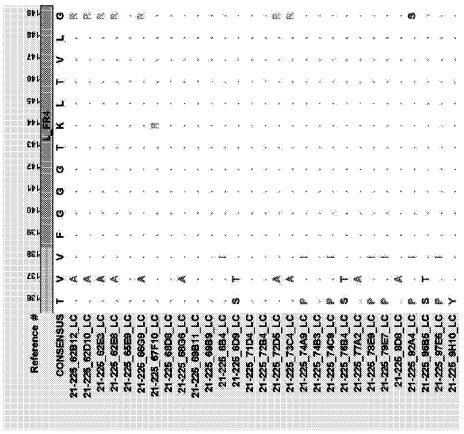
【図５７－５４３】



【図５７－５４４】



【図５７－５４５】



【図５７－５４６】

FIGURE 57

Table 97. Consensus 17 - VK3JA27/JK1 (SEQ ID NO: 50314):

EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRAS--QSVYS-----SYLAWYQQKPGQAPRLLIYG-----ASSRATGIPDRFSGSGSG--
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYDN-----------------SPWTFGQGTKVEIKR wherein:

R at position 24 can be substituted with W

A at position 25 can be substituted with T

S at position 26 can be substituted with G or R

Q at position 29 can be substituted with P

S at position 30 can be substituted with N, I or R

V at position 31 can be substituted with I or F

Y at position 32 can be substituted with R, S, N, D, F, H, G or W

S at position33 can be substituted with T, N, G, L or R

S at position 39 can be substituted with N, G, R, D, A or Y

Y at position 40 can be substituted with F or H

A at position 42 can be substituted with Y or S

G at position 58 can be substituted with D or V

A at position 67 can be substituted with T, P or V

S at position 68 can be substituted with F, Y, A or T

S at position 69 can be substituted with R, N or A

A at position 71 can be substituted with S or T

T at position 72 can be substituted with P, S or A

【図５７－５４７】

FIGURE 57

Q at position 107 can be substituted with H

Q at position 108 can be substituted with H

Y at position 109 can be substituted with S

D at position 110 can be substituted with E, G or H

N at position 111 can be substituted with S, null (-), R, T, I, D or G

null (-) at position 134 can be substituted with S

S at position 135 can be substituted with P, N or R

P at position 136 can be substituted with S or V

W at position 137 can be substituted with R

T at position 138 can be substituted with A

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50127)

Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50128)

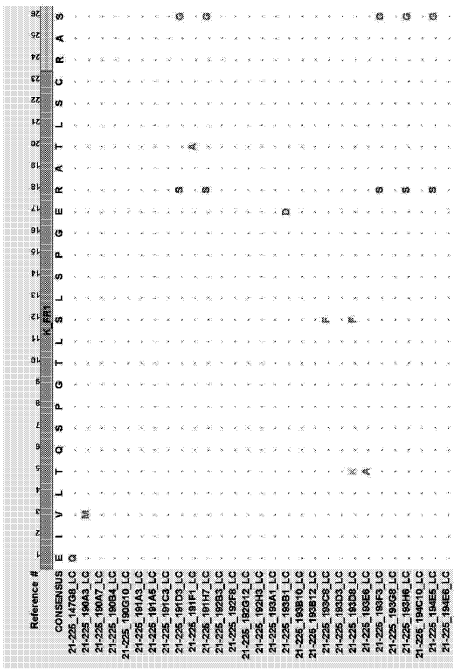
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50129)

Arg Ala Ser Gln Ser Val Tyr Ser Ser Tyr Leu Ala (SEQ ID NO: 50612)

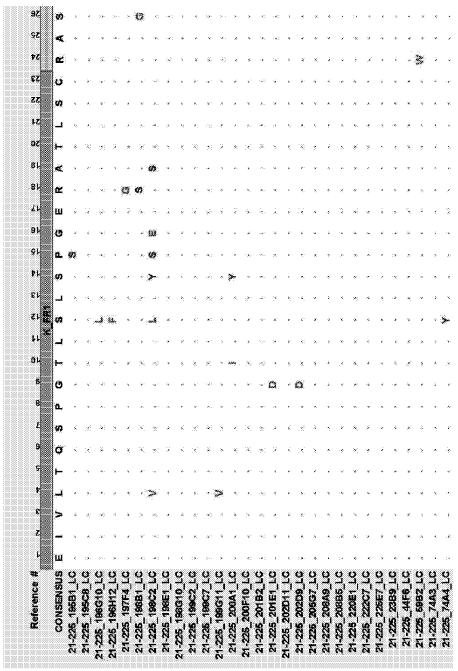
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr (SEQ ID NO: 50613)

Gln Gln Tyr Asp Asn Ser Pro Trp Thr (SEQ ID NO: 50614)

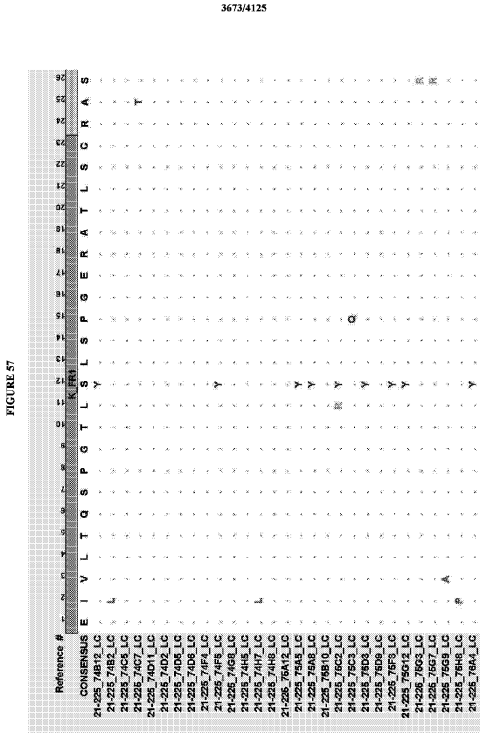
【図５７－５４８】



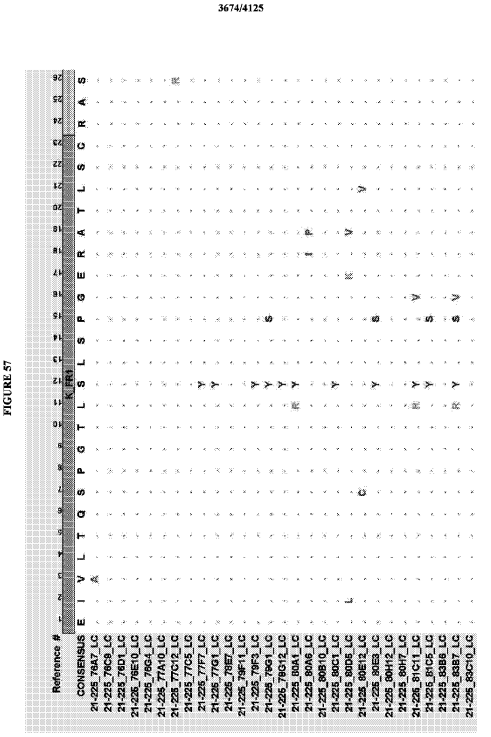
【図５７－５４９】



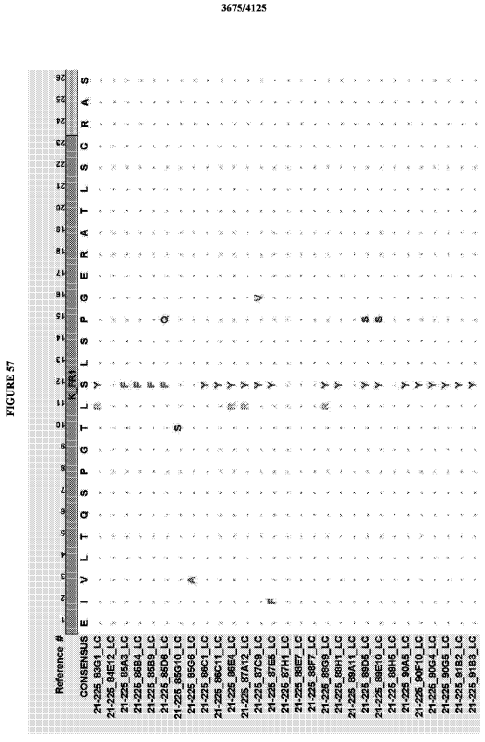
【図５７－５５０】



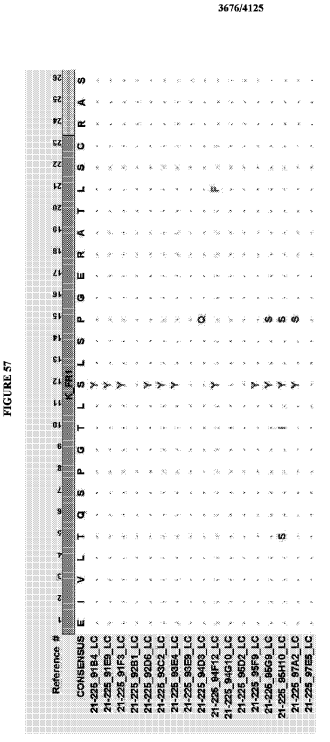
【図５７－５５１】



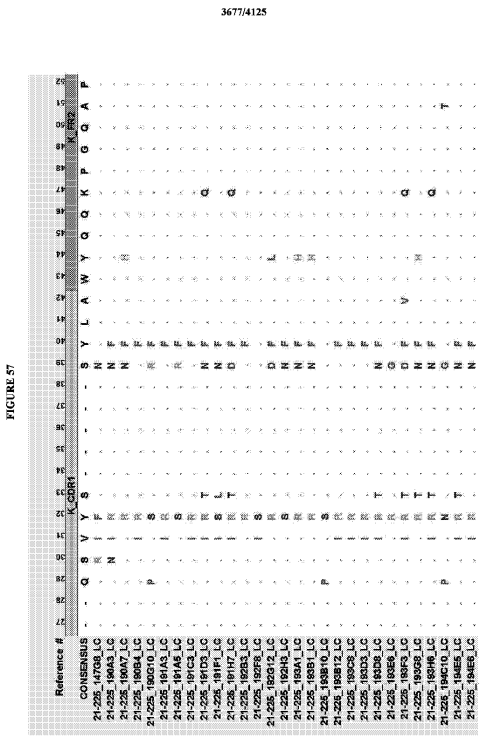
【図５７－５５２】



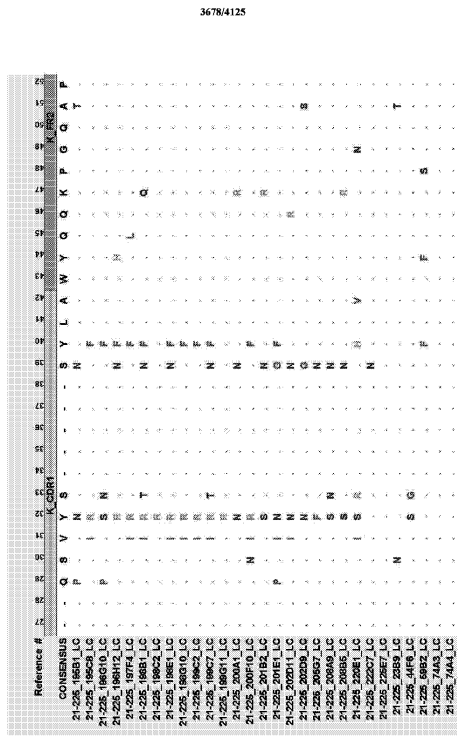
【図５７－５５３】



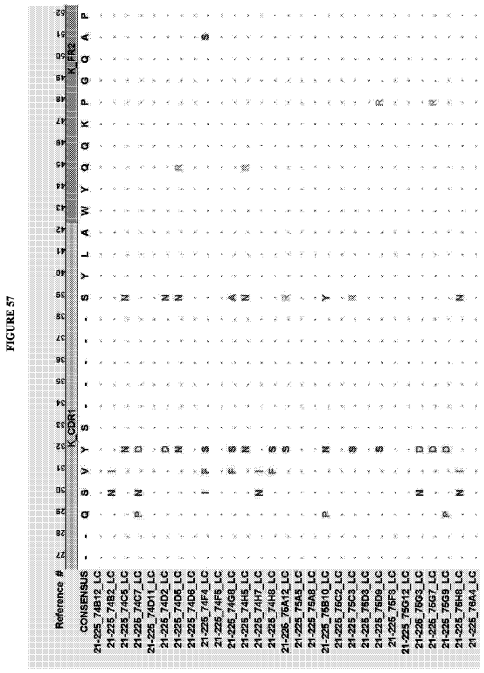
【図５７－５５４】



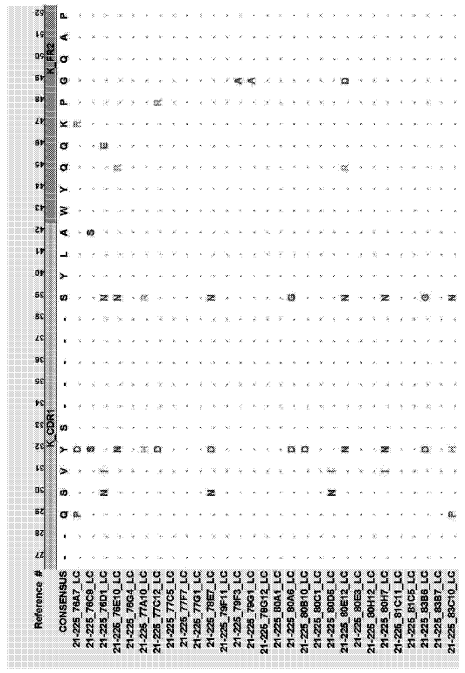
【図５７－５５５】



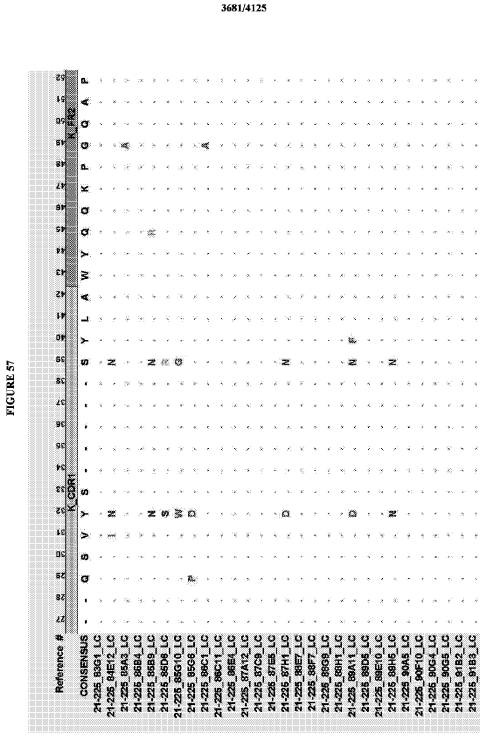
【図５７－５５６】



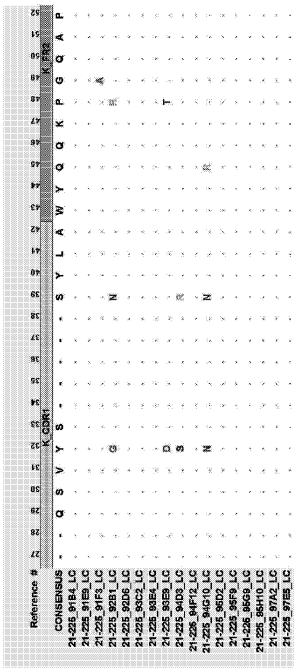
【図５７－５５７】



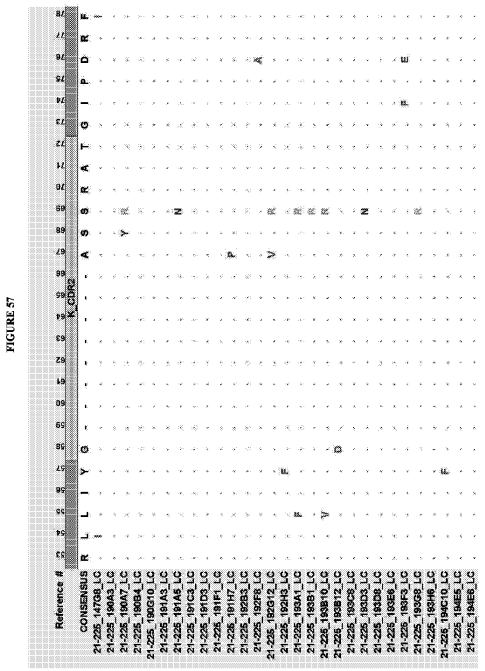
【図５７－５５８】



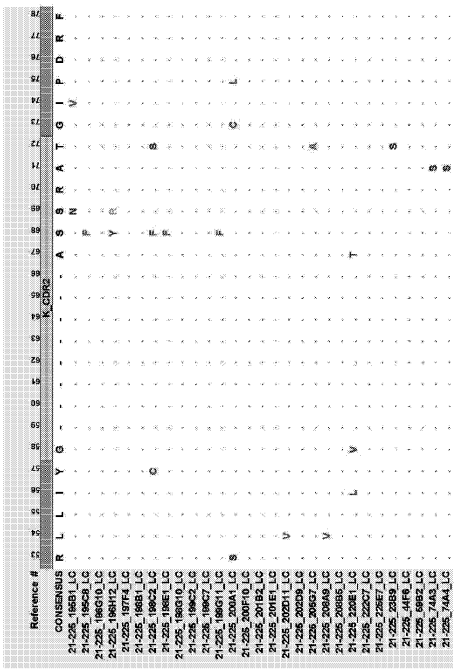
【図５７－５５９】



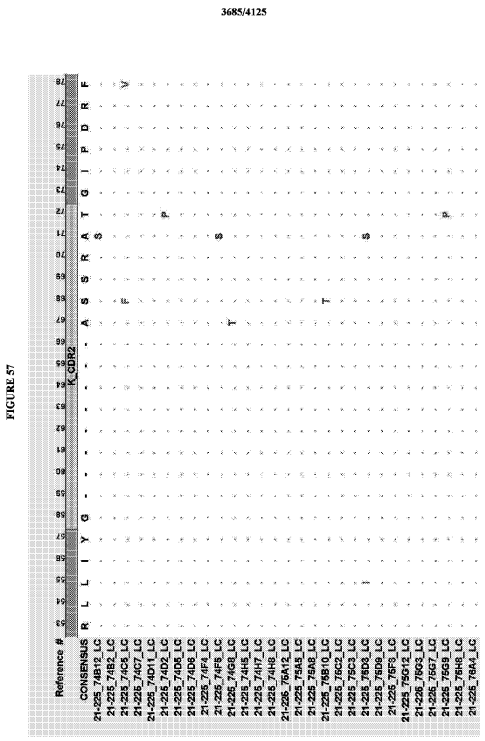
【図５７－５６０】



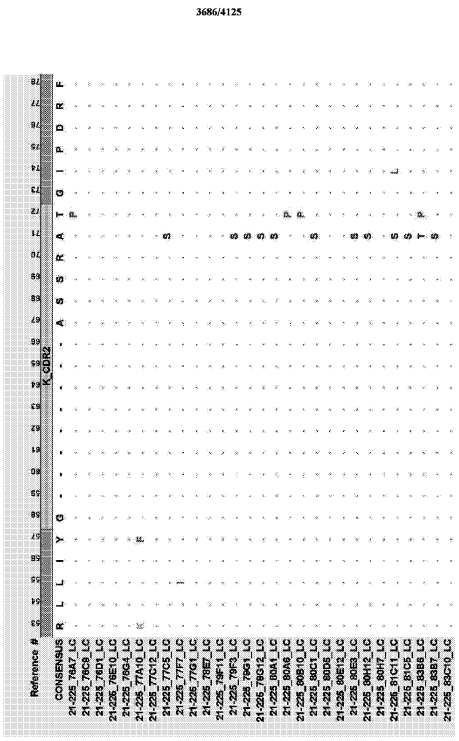
【図５７－５６１】



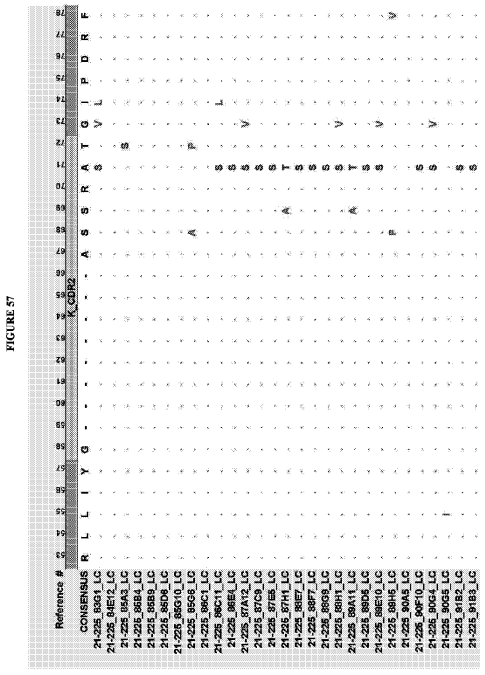
【図５７－５６２】



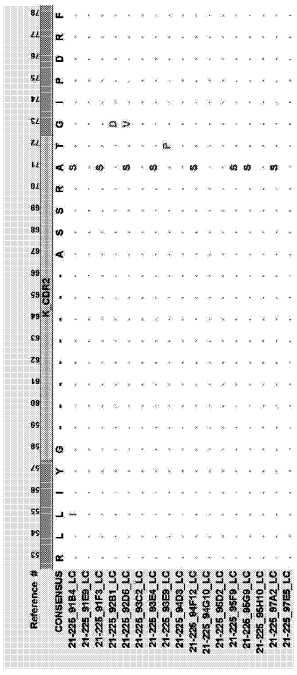
【図５７－５６３】



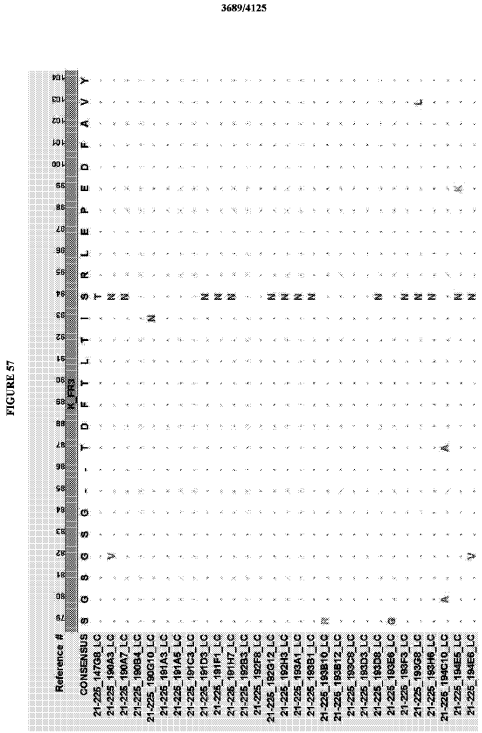
【図５７－５６４】



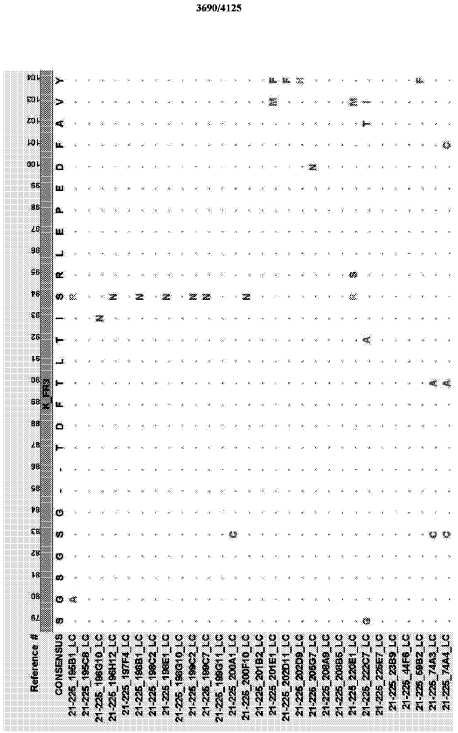
【図５７－５６５】



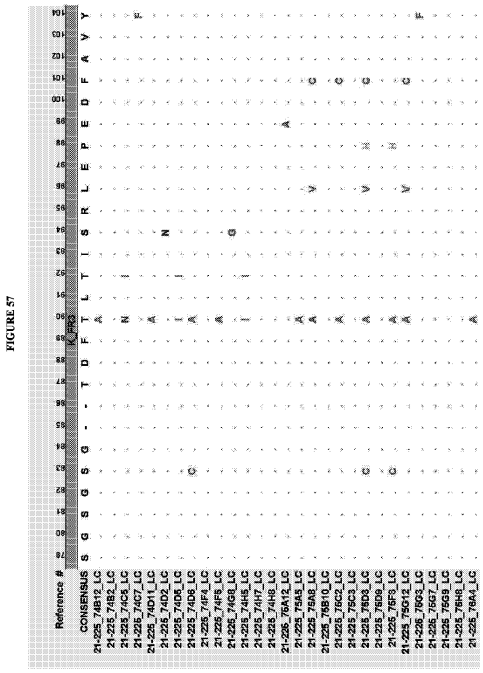
【図５７－５６６】



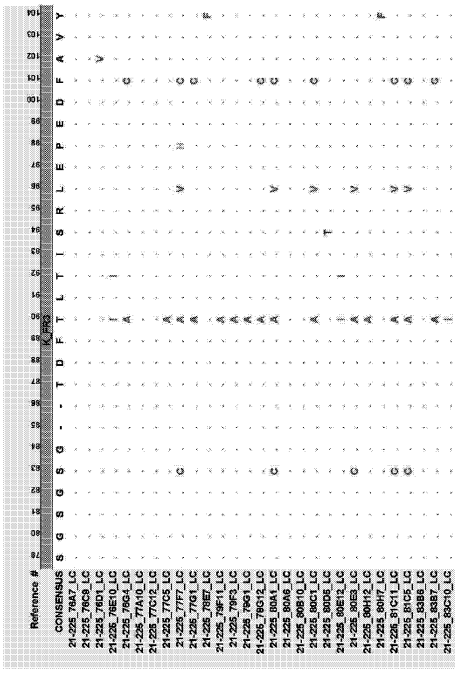
【図５７－５６７】



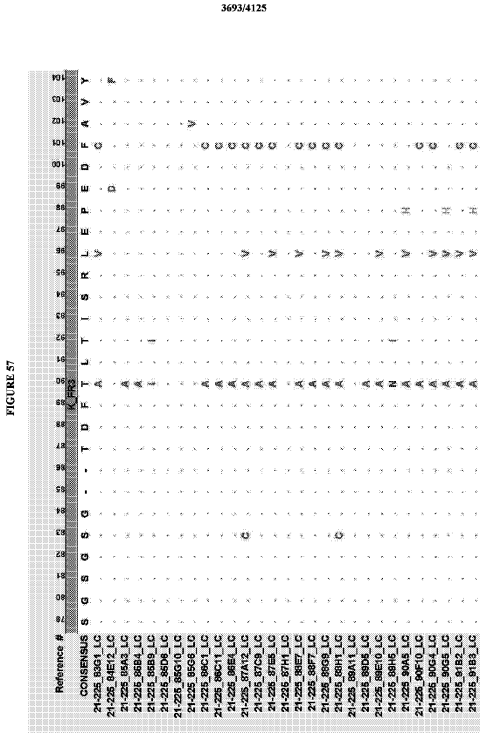
【図５７－５６８】



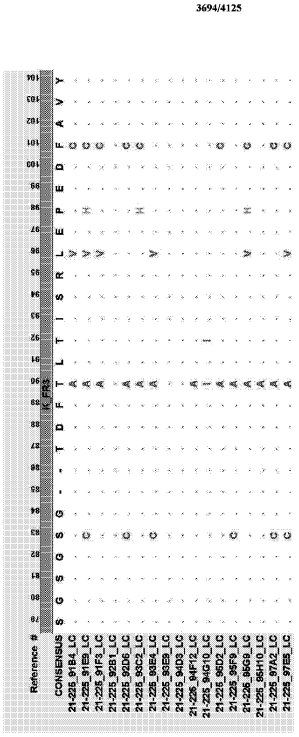
【図５７－５６９】



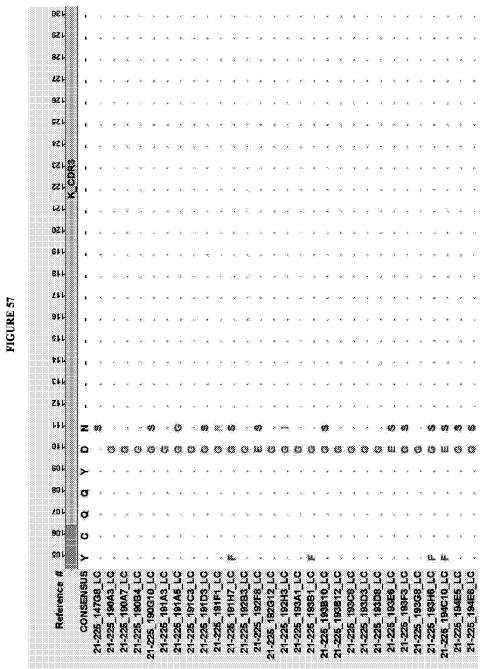
【図５７－５７０】



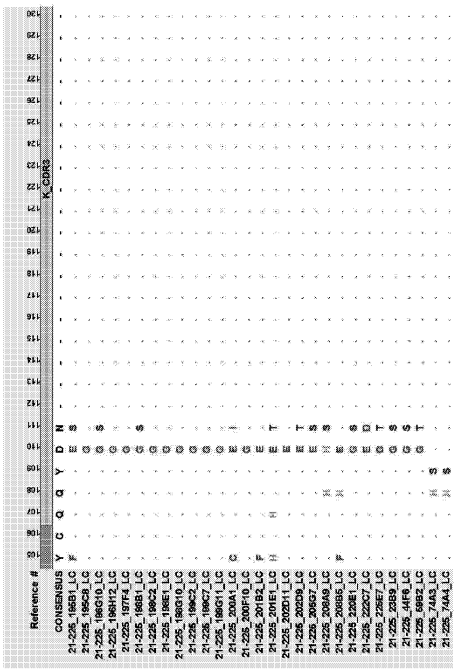
【図５７－５７１】



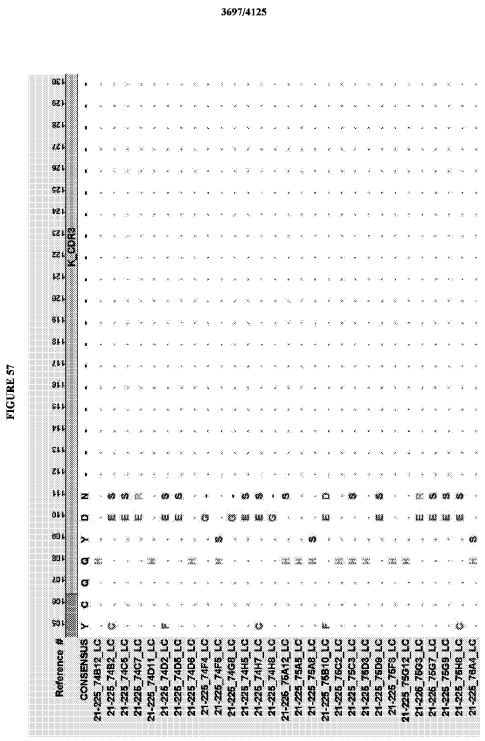
【図５７－５７２】



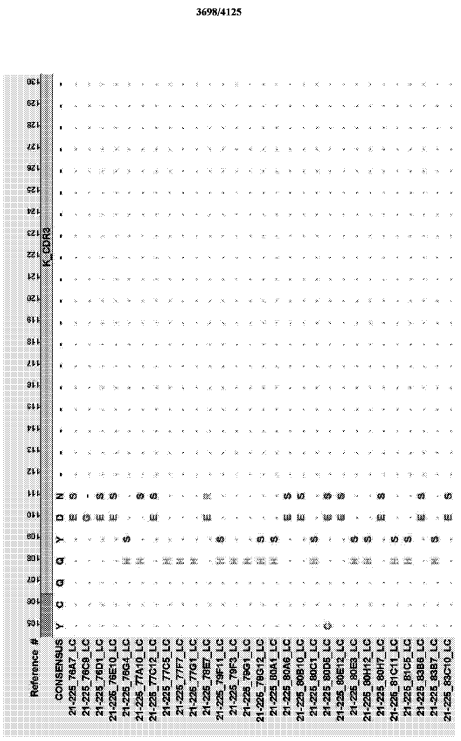
【図５７－５７３】



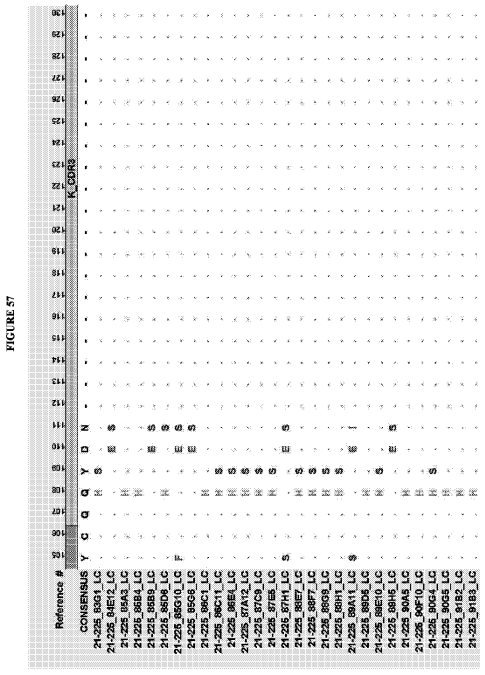
【図５７－５７４】



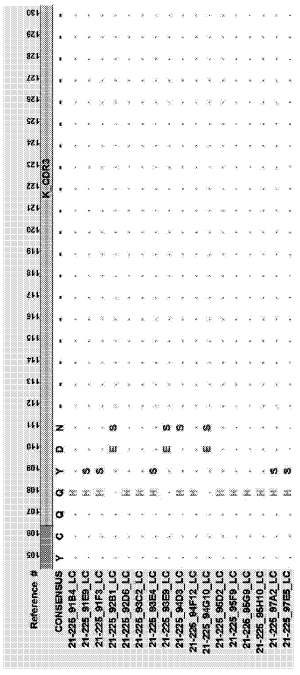
【図５７－５７５】



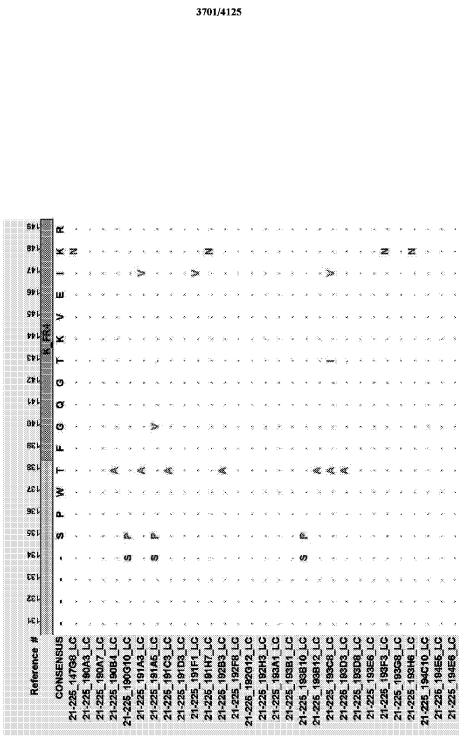
【図５７－５７６】



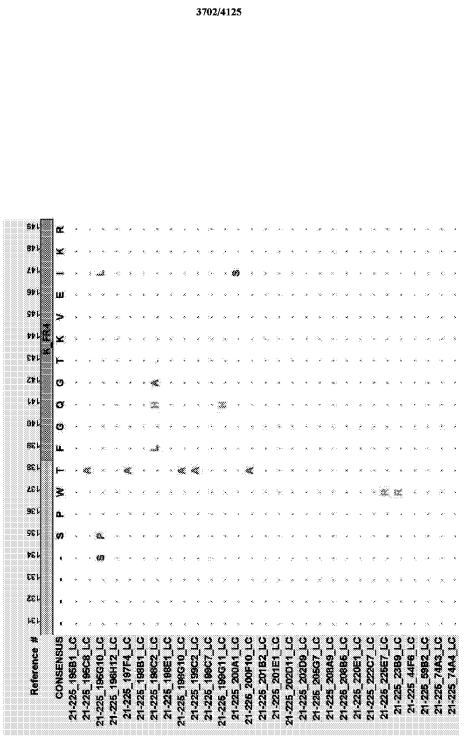
【図５７－５７７】



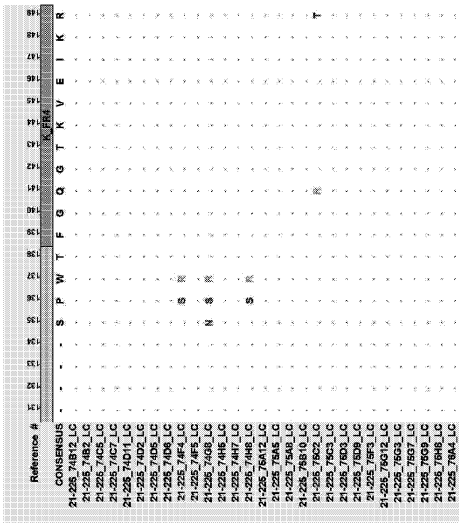
【図５７－５７８】



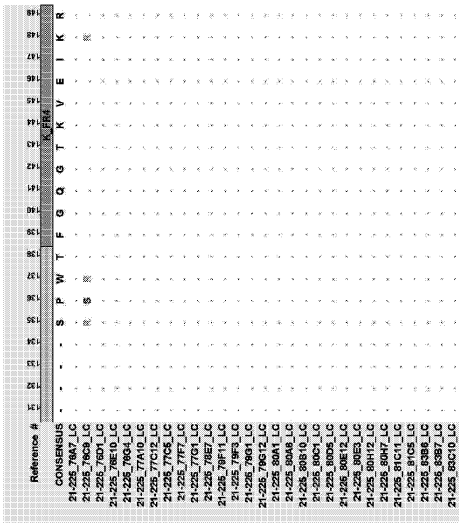
【図５７－５７９】



【図５７－５８０】

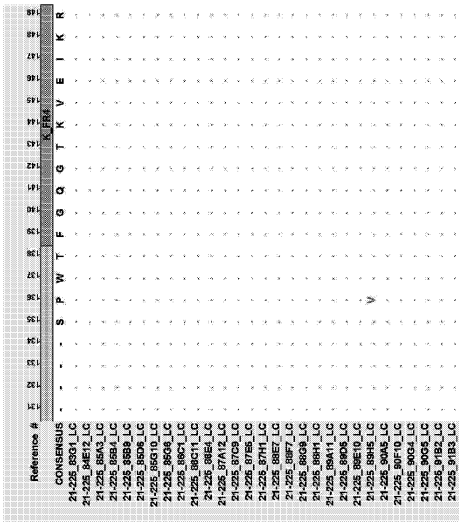


【図５７－５８１】



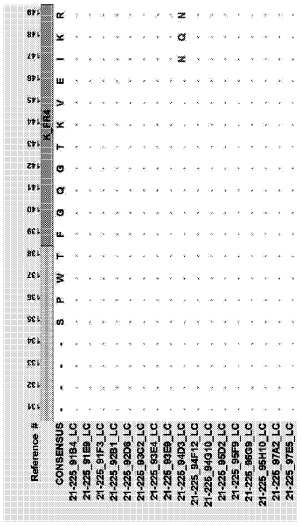
【図５７－５８２】

FIGURE 57



【図５７－５８３】

FIGURE 57



【図５７－５８４】

FIGURE 57

Table 98. Consensus 18 - VK1/A30/JK1 (SEQ ID NO: 50315):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QGIR------NDLGWYQQKPGKAPKRLIYA------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYS------YPRTFGQGTKVEIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with T

S at position 26 can be substituted with T

Q at position 29 can be substituted with R

G at position 30 can be substituted with D, A, N or V

R at position 32 can be substituted with G

N at position 39 can be substituted with K, D, H, S, G or T

D at position 40 can be substituted with I or Y

G at position 42 can be substituted with N

A at position 58 can be substituted with T, I, V, P, G, R or S

A at position 67 can be substituted with T or S

S at position 68 can be substituted with A, F, P or Y

S at position 69 can be substituted with N, R, G or T

L at position 70 can be substituted with C, F or S

Q at position 71 can be substituted with H or E

S at position 72 can be substituted with N, G or I

L at position 107 can be substituted with V, I or H

Q at position 108 can be substituted with M, H, L or V

【図５７－５８５】

FIGURE 57

H at position 109 can be substituted with Q, Y, L or S

Y at position 110 can be substituted with N, H, S or T

S at position 111 can be substituted with N, T, R, D, F or G

null (-) at position 134 can be substituted with Y or F

Y at position 135 can be substituted with F, P, C, N or T

P at position 136 can be substituted with L

R at position 137 can be substituted with W, F or L

Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50130)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50131)

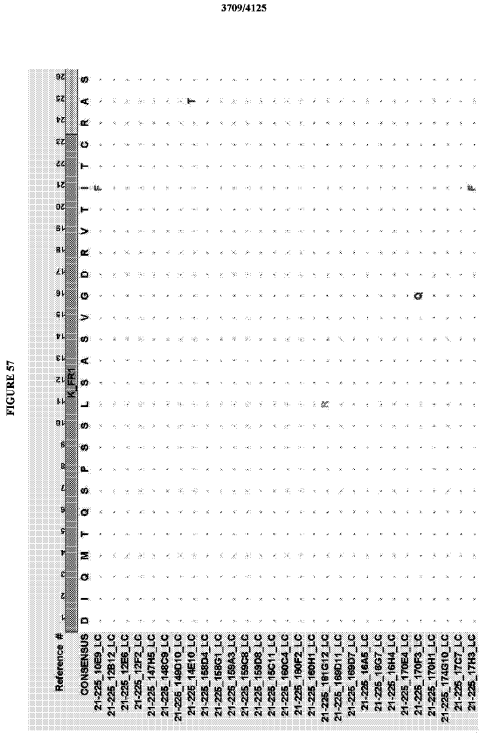
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Thr (SEQ ID NO: 50132)

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Asp Leu Gly (SEQ ID NO: 50615)

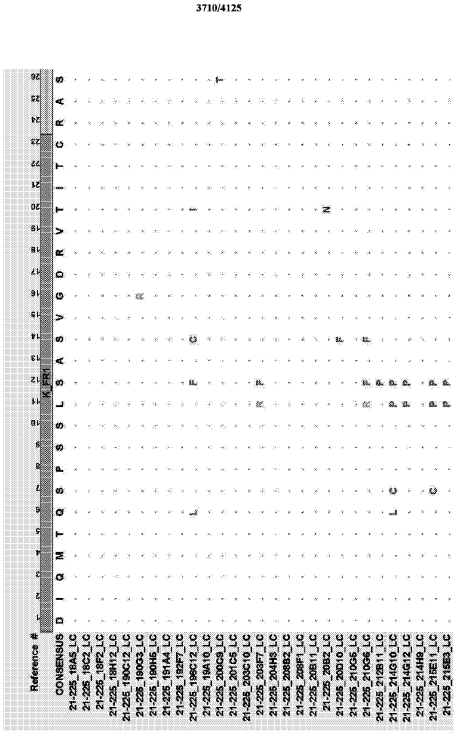
Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50616)

Leu Gln His Tyr Ser Tyr Pro Arg Thr (SEQ ID NO: 50617)

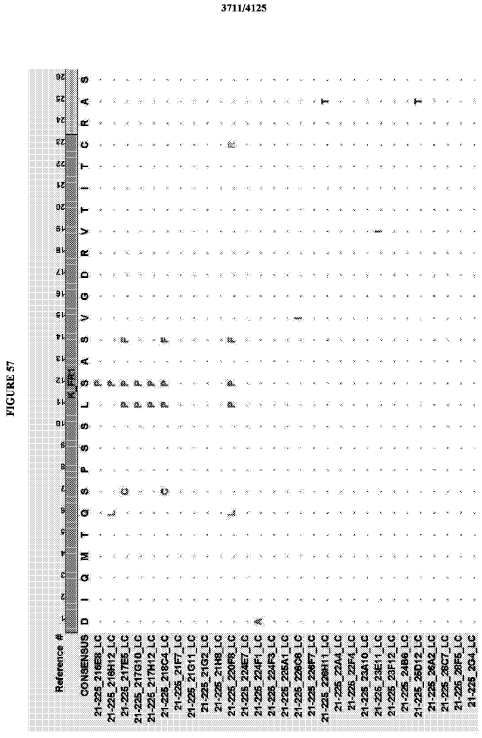
【図５７－５８６】



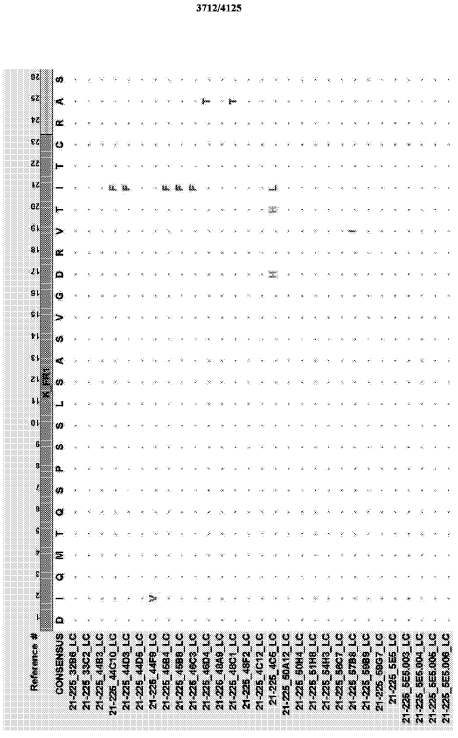
【図５７－５８７】



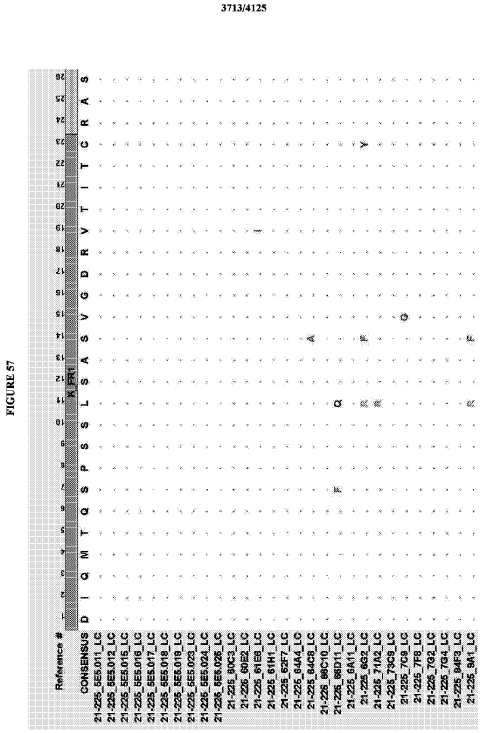
【図５７－５８８】



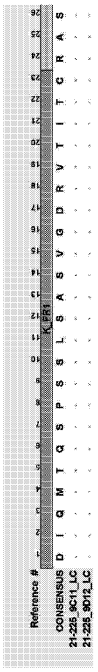
【図５７－５８９】



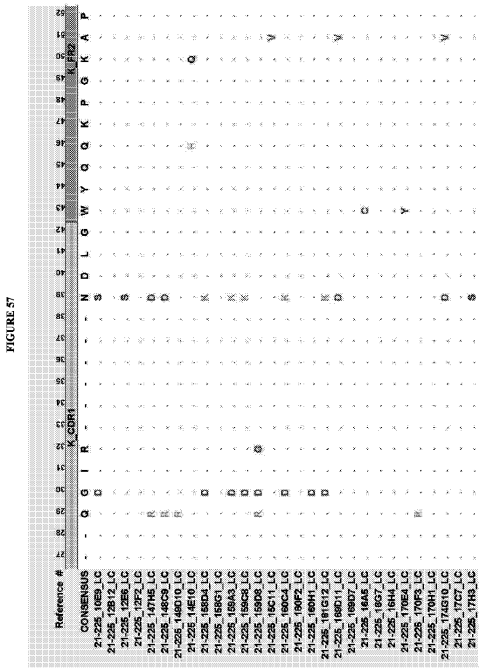
【図５７－５９０】



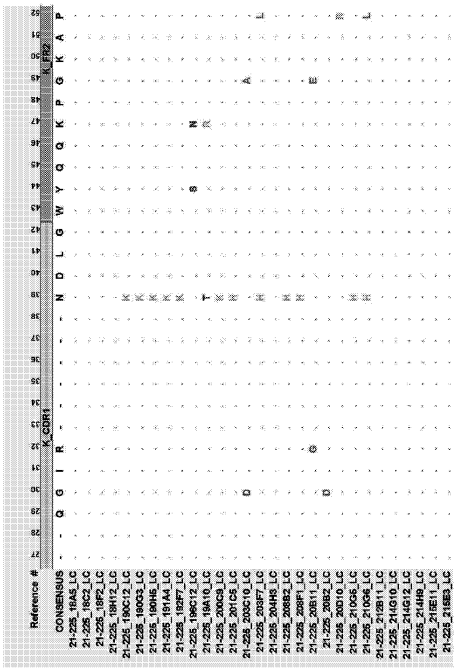
【図５７－５９１】



【図５７－５９２】



【図５７－５９３】



【図５７－５９４】

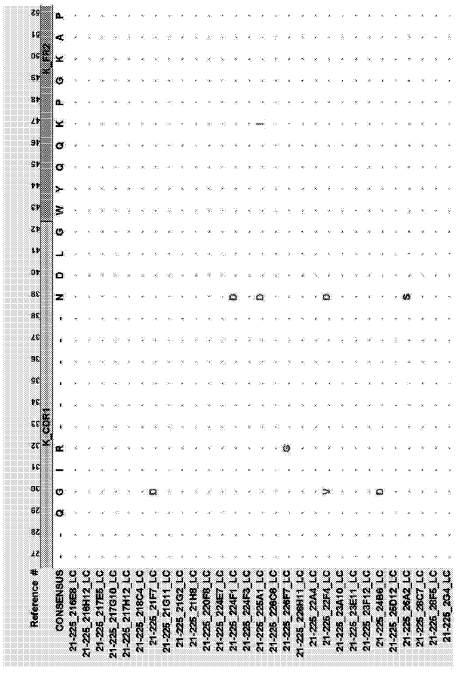


FIGURE 57

【図５７－５９５】

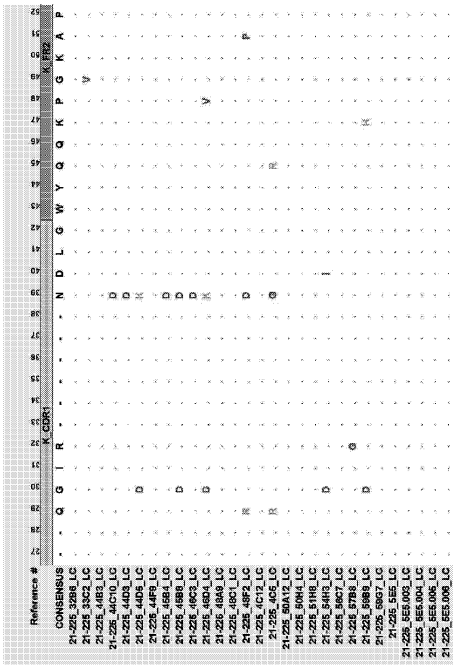


FIGURE 57

【図５７－５９６】

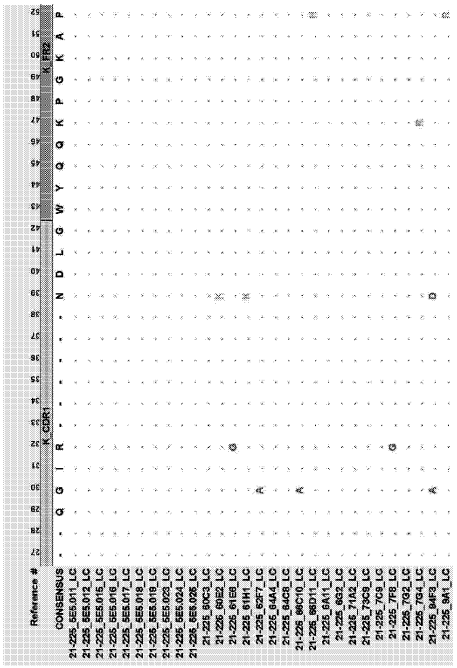


FIGURE 57

【図５７－５９７】

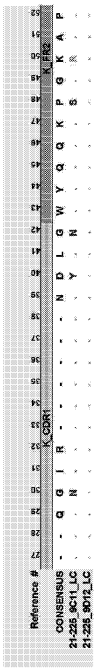
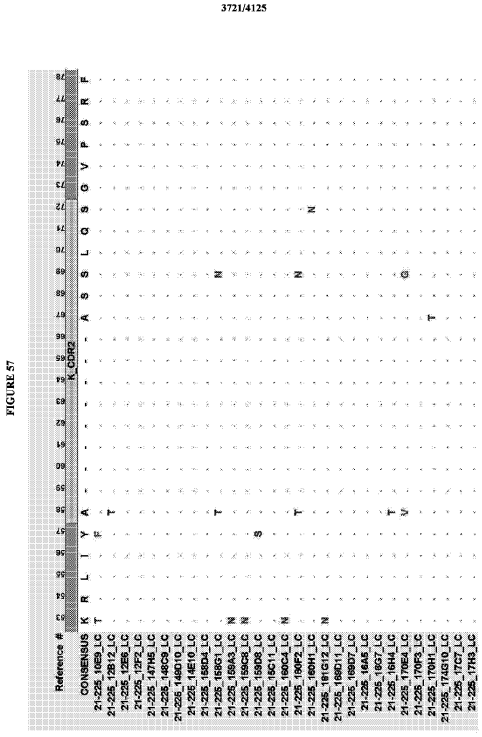
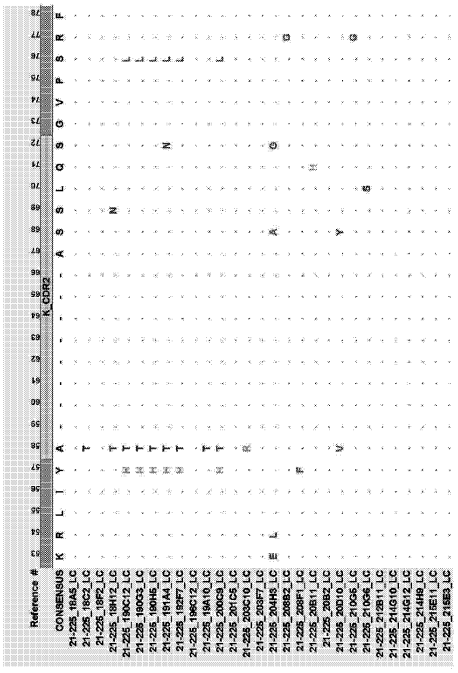


FIGURE 57

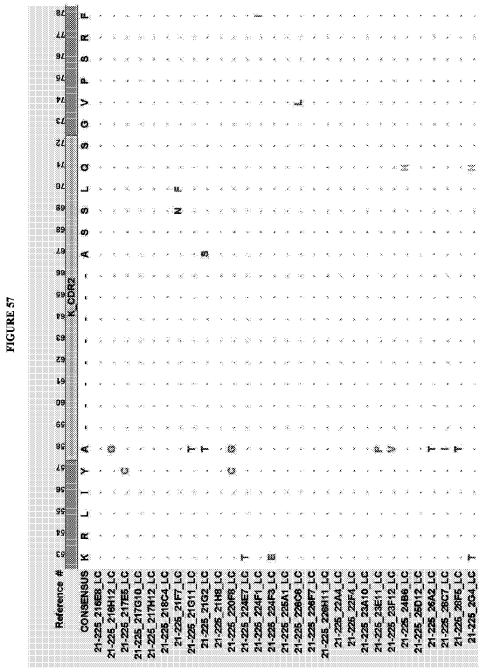
【図５７－５９８】



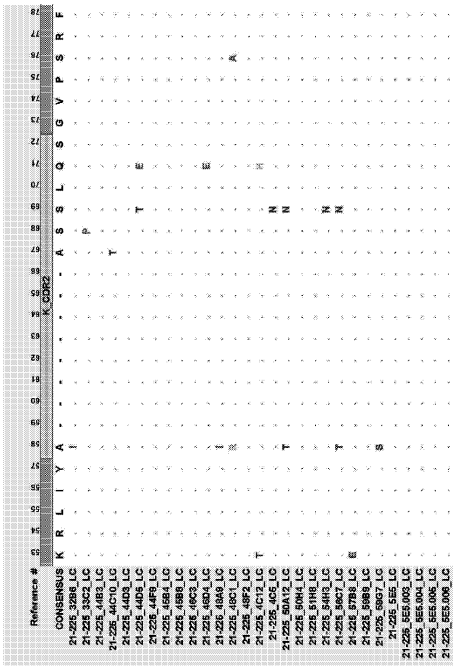
【図５７－５９９】



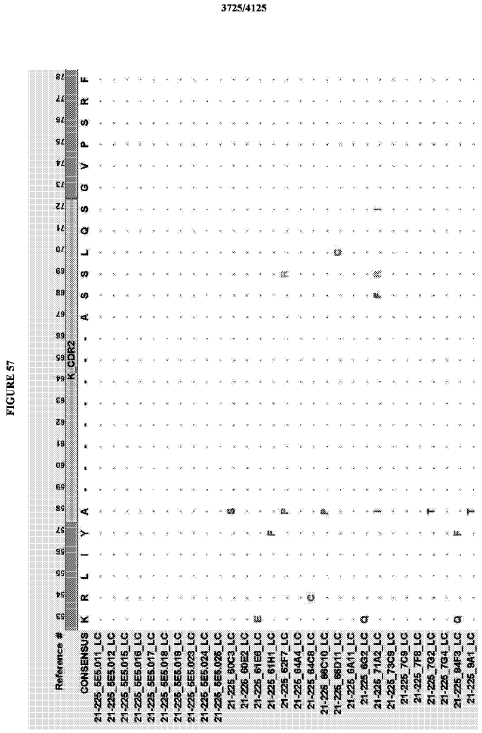
【図５７－６００】



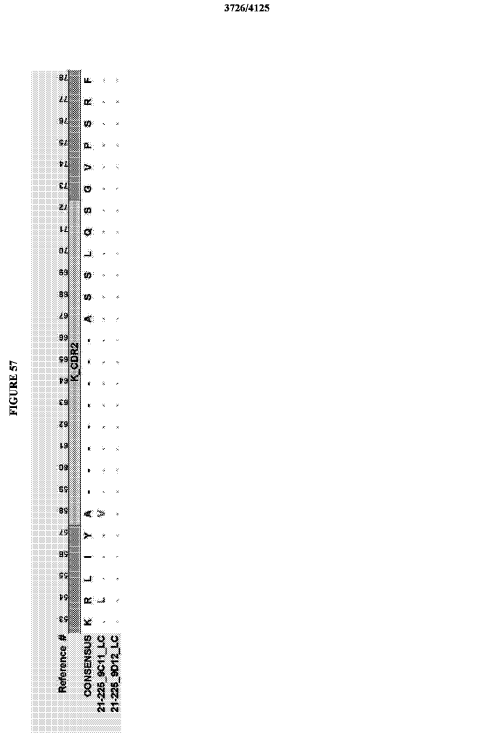
【図５７－６０１】



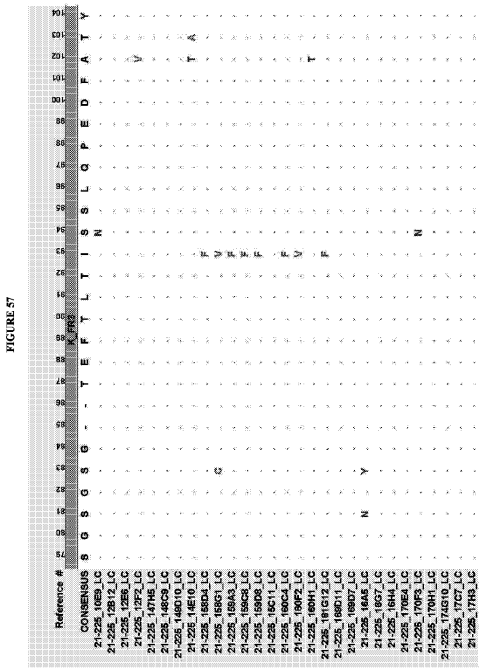
【図５７－６０２】



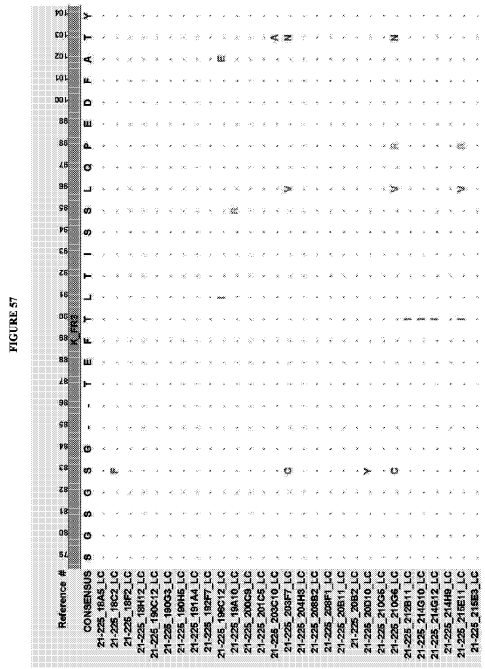
【図５７－６０３】



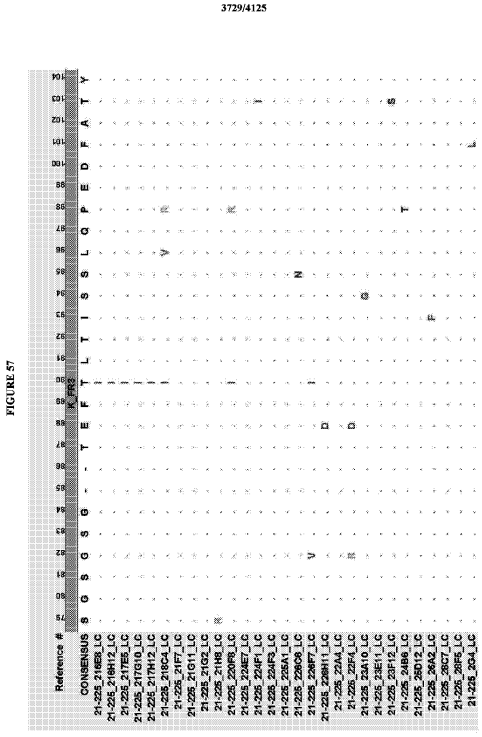
【図５７－６０４】



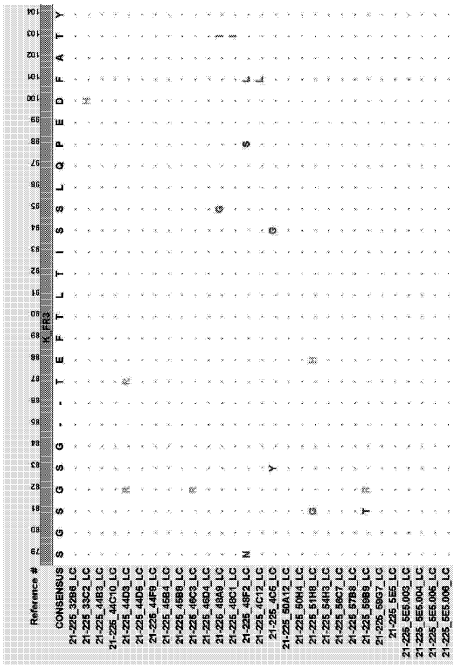
【図５７－６０５】



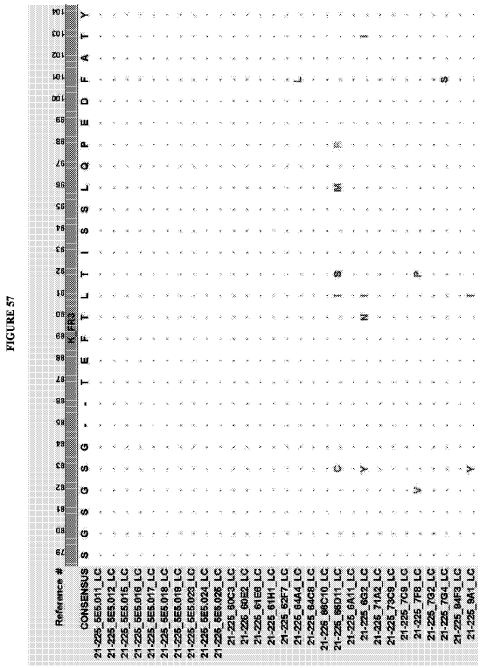
【図５７－６０６】



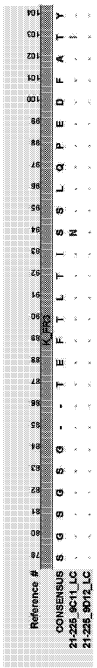
【図５７－６０７】



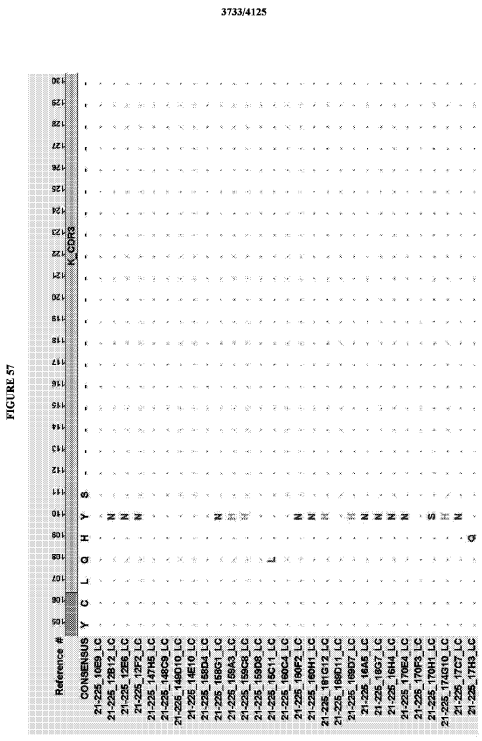
【図５７－６０８】



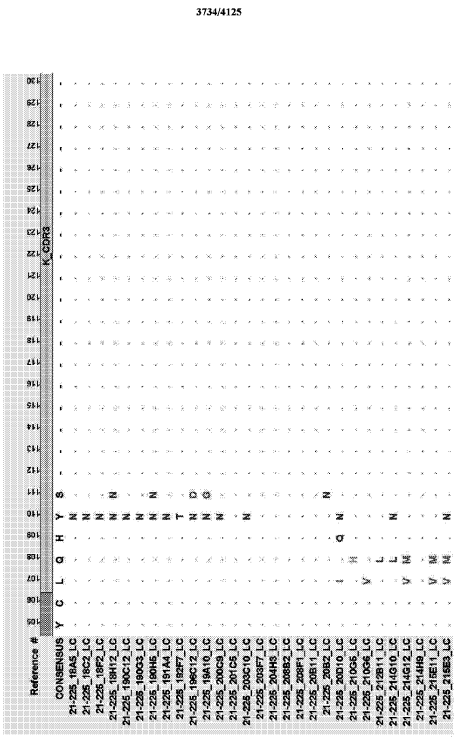
【図５７－６０９】



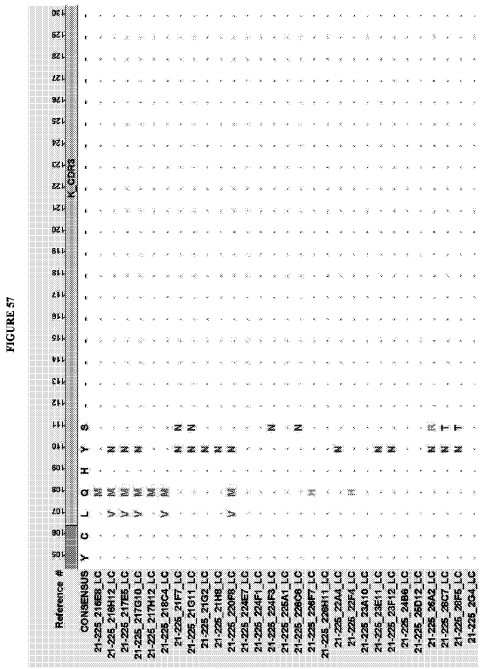
【図５７－６１０】



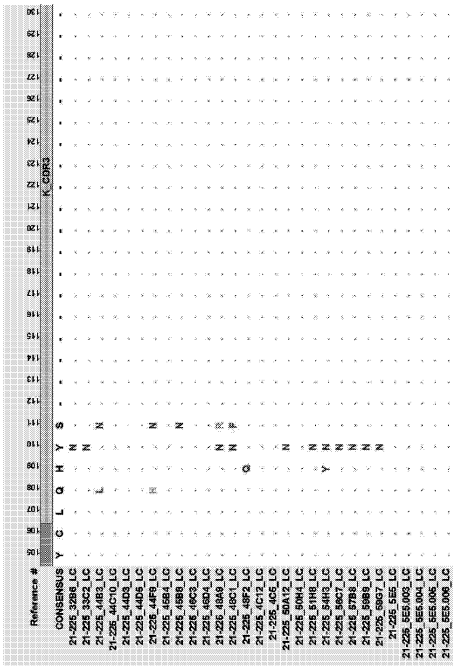
【図５７－６１１】



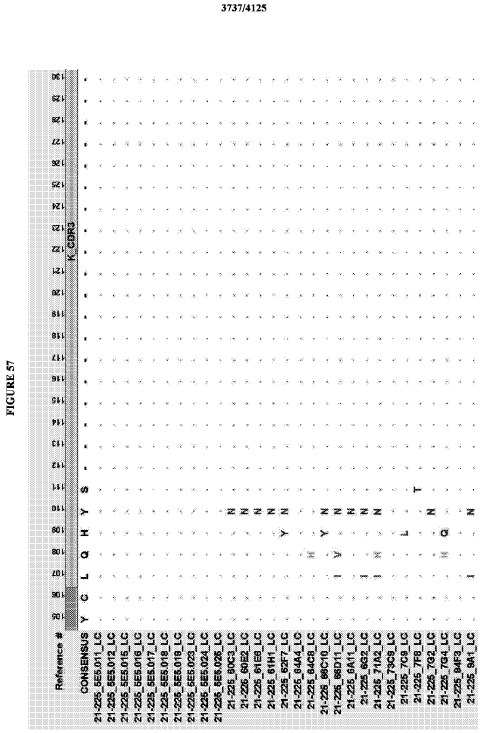
【図５７－６１２】



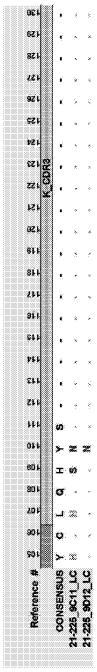
【図５７－６１３】



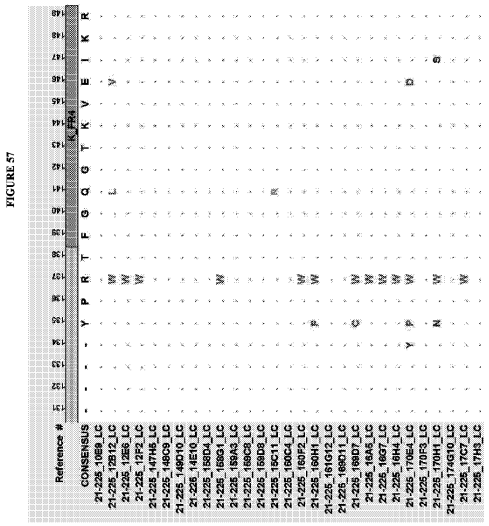
【図５７－６１４】



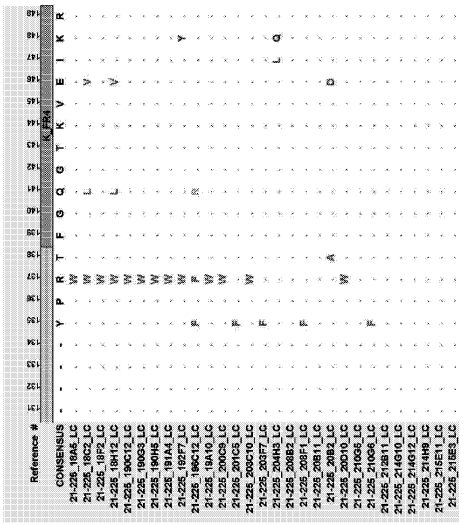
【図５７－６１５】



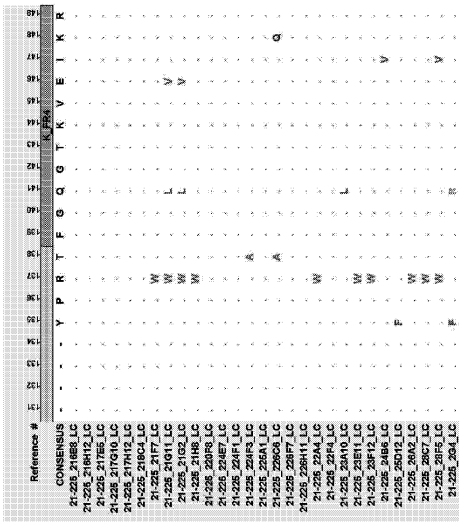
【図５７－６１６】



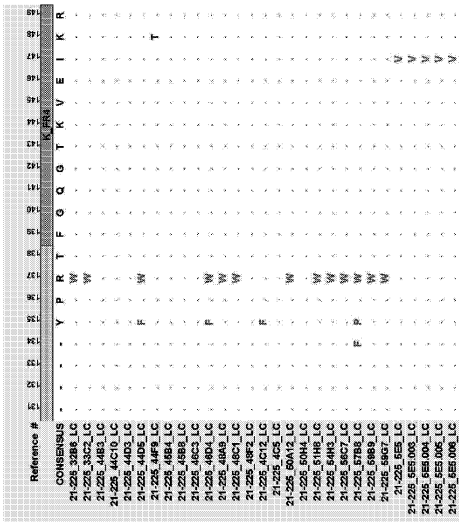
【図５７－６１７】



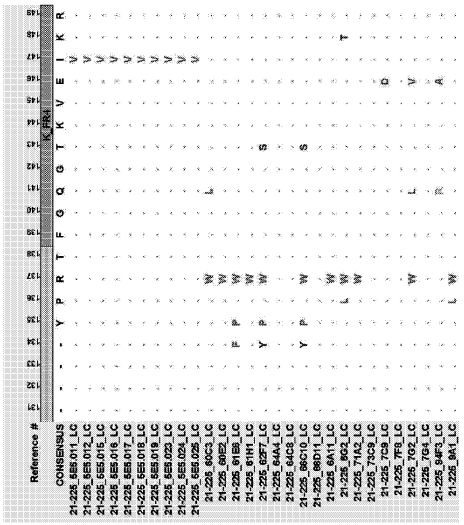
【図５７－６１８】



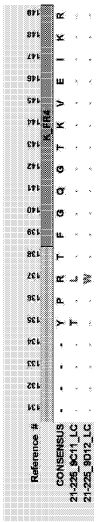
【図５７－６１９】



【図５７－６２０】



【図５７－６２１】



【図５７－６２２】

FIGURE 57

Table 99. Consensus 19 - VK4JB3/JK1 (SEQ ID NO: 50316):

DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSS--QSVLHSSNNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYW--------ASTRESGVPDRFSGSGSG--
TDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYS--------------------TPPTFGQGTKVEIKR wherein:

K at position 24 can be substituted with R or M

S at position 26 can be substituted with G or R

S at position 30 can be substituted with T, N or I

V at position 31 can be substituted with I or A

H at position 33 can be substituted with Y, F, S, K, D, L or M

S at position 34 can be substituted with T, R, N, I or D

S at position 35 can be substituted with F or P

N at position 36 can be substituted with H

N at position 37 can be substituted with K, S, D or H

N at position 38 can be substituted with Y, K, H, R, A, F or W

N at position 39 can be substituted with H or Y

Y at position 40 can be substituted with S

L at position 41 can be substituted with F

A at position 42 can be substituted with I, V or G

A at position 67 can be substituted with T or S

S at position 68 can be substituted with F

T at position 69 can be substituted with I, K or S

【図５７－６２３】

FIGURE 57

R at position 70 can be substituted with W or L

E at position 71 can be substituted with K, A, D or R

S at position 72 can be substituted with T

Q at position 107 can be substituted with H or L

Q at position 108 can be substituted with H

Y at position 109 can be substituted with F

Y at position 110 can be substituted with F, H, N, L or S

S at position 111 can be substituted with N, R, D, I, T, C, E or K

T at position 135 can be substituted with S, I, V, A or Y

P at position 137 can be substituted with W, L, V, C, G, R or S

T at position 138 can be substituted with K or S

Xaa Xaa Xaa Gln Ser Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50133)

Trp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50229)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50134)

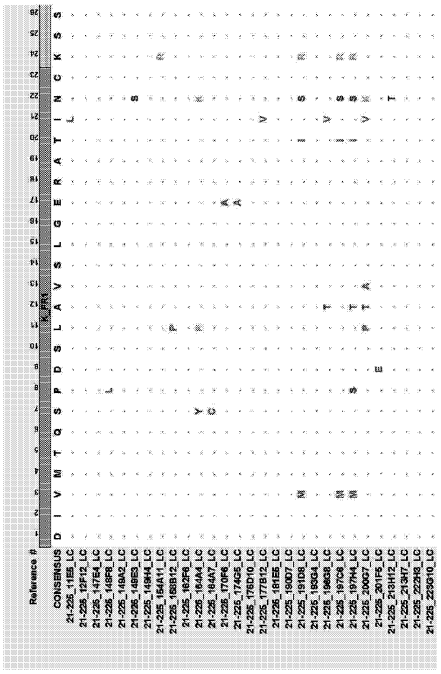
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu His Ser Ser Asn Asn Asn Asn Tyr Leu Ala (SEQ ID NO: 50618)

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser (SEQ ID NO: 50619)

Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Pro Thr (SEQ ID NO: 50620)

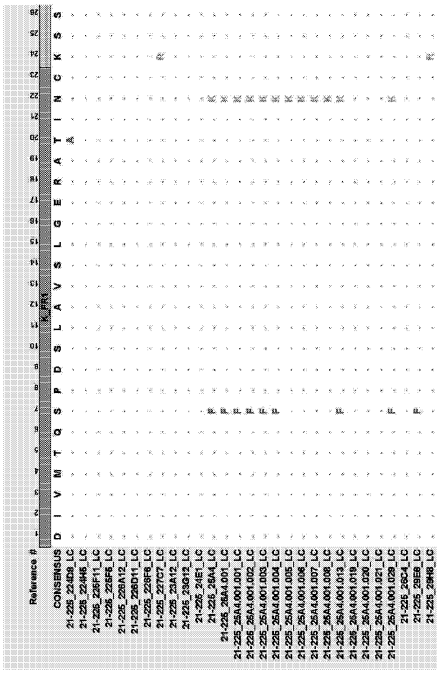
【図５７－６２４】

FIGURE 57

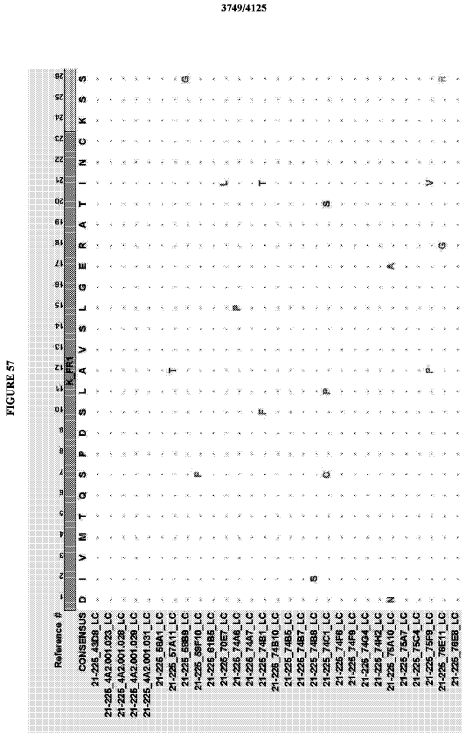


【図５７－６２５】

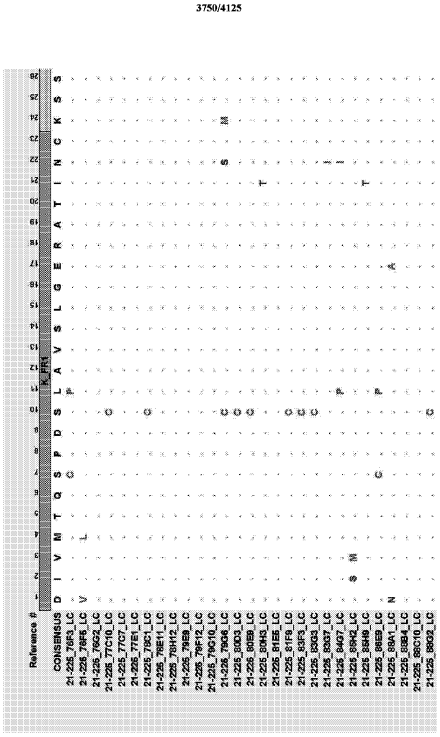
FIGURE 57



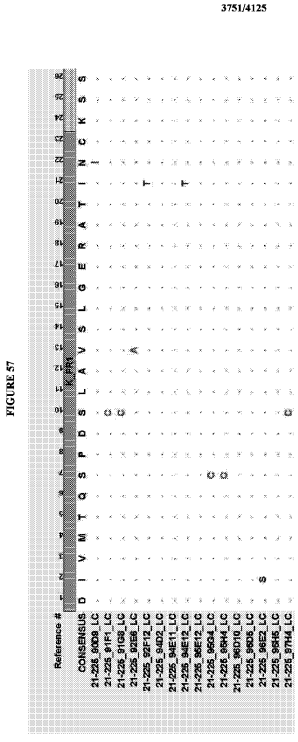
【図５７－６２６】



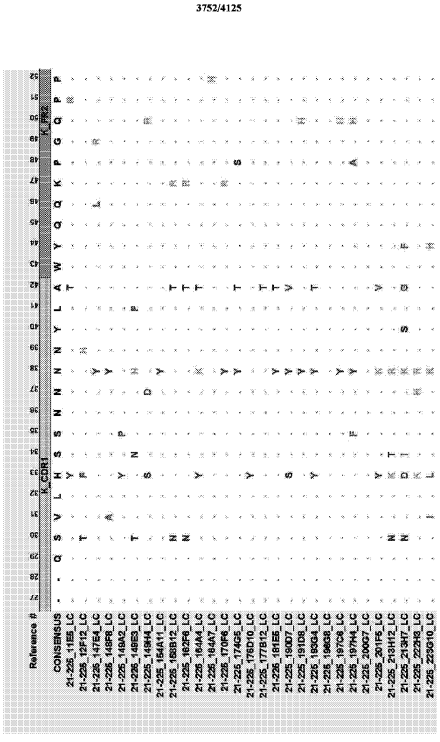
【図５７－６２７】



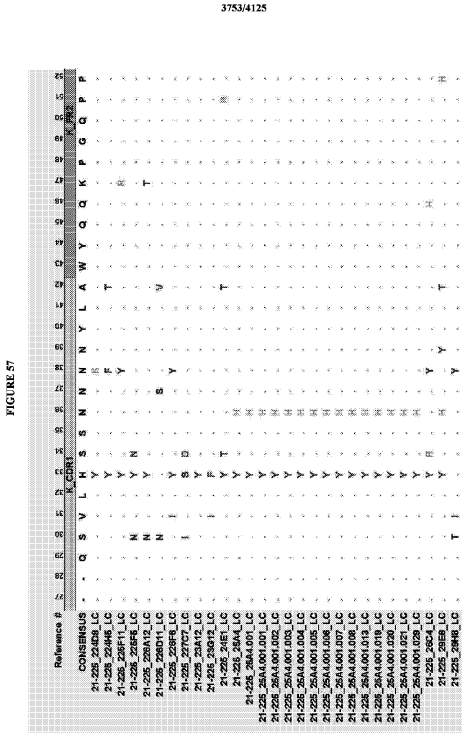
【図５７－６２８】



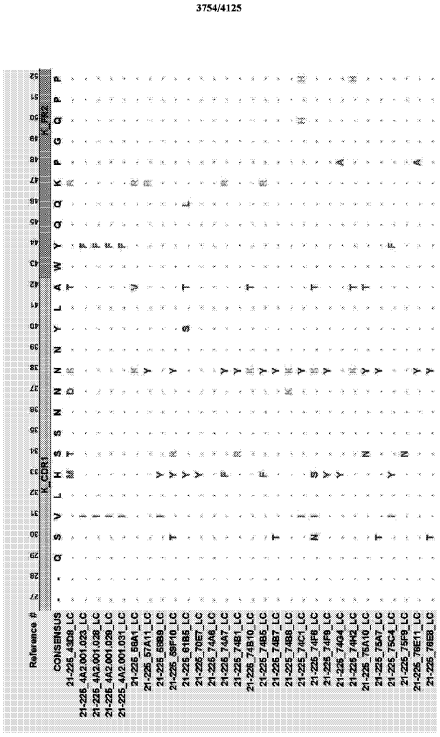
【図５７－６２９】



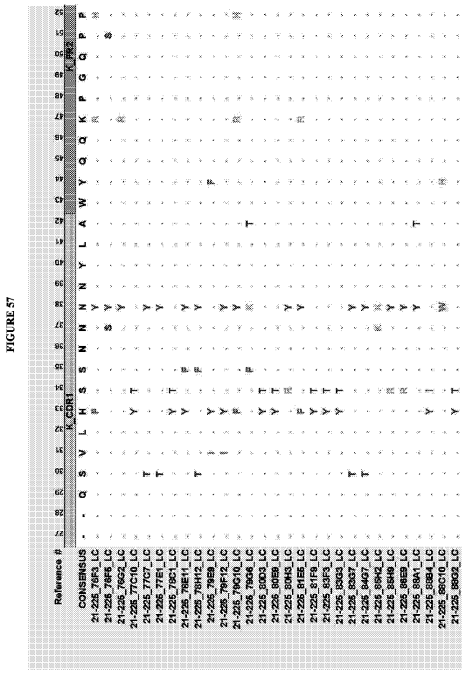
【図５７－６３０】



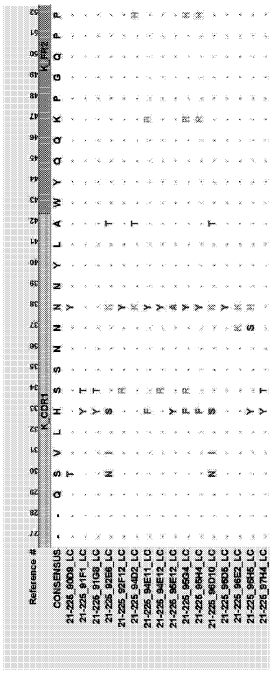
【図５７－６３１】



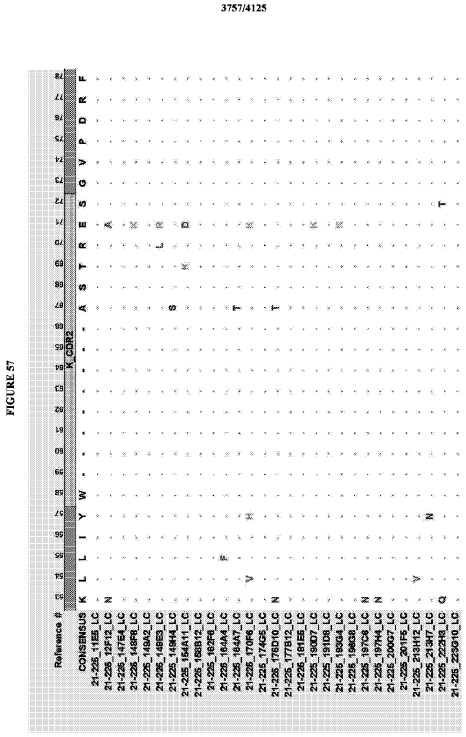
【図５７－６３２】



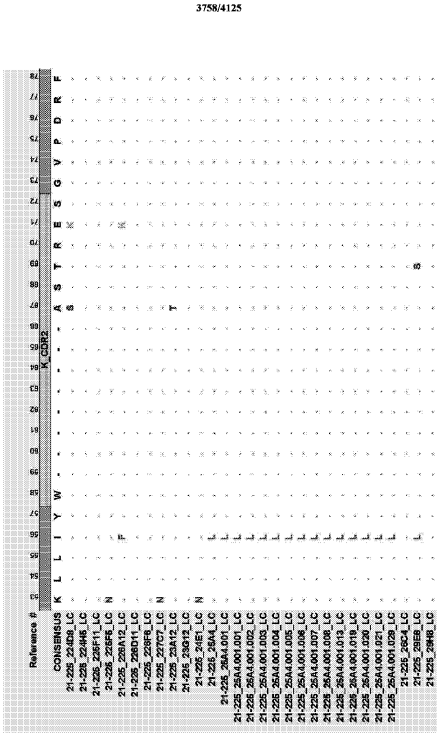
【図５７－６３３】



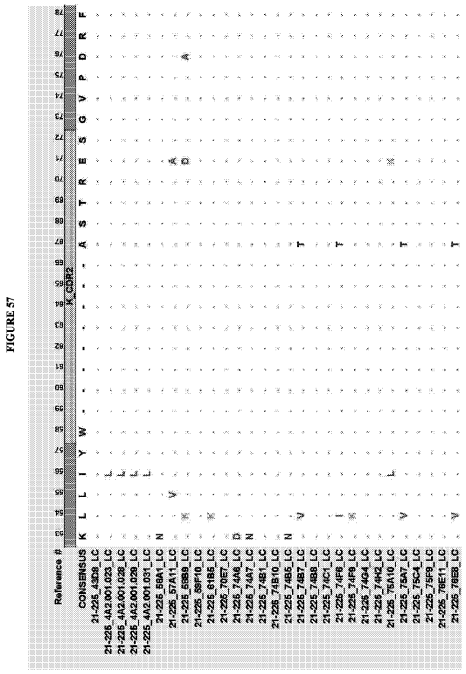
【図５７－６３４】



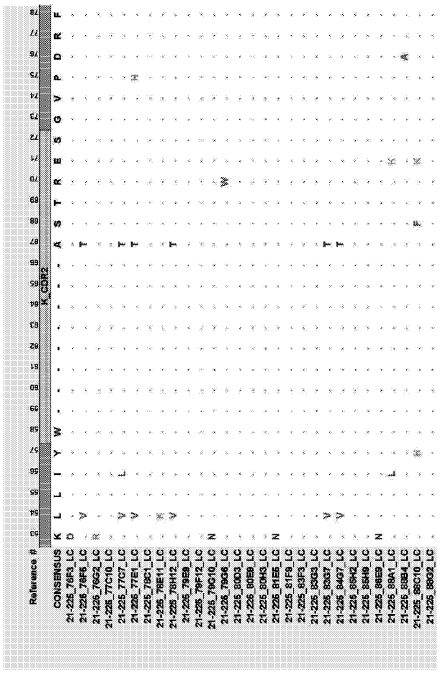
【図５７－６３５】



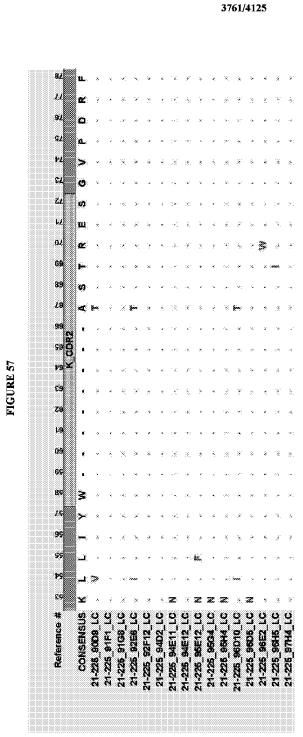
【図５７－６３６】



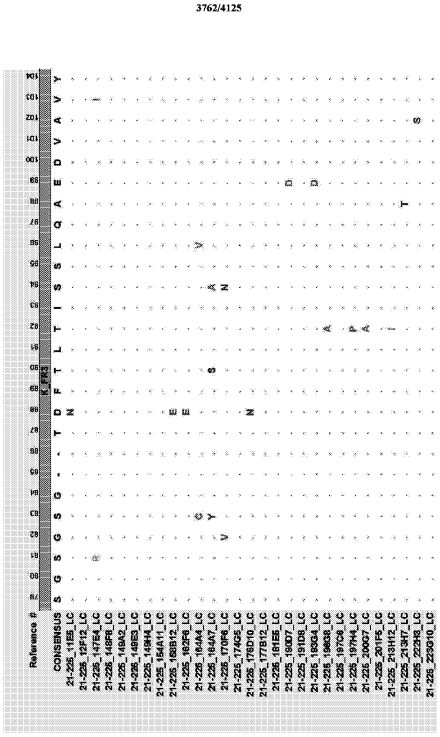
【図５７－６３７】



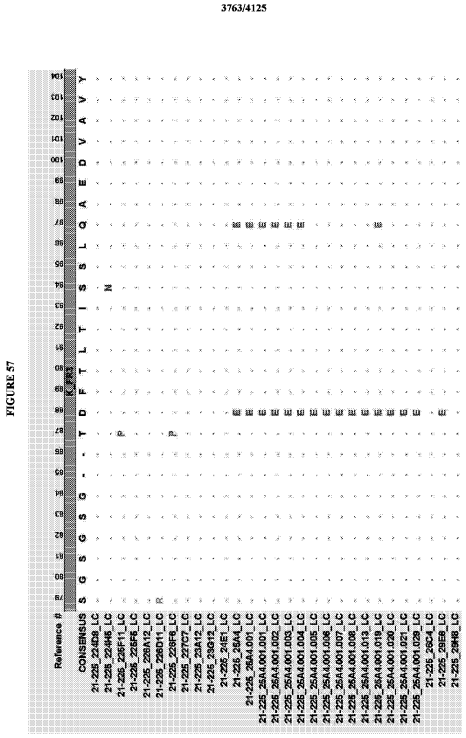
【図５７－６３８】



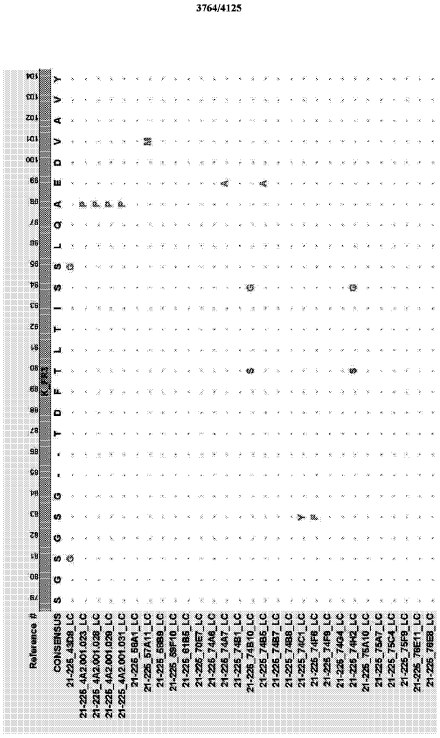
【図５７－６３９】



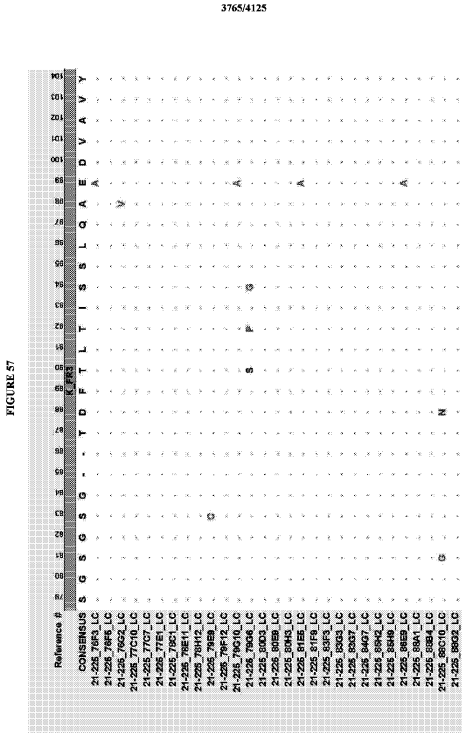
【図５７－６４０】



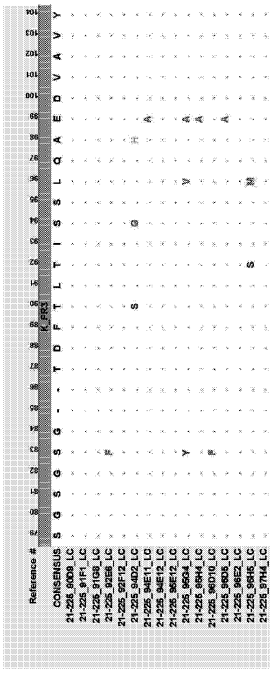
【図５７－６４１】



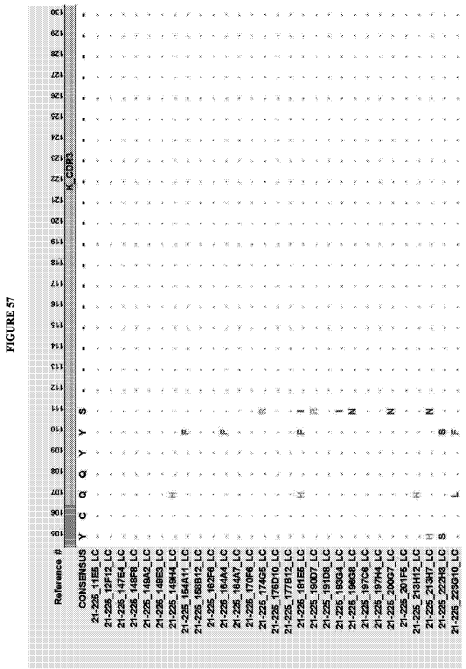
【図５７－６４２】



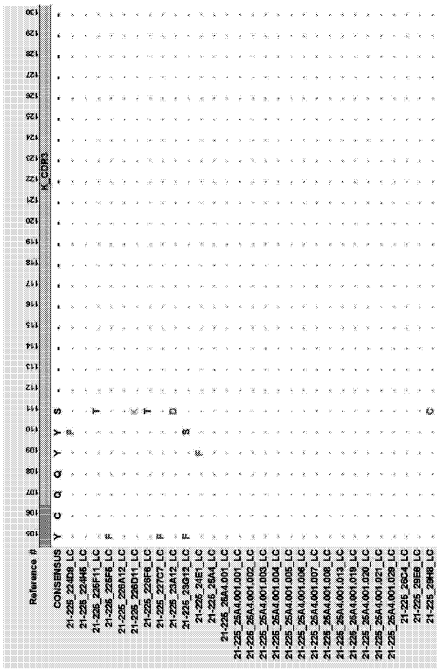
【図５７－６４３】



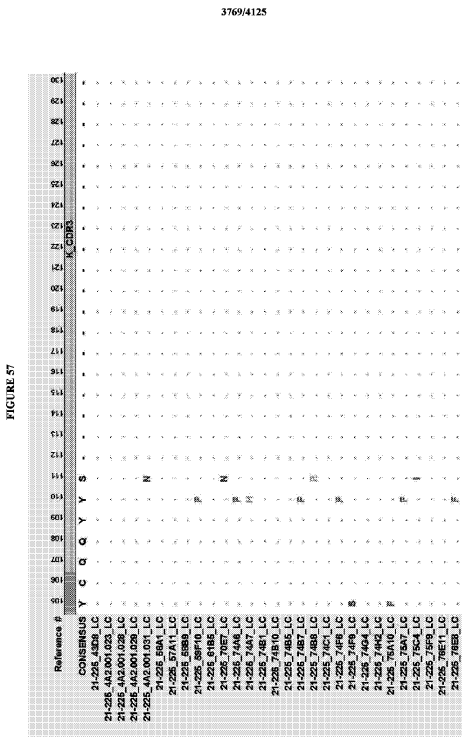
【図５７－６４４】



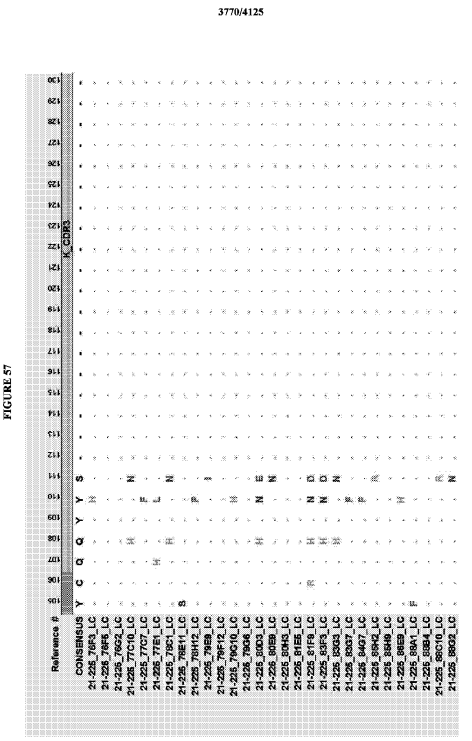
【図５７－６４５】



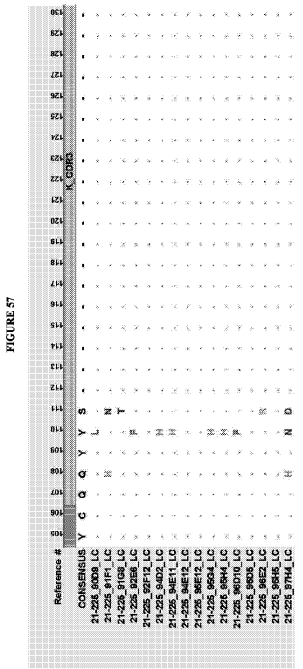
【図５７－６４６】



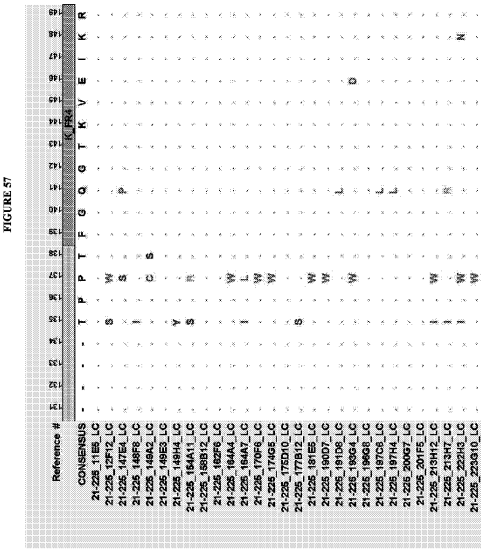
【図５７－６４７】



【図５７－６４８】

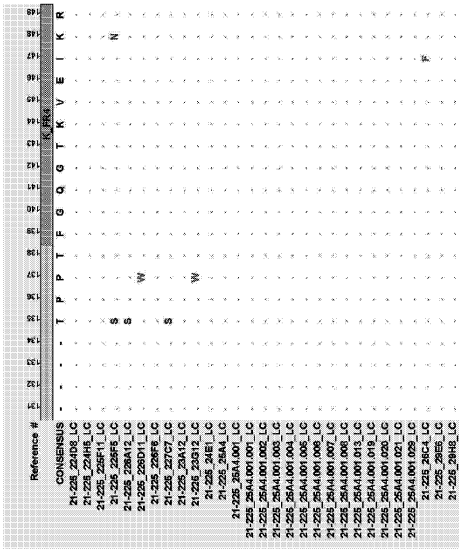


【図５７－６４９】



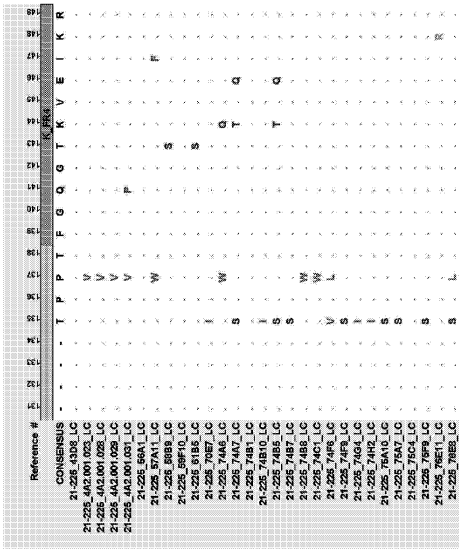
【図５７－６５０】

FIGURE 57



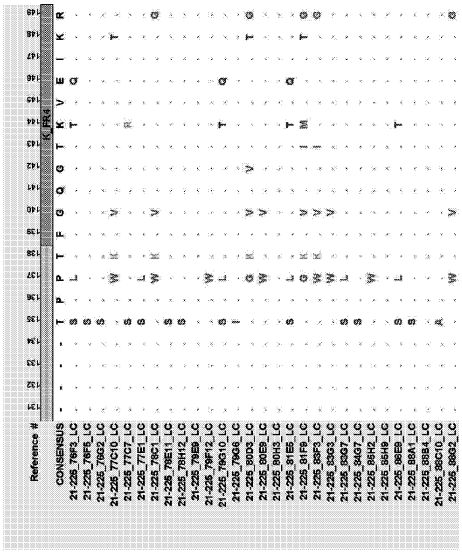
【図５７－６５１】

FIGURE 57



【図５７－６５２】

FIGURE 57



【図５７－６５３】

FIGURE 57

【図５７－６５４】

FIGURE 57

Table 100. Consensus 20 - VK1|A30/JK3 (SEQ ID NO: 50317):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QGIR------NDLGWYQQKPGKAPKRLIY**X**------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNS------------------YPFTFGPGTKVDIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with T

G at position 30 can be substituted with D or V

I at position 31 can be substituted with M

R at position 32 can be substituted with S

N at position 39 can be substituted with K, S, D or T

D at position 40 can be substituted with N, H, Y, V, A, I or L

L at position 41 can be substituted with F

G at position 42 can be substituted with D

A at position 58 can be substituted with P, T, G, I, R or V

A at position 67 can be substituted with V

S at position 68 can be substituted with F or T

S at position 69 can be substituted with N, T, R or D

L at position 70 can be substituted with V

Q at position 71 can be substituted with L

S at position 72 can be substituted with N, T, G or R

L at position 107 can be substituted with I

Q at position 108 can be substituted with H or L

【図５７－６５５】

FIGURE 57

H at position 109 can be substituted with Y, D or L

N at position 110 can be substituted with Y, T, H, G or I

S at position 111 can be substituted with R, D, T, G or N

Y at position 135 can be substituted with F or H

P at position 136 can be substituted with L

F at position 137 can be substituted with L

T at position 138 can be substituted with K

Arg Xaa Ser Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50135)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50136)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50137)

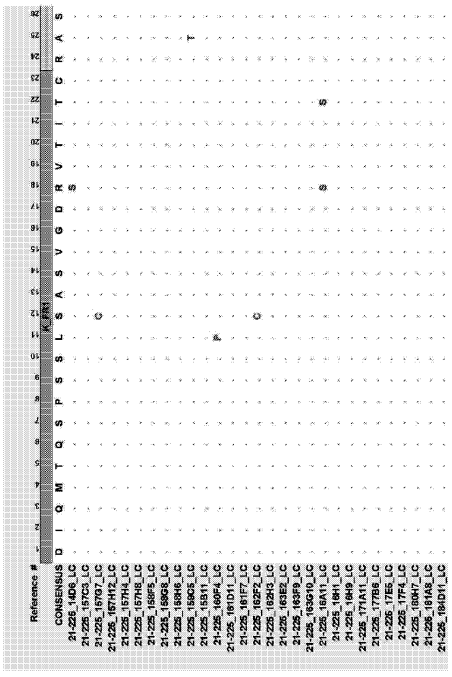
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Asp Leu Gly (SEQ ID NO: 50621)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50622)

Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe Thr (SEQ ID NO: 50623)

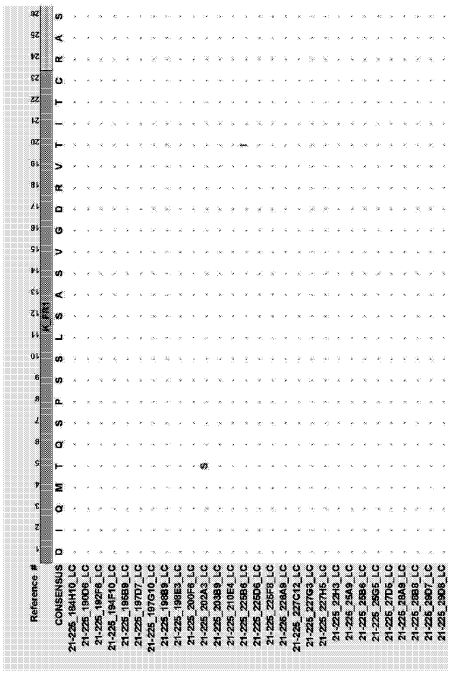
【図５７－６５６】

FIGURE 57

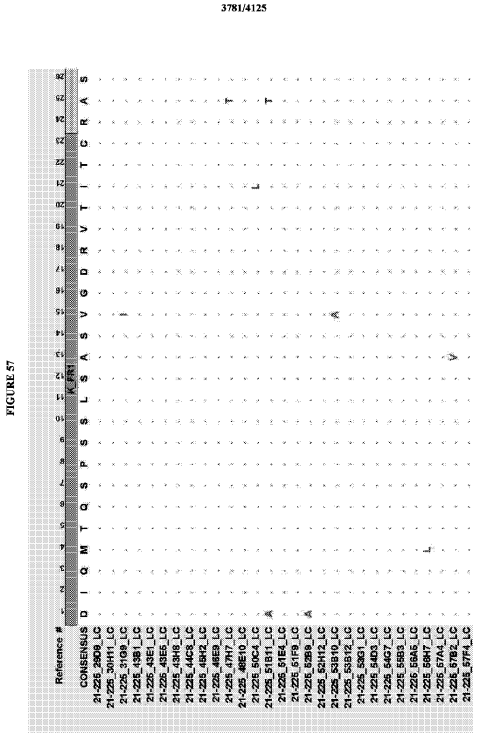


【図５７－６５７】

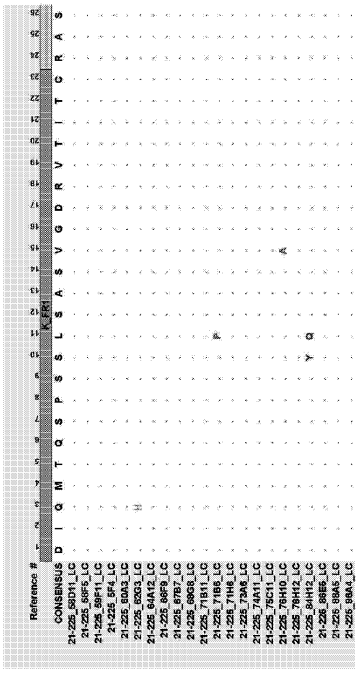
FIGURE 57



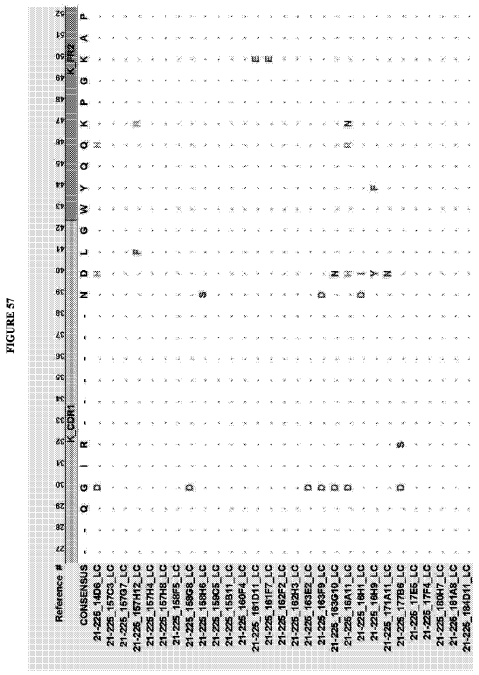
【図５７－６５８】



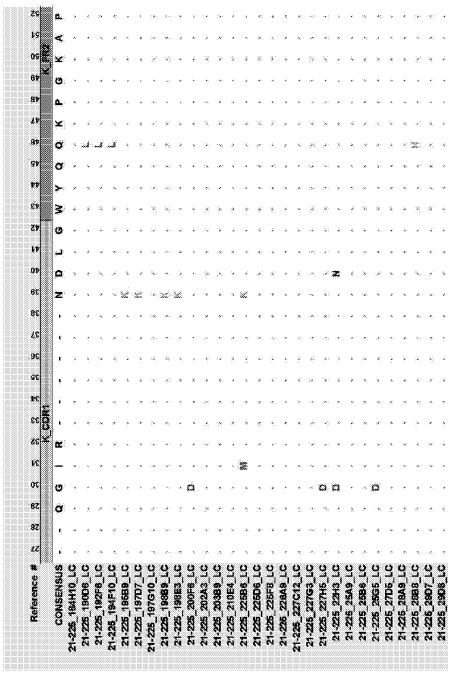
【図５７－６５９】



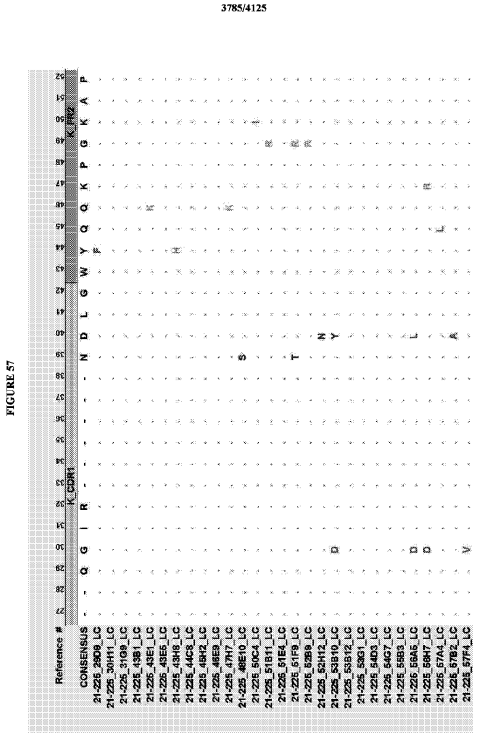
【図５７－６６０】



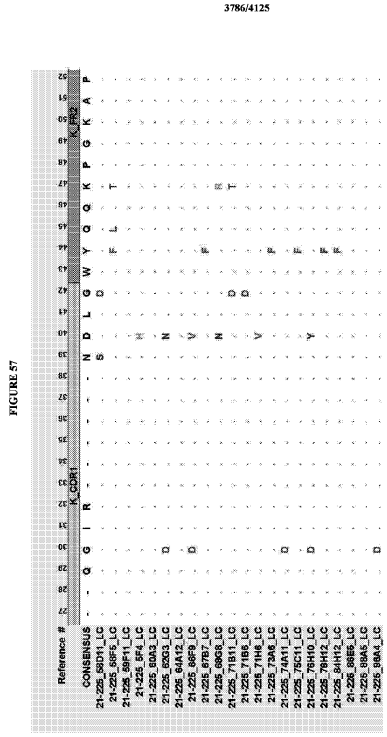
【図５７－６６１】



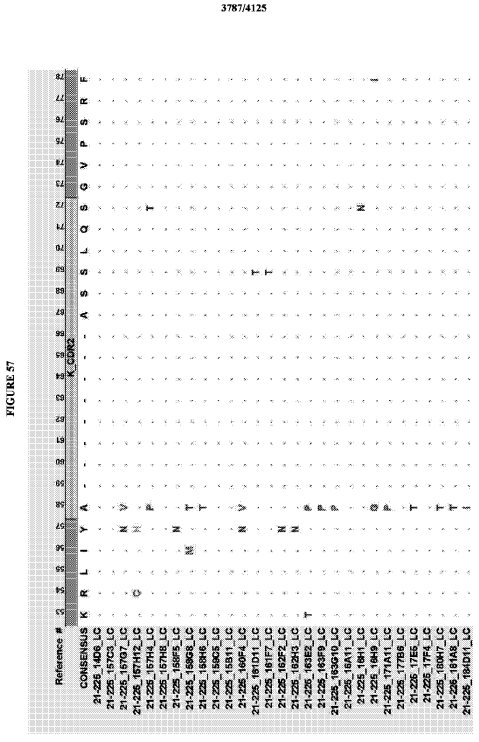
【図５７－６６２】



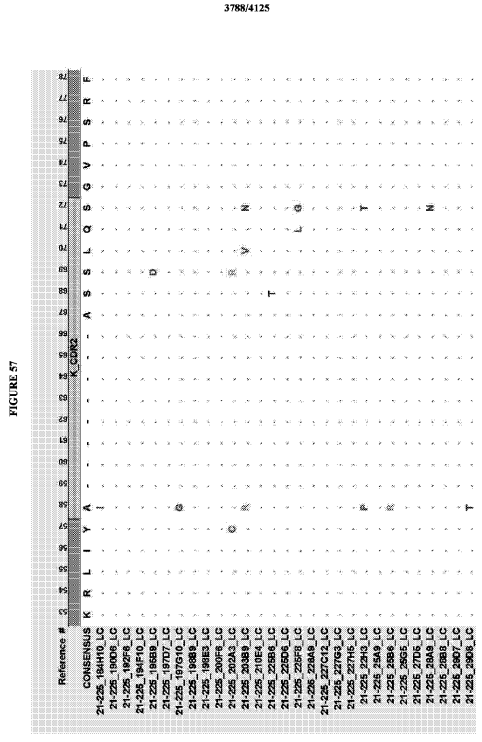
【図５７－６６３】



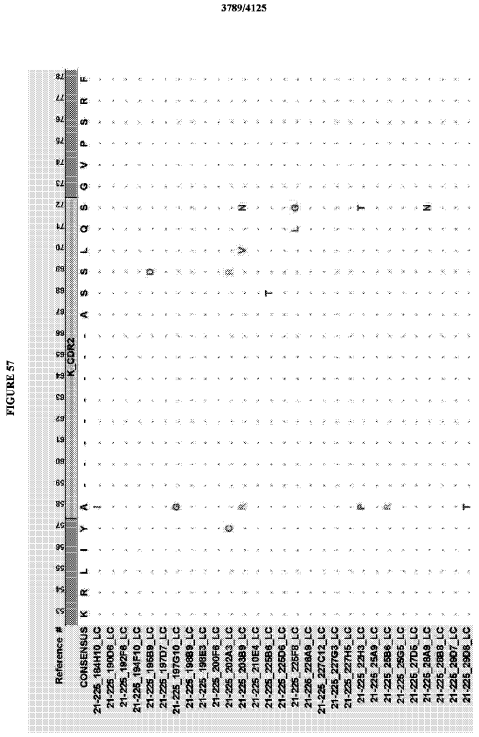
【図５７－６６４】



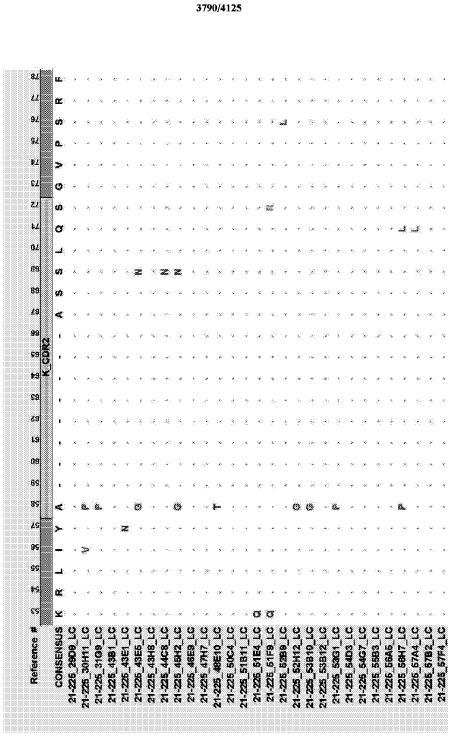
【図５７－６６５】



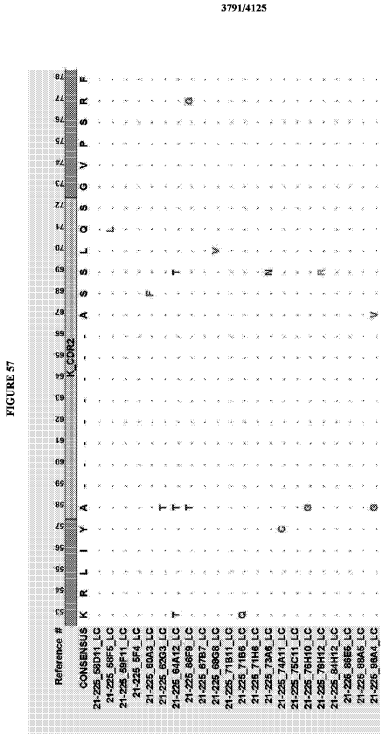
【図５７－６６６】



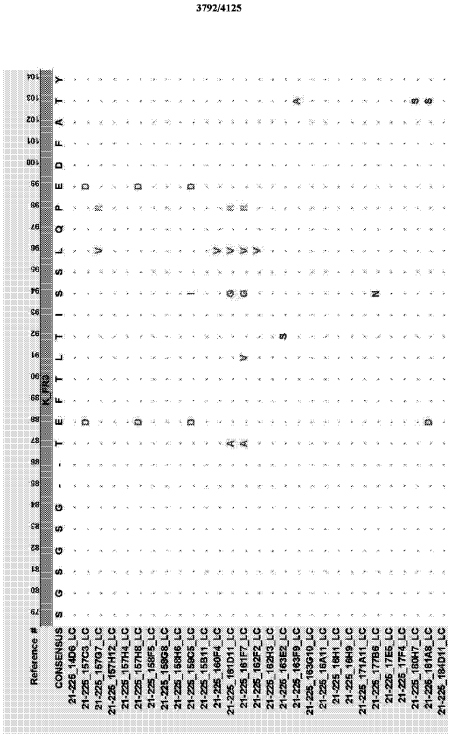
【図５７－６６７】



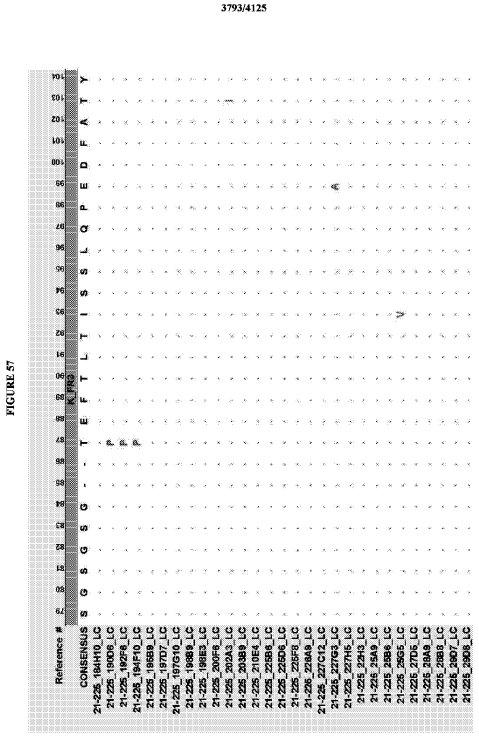
【図５７－６６８】



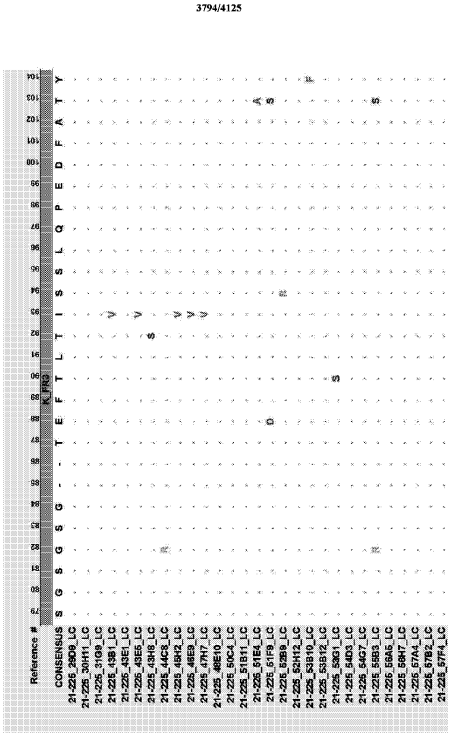
【図５７－６６９】



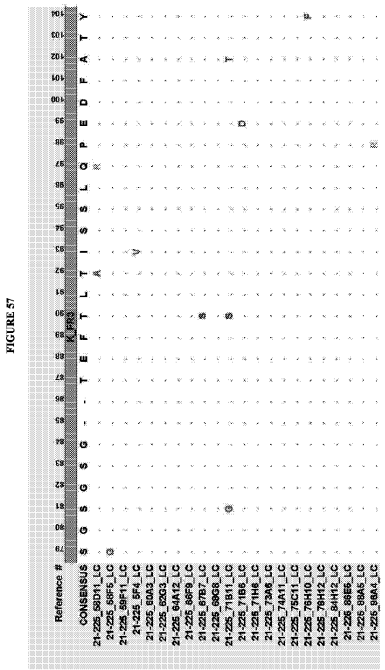
【図５７－６７０】



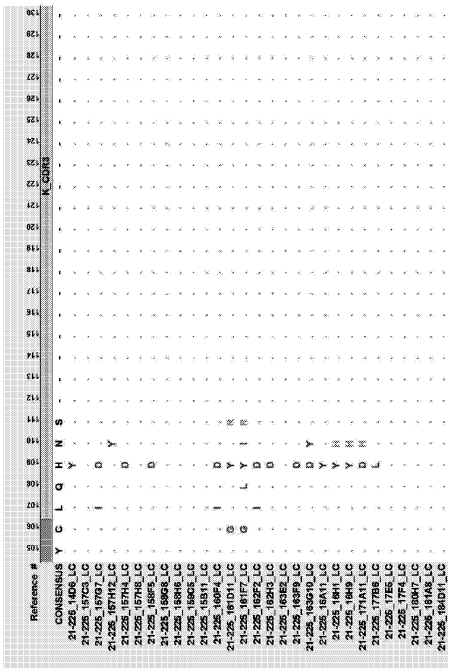
【図５７－６７１】



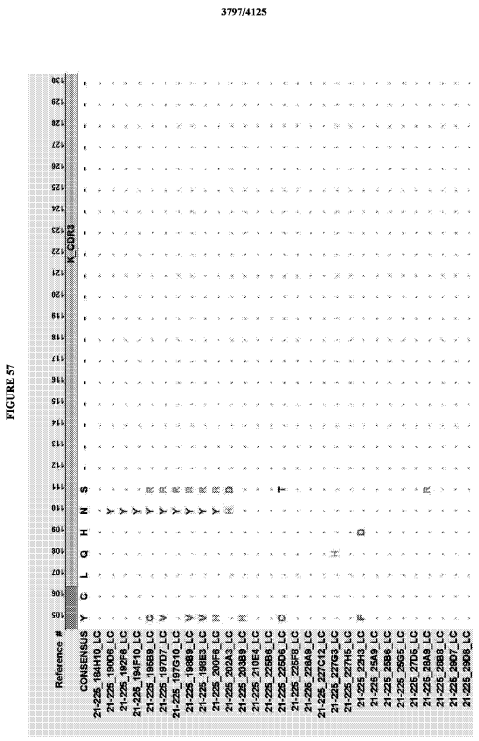
【図５７－６７２】



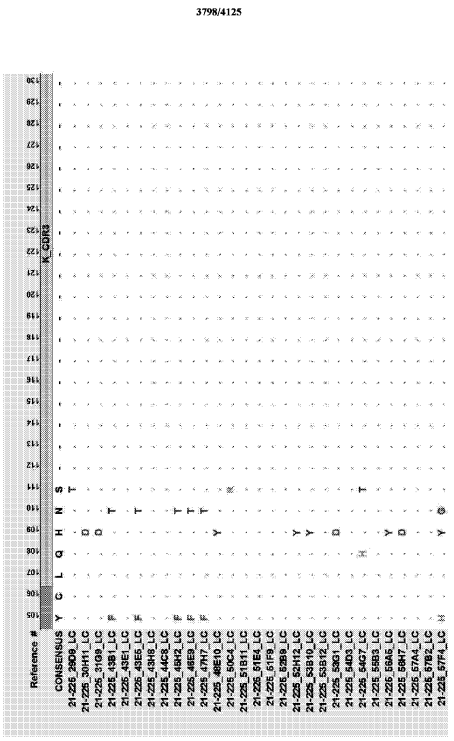
【図５７－６７３】



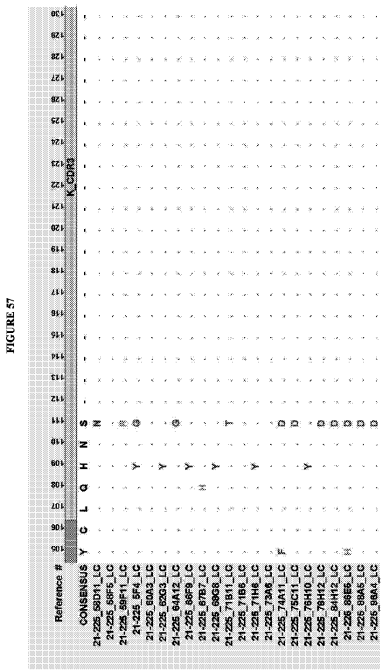
【図５７－６７４】



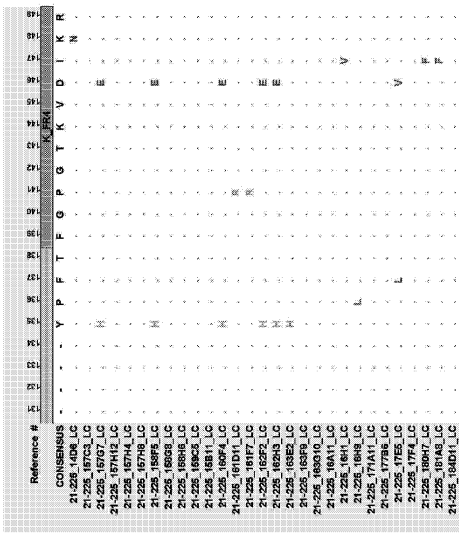
【図５７－６７５】



【図５７－６７６】

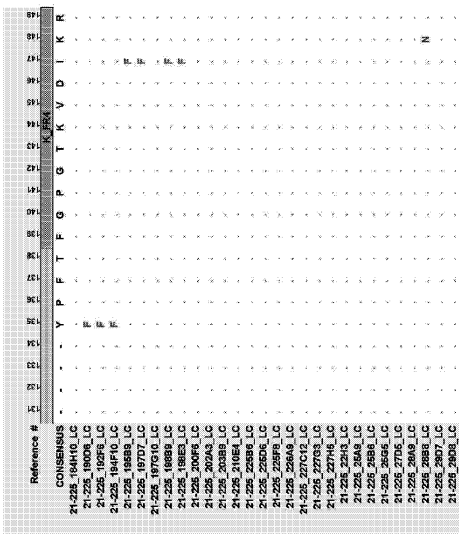


【図５７－６７７】



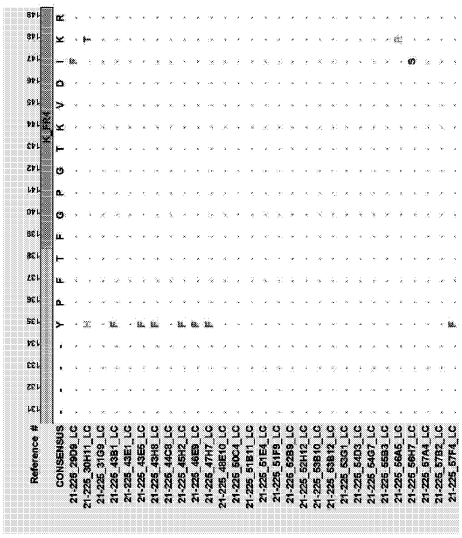
【図５７－６７８】

FIGURE 57



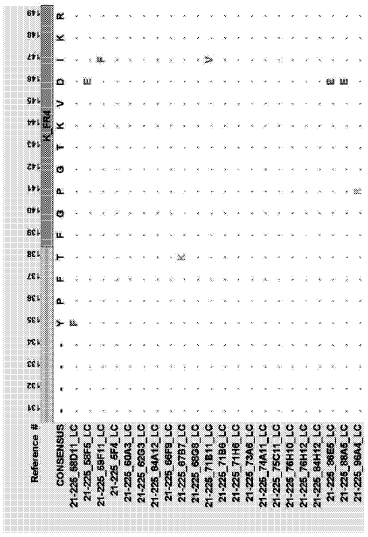
【図５７－６７９】

FIGURE 57



【図５７－６８０】

FIGURE 57



【図５７－６８１】

FIGURE 57

Table 101. Consensus 21 - VK1|L1/JK4 (SEQ ID NO: 50318).

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QGIS------NYLAWFQQKPGKAPKSLIYA------ASSLQSGVPSKFSGSGSG--
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYST----------YPLTFGGGTKVEIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with T

S at position 26 can be substituted with N

G at position 30 can be substituted with D, A, V or S

S at position 32 can be substituted with G, N, R, A or F

N at position 39 can be substituted with K, R, H, S, T or I

Y at position 40 can be substituted with H, C or D

A at position 42 can be substituted with D, V, I or N

A at position 58 can be substituted with K, S, T, V, D or G

A at position 67 an be substituted with T or V

S at position 68 can be substituted with P

S at position 69 can be substituted with N or R

Q at position 71 can be substituted with L, E or H

S at position 72 can be substituted with G, N or T

Q at position 107 can be substituted with L or H

Q at position 108 can be substituted with H, R or Y

Y at position 109 can be substituted with S, C or T

S at position 110 can be substituted with L, N, M, D, H, V, I or Y

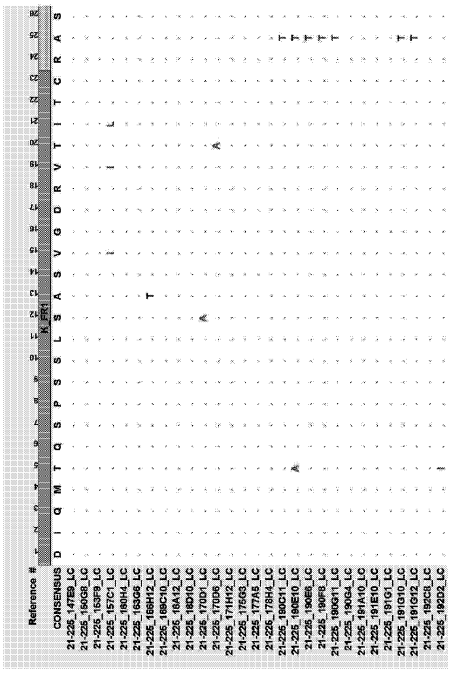
【図５７－６８２】

FIGURE 57

T at position 111 can be substituted with N, S or K
Y at position 135 can be substituted with F, I or S
L at position 137 can be substituted with V, F or N
T at position 138 can be substituted with I, Q or S
Arg Xaa Xaa Gln Xaa Ile Xaa Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50138)
Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50139)
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50140)
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Ala (SEQ ID NO: 50624)
Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50625)
Gln Gln Tyr Ser Thr Tyr Pro Leu Thr (SEQ ID NO: 50626)

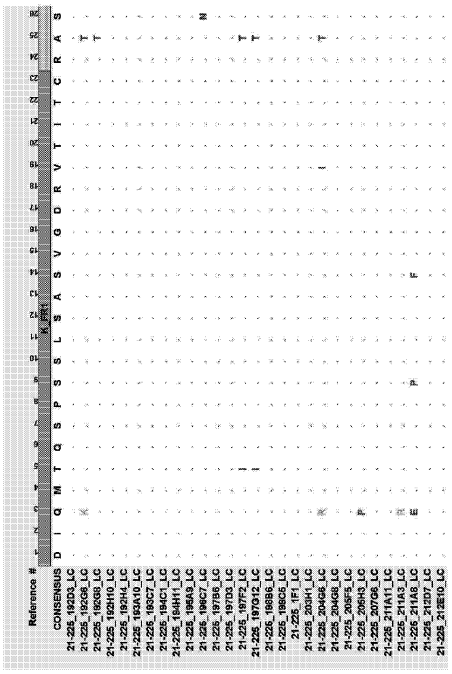
【図５７－６８３】

FIGURE 57



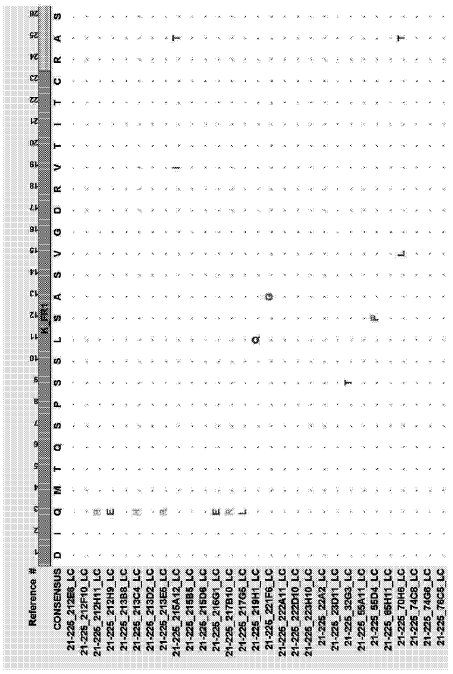
【図５７－６８４】

FIGURE 57

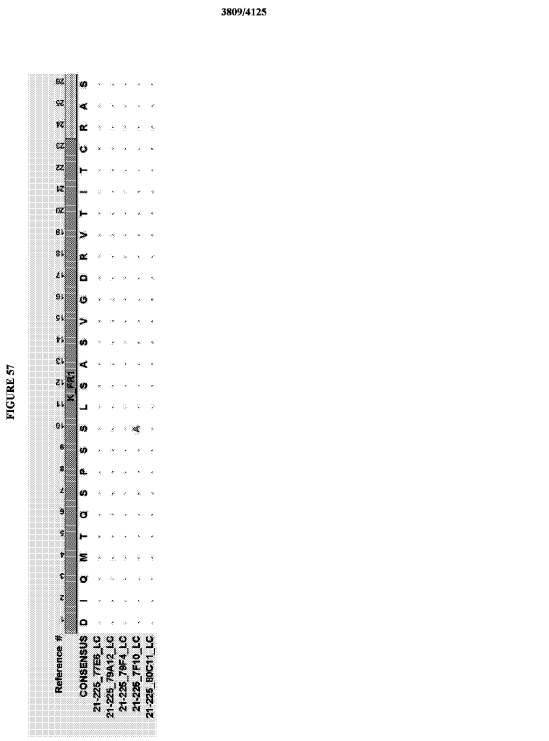


【図５７－６８５】

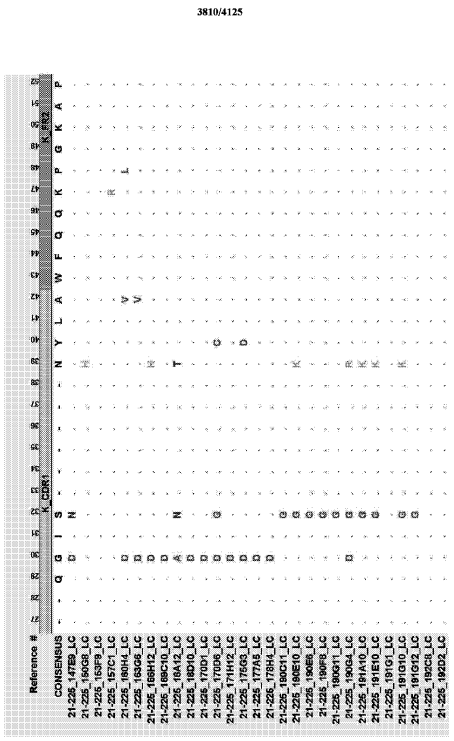
FIGURE 57



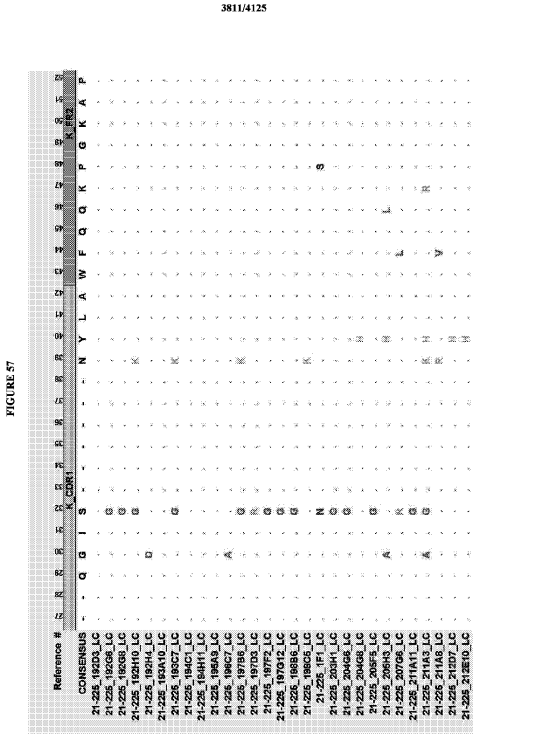
【図５７－６８６】



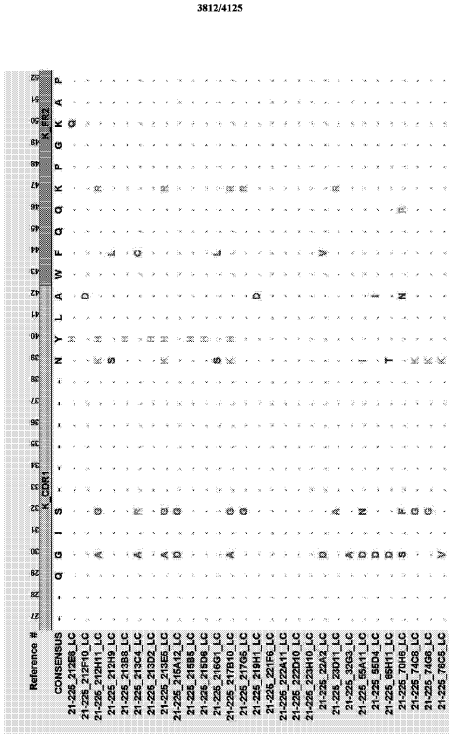
【図５７－６８７】



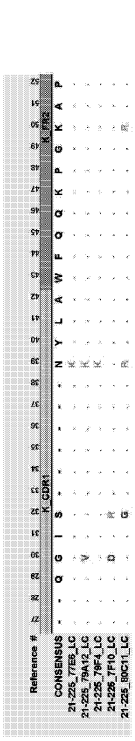
【図５７－６８８】



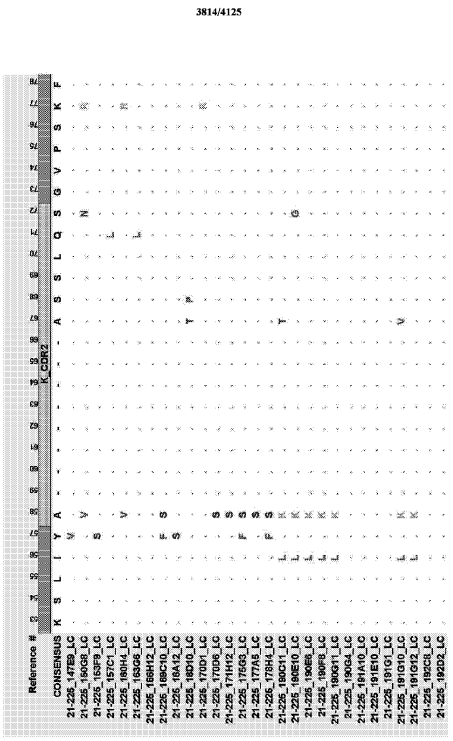
【図５７－６８９】



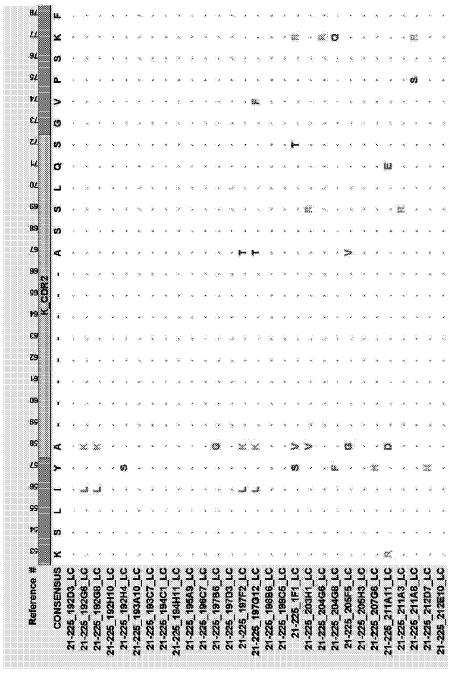
【図５７－６９０】



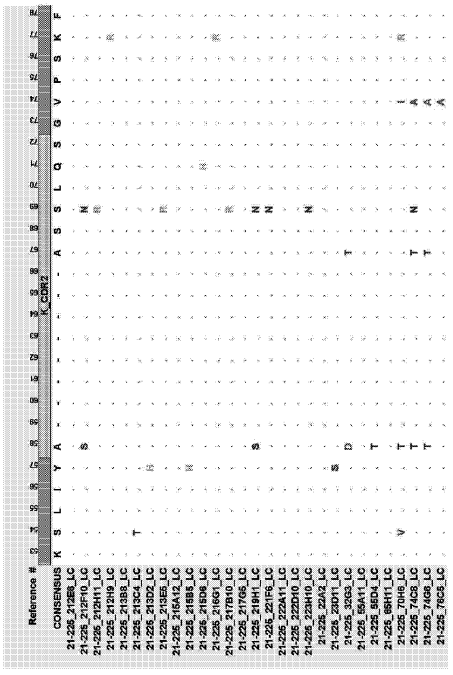
【図５７－６９１】



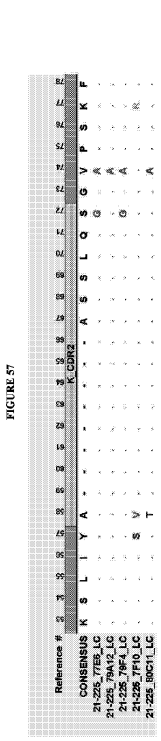
【図５７－６９２】



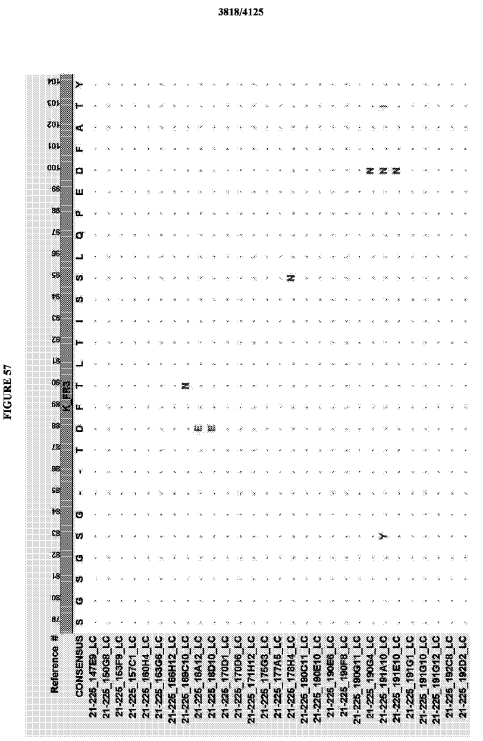
【図５７－６９３】



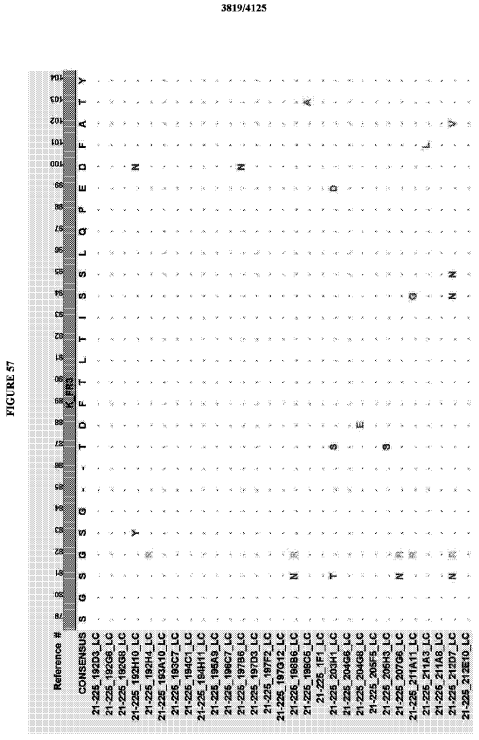
【図５７－６９４】



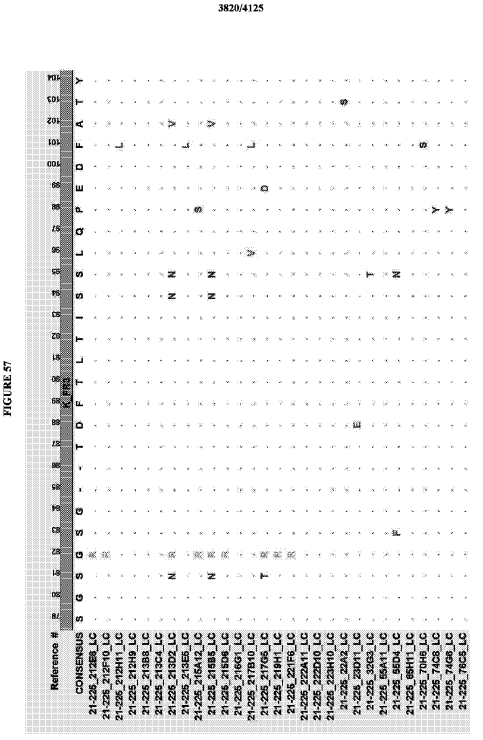
【図５７－６９５】



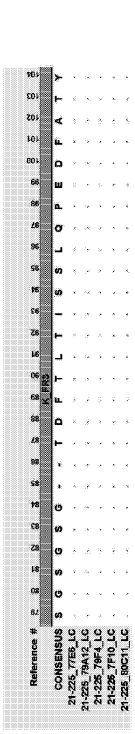
【図５７－６９６】



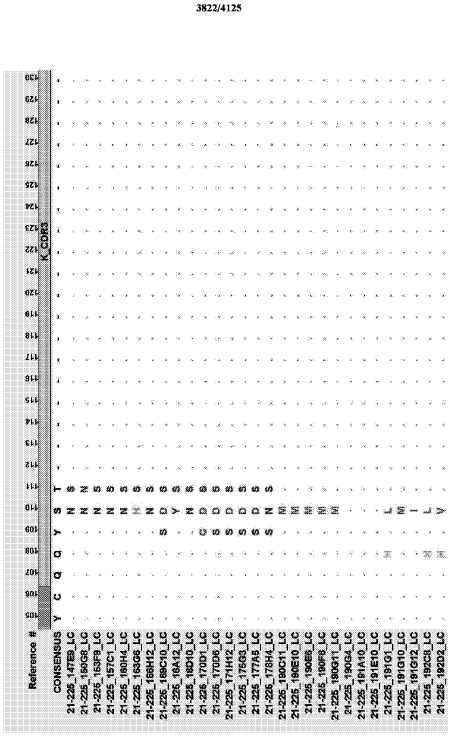
【図５７－６９７】



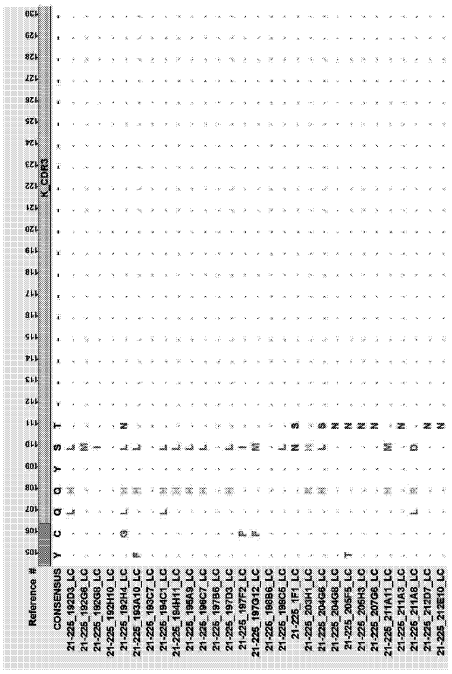
【図５７－６９８】



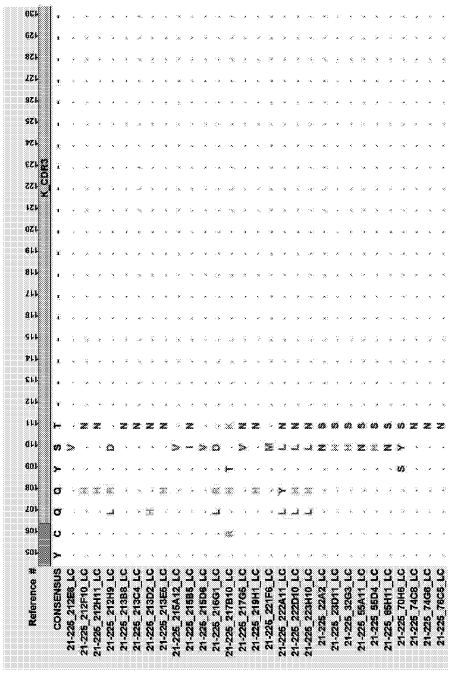
【図５７－６９９】



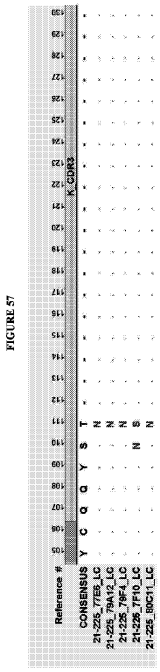
【図５７－７００】



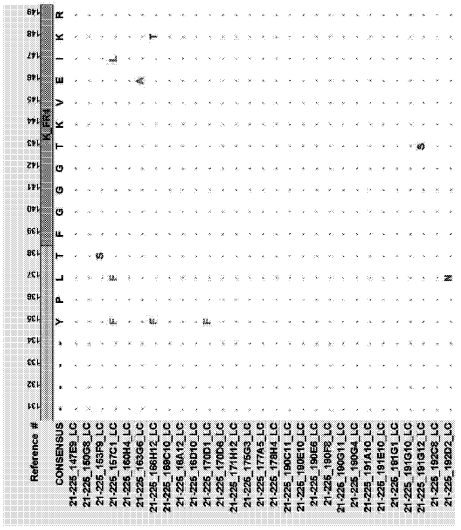
【図５７－７０１】



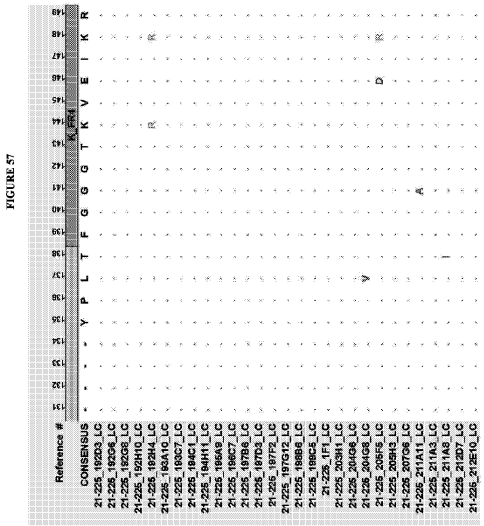
【図５７－７０２】



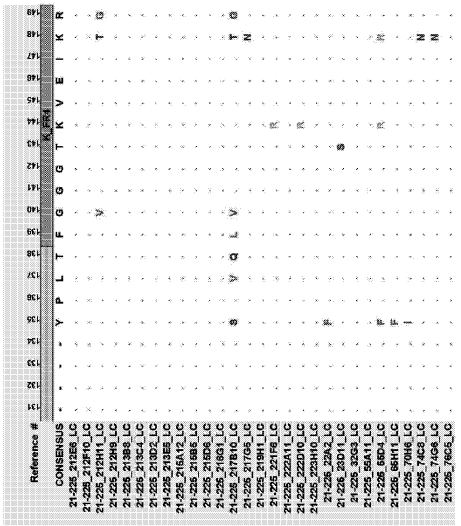
【図５７－７０３】



【図５７－７０４】

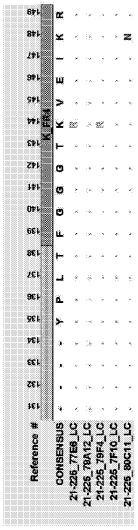


【図５７－７０５】



【図５７－７０６】

FIGURE 57



【図５７－７０７】

FIGURE 57

Table 102. Consensus 22 - VK1|O12/JK4 (SEQ ID NO: 50319):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QNI------SYLNWYQQKPGKAPKLLIYT--------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYS----------------TPLTFGGGTKVEIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with T

S at position 26 can be substituted with T

Q at position 29 can be substituted with H or R

N at position 30 can be substituted with S, R, T or I

I at position 31 can be substituted with V or F

I at position 32 can be substituted with S, N, Y, F, R, H, L, K or T

S at position 39 can be substituted with N, D, R, K or T

Y at position 40 can be substituted with F

N at position 42 an be substituted with H

T at position 58 can be substituted with A, V, G, I or S

A at position 67 can be substituted with T

S at position 69 can be substituted with N, R or T

L at position 70 can be substituted with F or S

Q at position 71 can be substituted with H, E or P

S at position 72 can be substituted with G, T, N or R

Q at position 108 can be substituted with L

S at position 109 can be substituted with T, N or P

【図５７－７０８】

FIGURE 57

Y at position 110 can be substituted with H, C, D, F or N

S at position 111 can be substituted with null (-), I, N, F, G or T

T at position 135 can be substituted with S, P, F, N, I or L

P at position 136 can be substituted with T, I, A or S

L at position 137 can be substituted with P, Y, F or V

Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50141)

Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50142)

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Thr (SEQ ID NO: 50143)

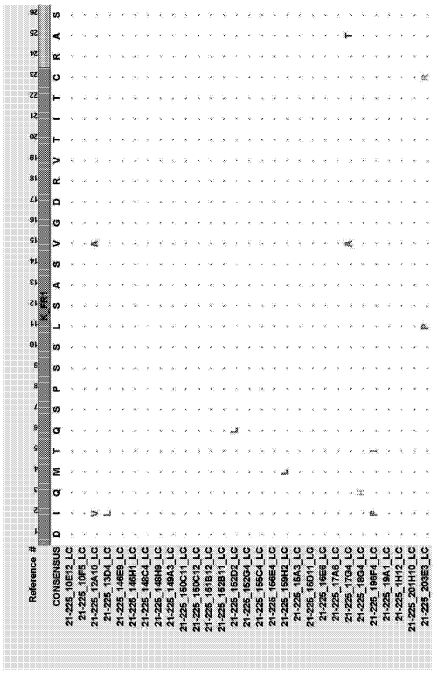
Arg Ala Ser Gln Asn Ile Ile Ser Tyr Leu Asn (SEQ ID NO: 50627)

Thr Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50628)

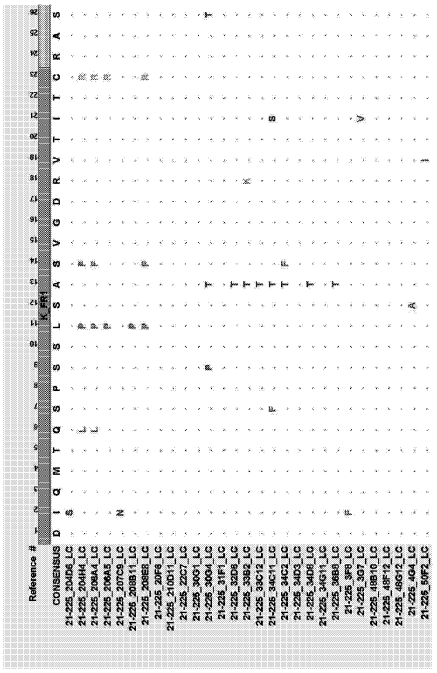
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Leu Thr (SEQ ID NO: 50629)

【図５７－７０９】

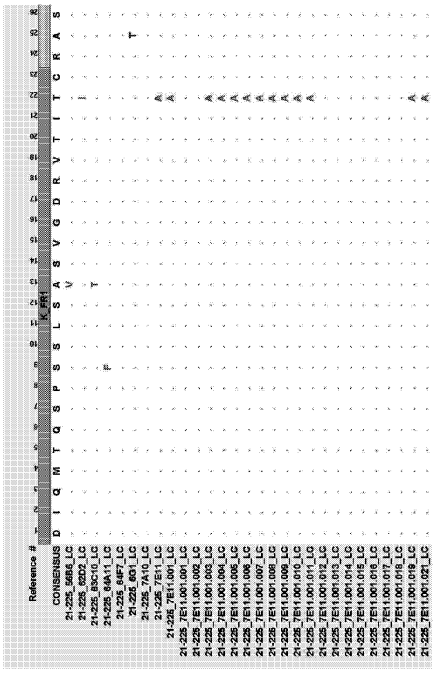
FIGURE 57



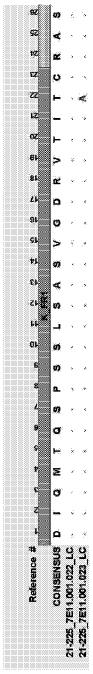
【図５７－７１０】



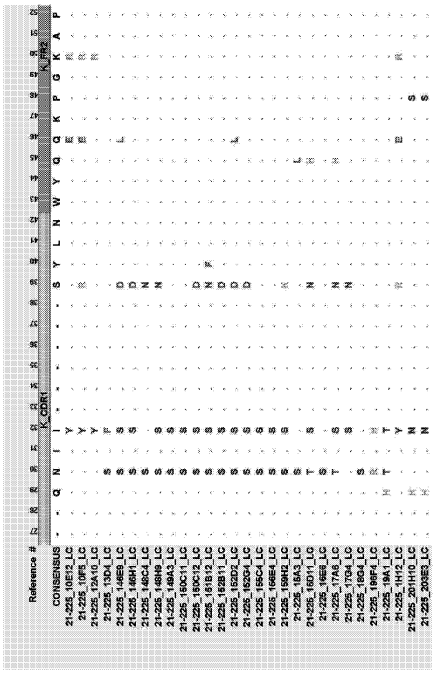
【図５７－７１１】



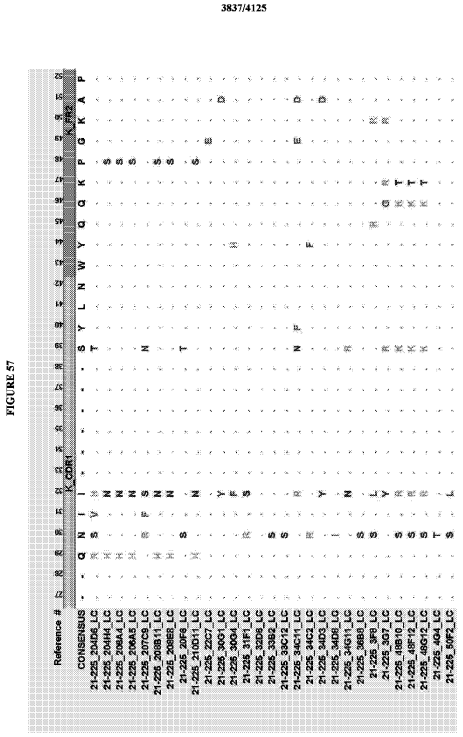
【図５７－７１２】



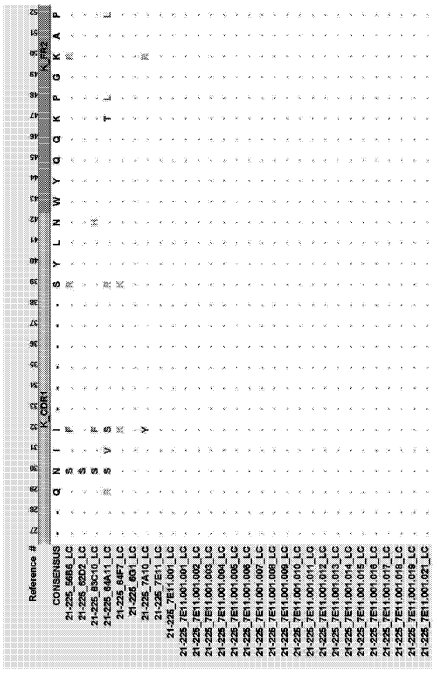
【図５７－７１３】



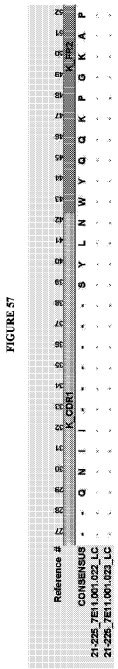
【図５７－７１４】



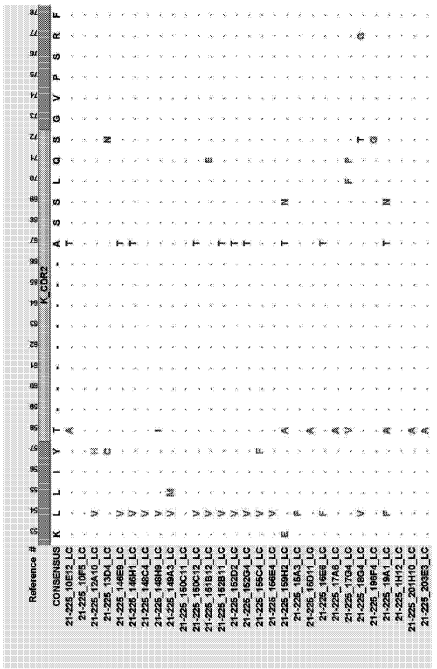
【図５７－７１５】



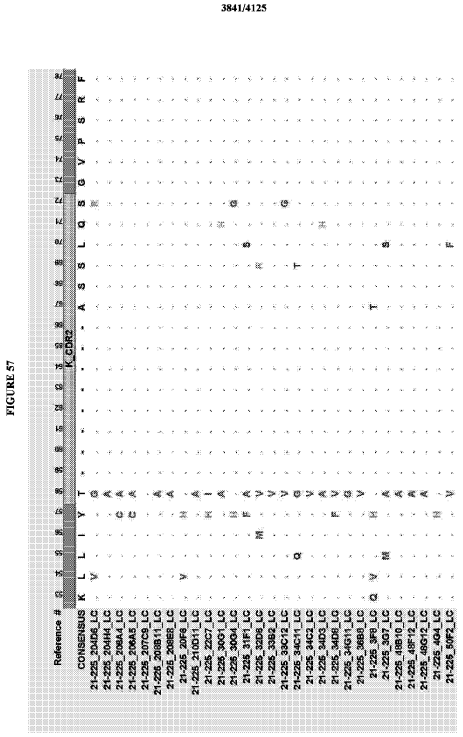
【図５７－７１６】



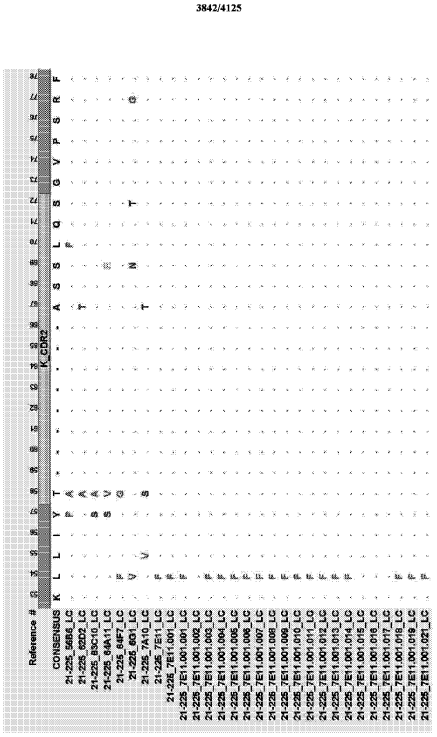
【図５７－７１７】



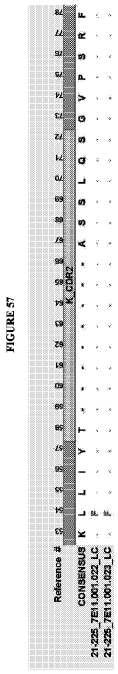
【図５７－７１８】



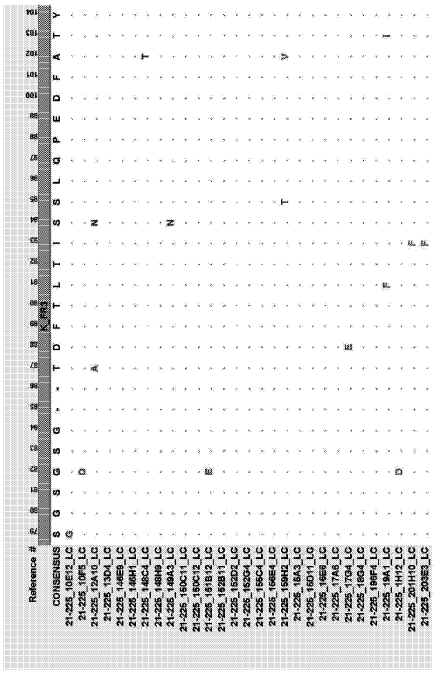
【図５７－７１９】



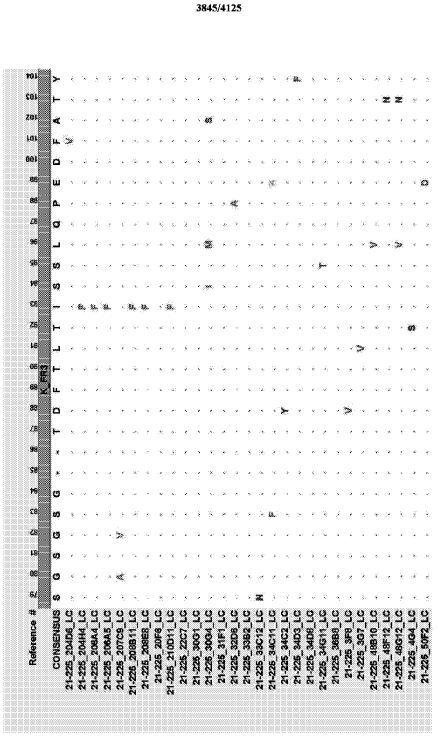
【図５７－７２０】



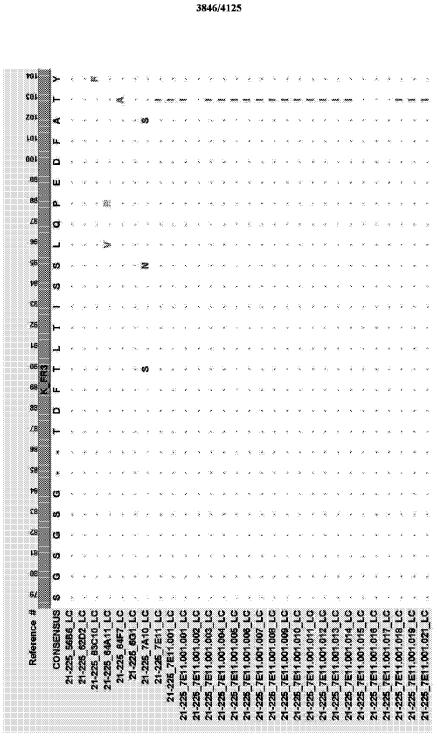
【図５７－７２１】



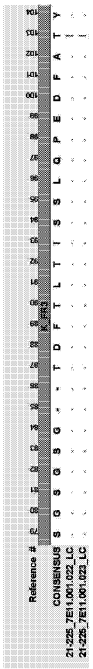
【図５７－７２２】



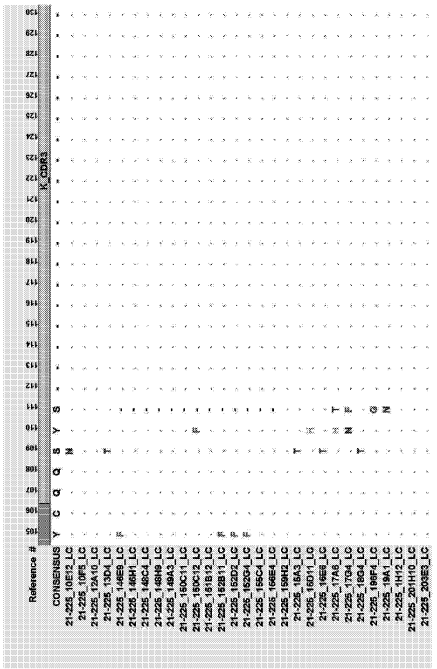
【図５７－７２３】



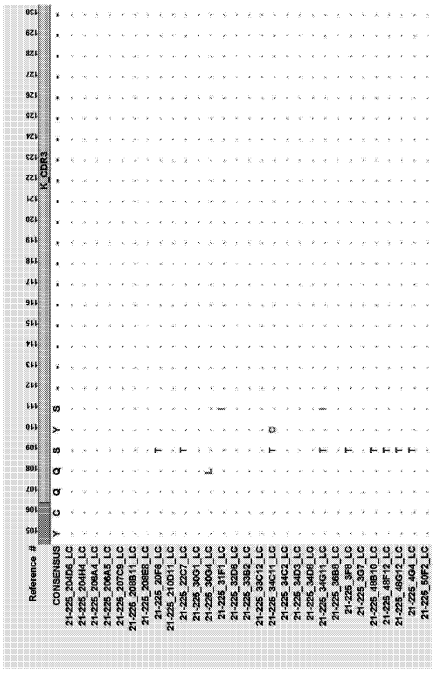
【図５７－７２４】



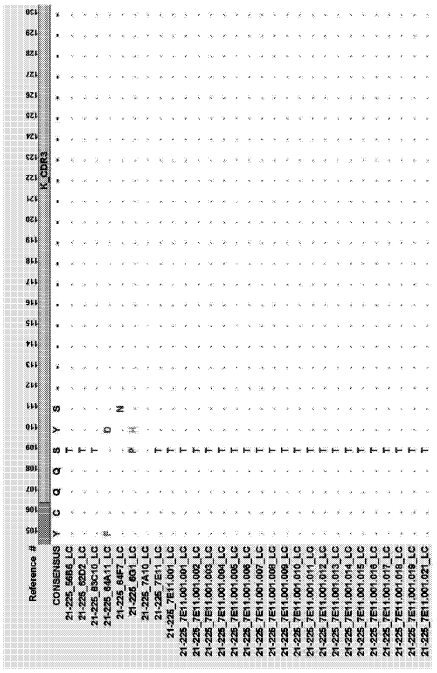
【図５７－７２５】



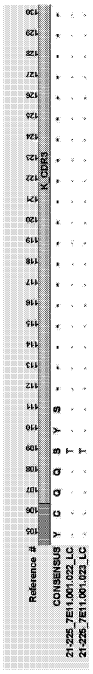
【図５７－７２６】



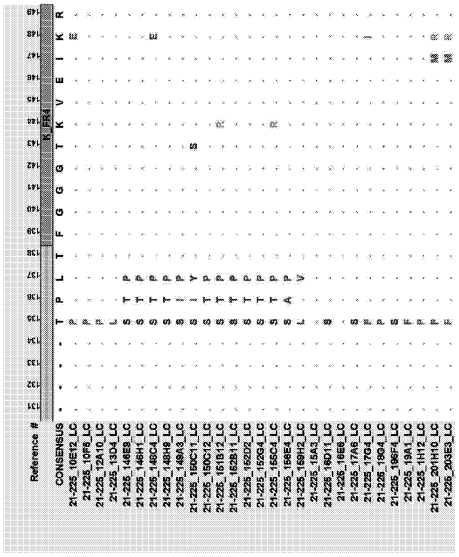
【図５７－７２７】



【図５７－７２８】

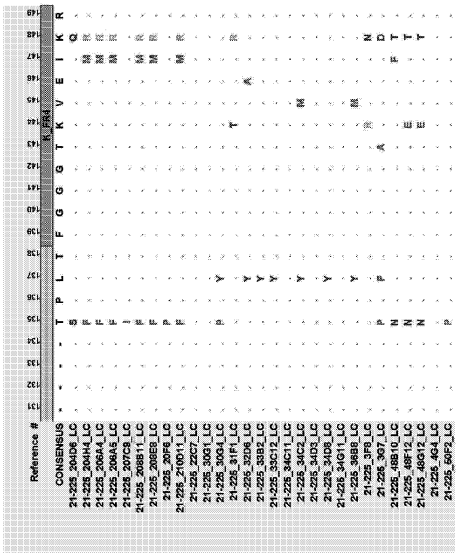


【図５７－７２９】



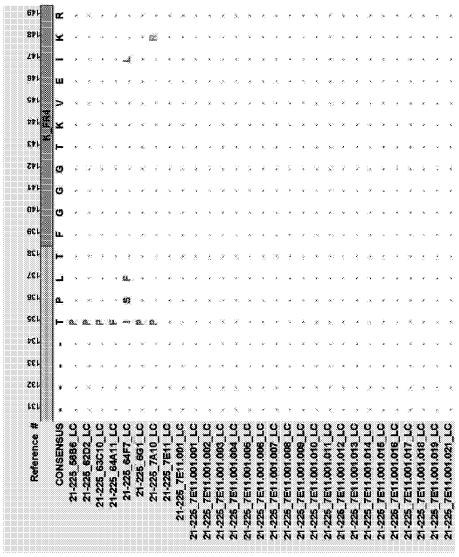
【図５７－７３０】

FIGURE 57



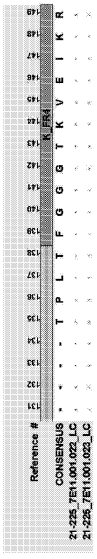
【図５７－７３１】

FIGURE 57



【図５７－７３２】

FIGURE 57



【図５７－７３３】

FIGURE 57

Table 103. Consensus 23 - VK1|L1/JK3 (SEQ ID NO: 50320)

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS–GQIS------NYLAWFQQKPGKAPKSLIYA------ASSLQSGVPSKFSGSGSG–
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYNS----------YPFTFGPGTKVDIKR wherein:

R at position 24 can be substituted with P

A at position 25 can be substituted with T

S at position 26 can be substituted with N

Q at position 29 can be substituted with R

G at position 30 can be substituted with D, V or A

I at position 31 can be substituted with V

S at position 32 can be substituted with N, G, R, T or K

N at position 39 can be substituted with K, Y, H, I or T

Y at position 40 can be substituted with H

A at position 42 can be substituted with V or S

A at position 58 can be substituted with V, G or T

A at position 67 can be substituted with S or V

S at position 68 can be substituted with F

S at position 69 can be substituted with G, N or T

L at position 70 can be substituted with V

Q at position 71 can be substituted with R, H, L or E

S at position 72 can be substituted with G or T

【図５７－７３４】

FIGURE 57

Q at position 107 can be substituted with H, L, P or R

Q at position 108 can be substituted with R, K, H or L

Y at position 109 can be substituted with F

N at position 110 can be substituted with H, D, Y, S, K, L, M or Q

S at position 111 can be substituted with T, G, N, C or D

Y at position 135 can be substituted with F or H

F at position 137 can be substituted with V, I, or I

T at position 138 can be substituted with K

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50144)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50145)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50146)

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Ala (SEQ ID NO: 50630)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50631)

Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Phe Thr (SEQ ID NO: 50632)

【図５７－７３５】

FIGURE 57

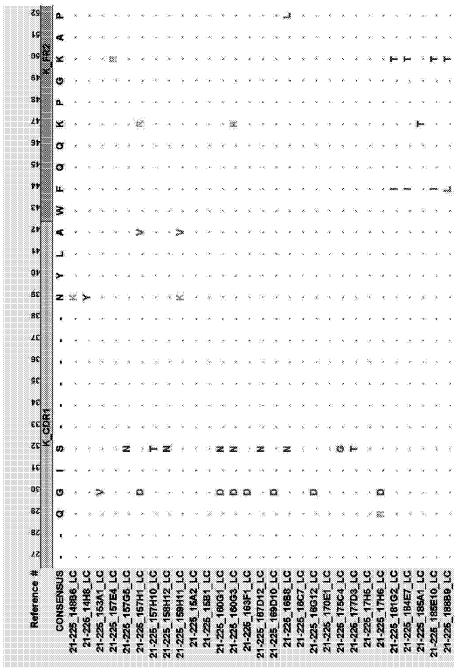
【図５７－７３６】

FIGURE 57

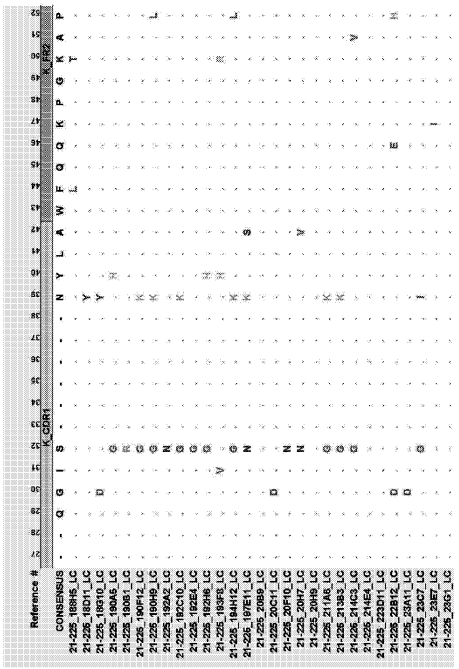
【図５７－７３７】

FIGURE 57

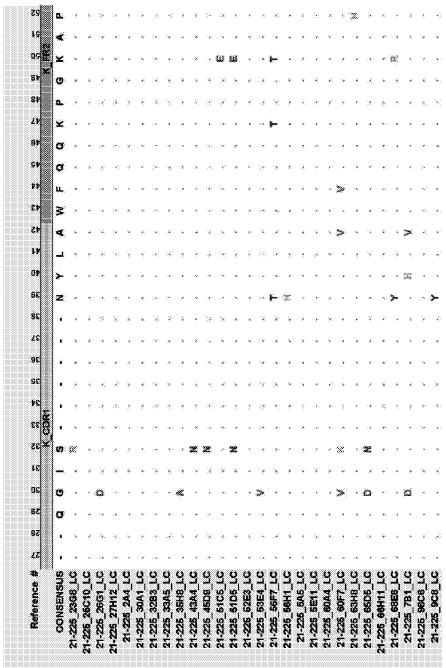
【図５７－７３８】



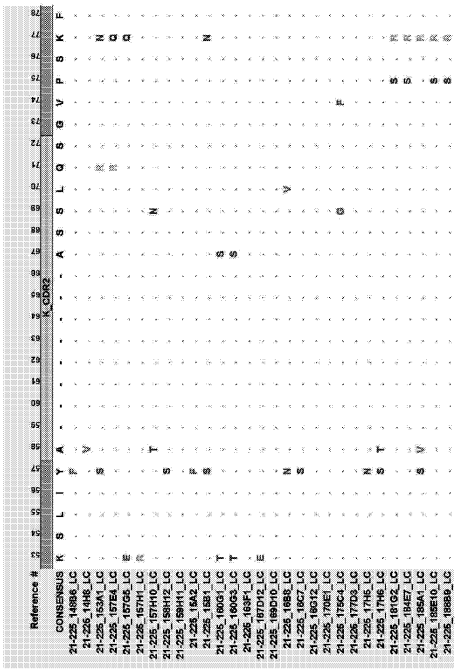
【図５７－７３９】



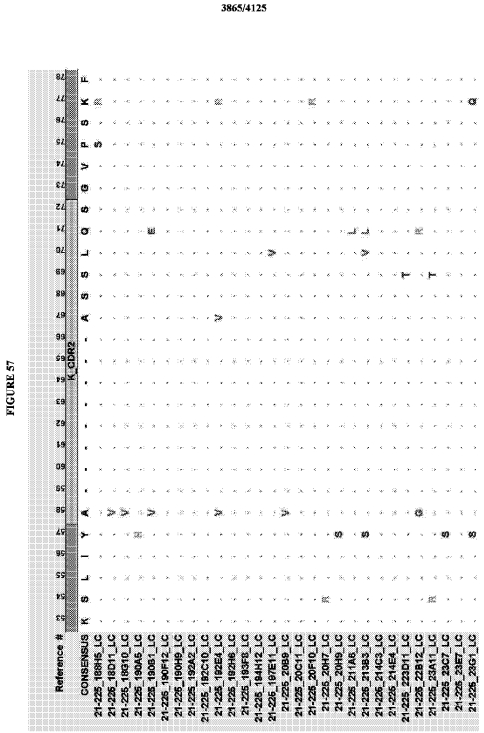
【図５７－７４０】



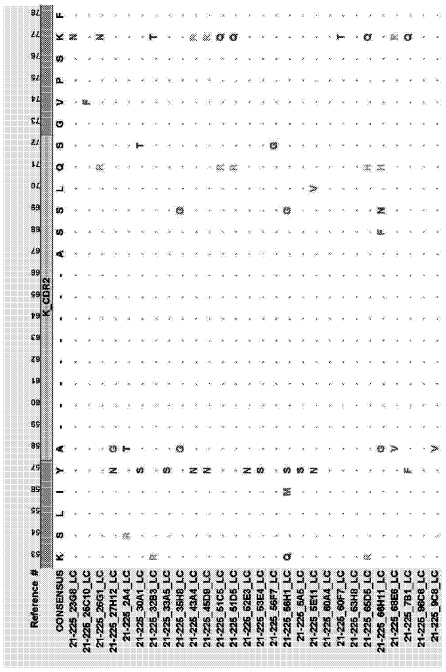
【図５７－７４１】



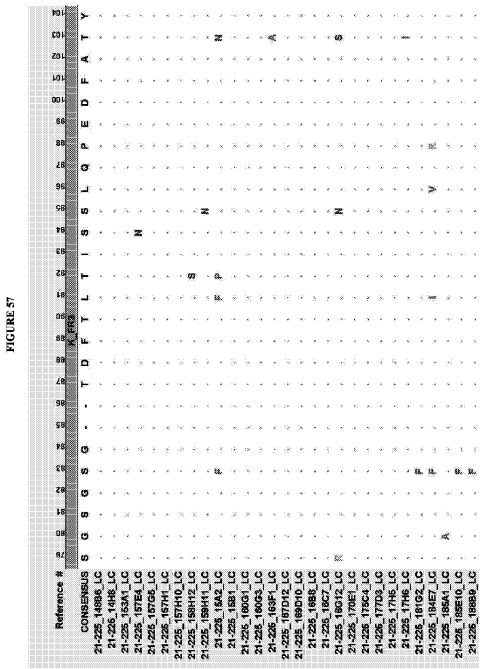
【図５７－７４２】



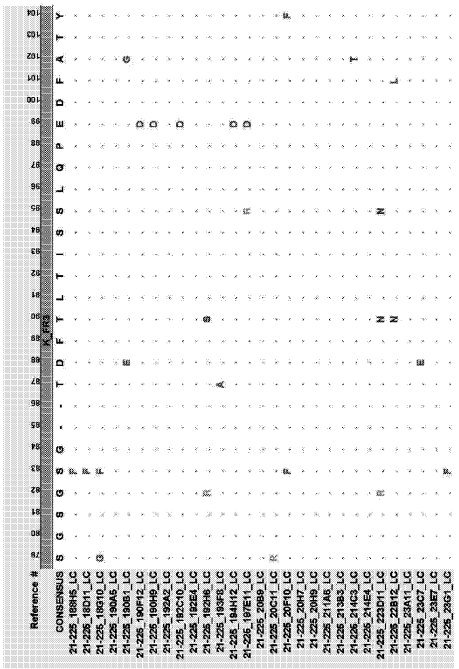
【図５７－７４３】



【図５７－７４４】

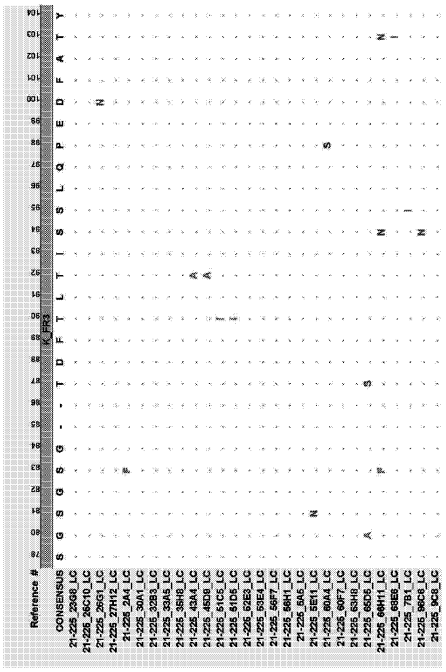


【図５７－７４５】



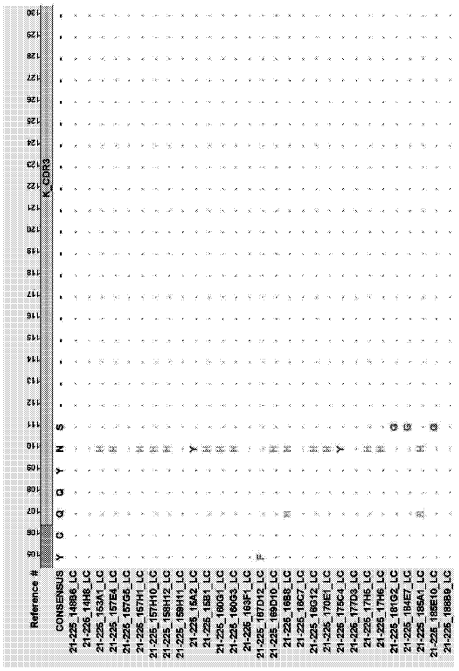
【図５７－７４６】

FIGURE 57



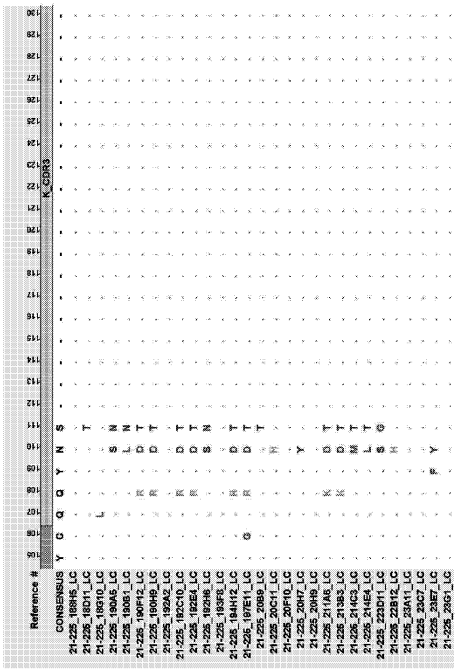
【図５７－７４７】

FIGURE 57



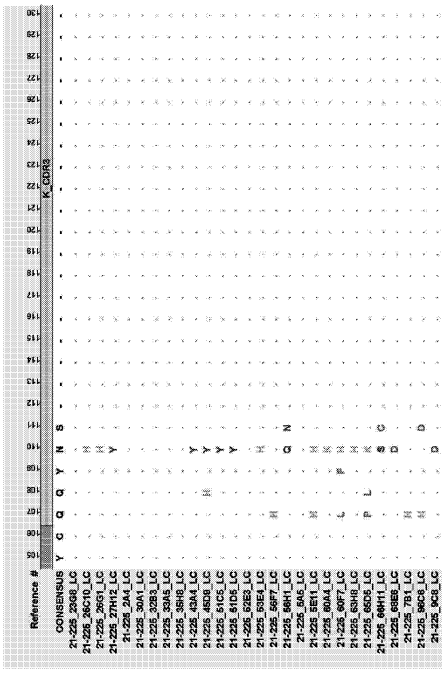
【図５７－７４８】

FIGURE 57



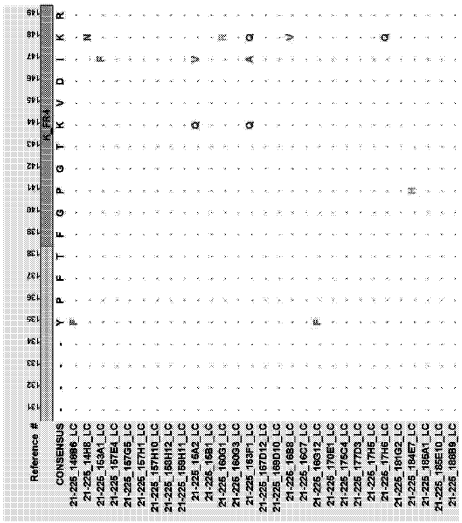
【図５７－７４９】

FIGURE 57



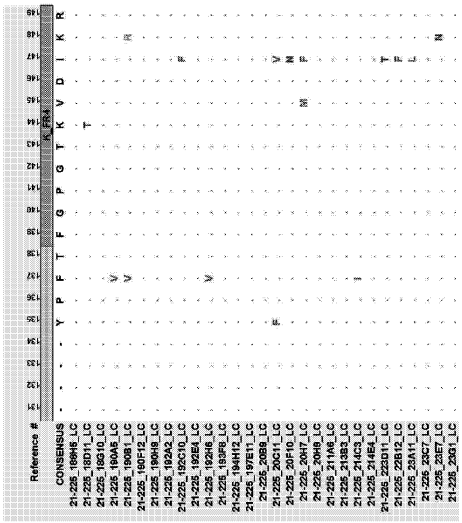
【図５７－７５０】

FIGURE 57



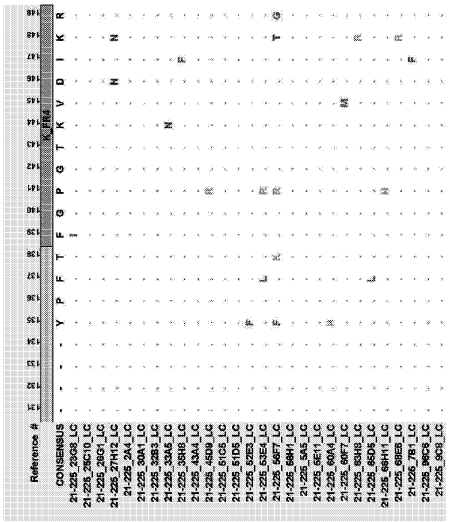
【図５７－７５１】

FIGURE 57



【図５７－７５２】

FIGURE 57



【図５７－７５３】

FIGURE 57

Table 104. Consensus 24 - VK1|L5/JK3 (SEQ ID NO: 5032):

DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRAS--QGIS------RWLAWYQQKPGKAPKLLIYA------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANS------------FPFTFGPGTKVDIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with V, E or G

S at position 26 can be substituted with G

Q at position 29 can be substituted with R

G at position 30 can be substituted with D, N, A, L or V

I at position 31 can be substituted with V or F

S at position 32 can be substituted with N, T, R or I

R at position 39 can be substituted with S, N, K, T, D, I or G

W at position 40 can be substituted with Y

L at position 41 can be substituted with I

A at position 42 can be substituted with T or V

A at position 58 can be substituted with G, T, D or V

A at position 67 can be substituted with T or V

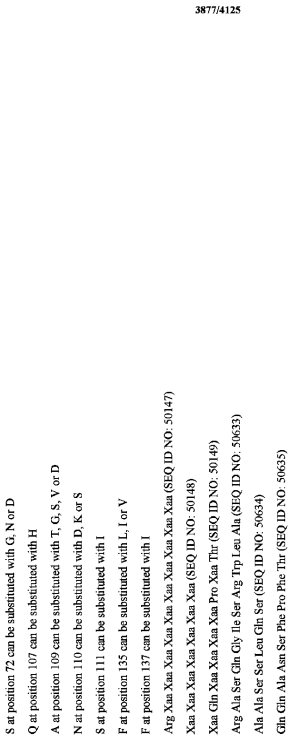
S at position 68 can be substituted with Y

S at position 69 can be substituted with R, N, T, G or I

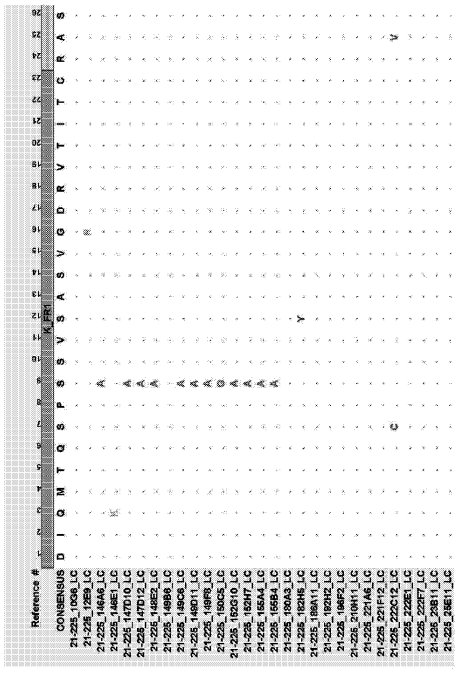
L at position 70 can be substituted with F

Q at position 71 can be substituted with E

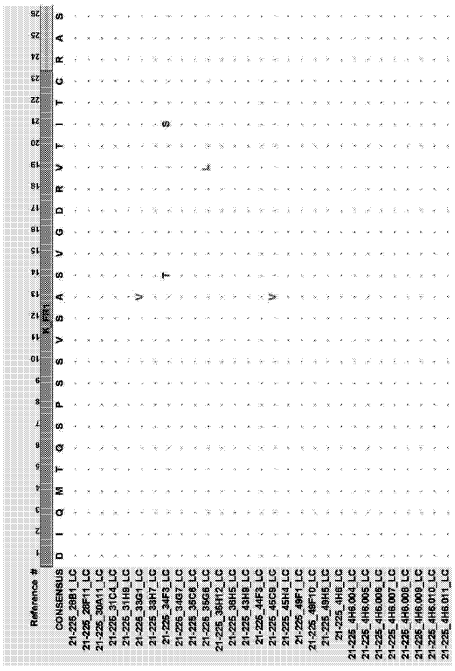
【図５７－７５４】



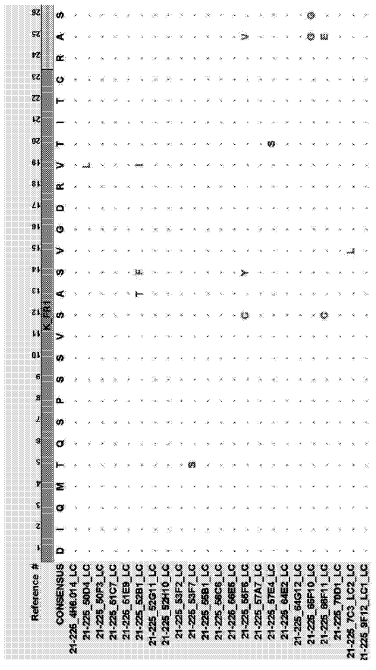
【図５７－７５５】



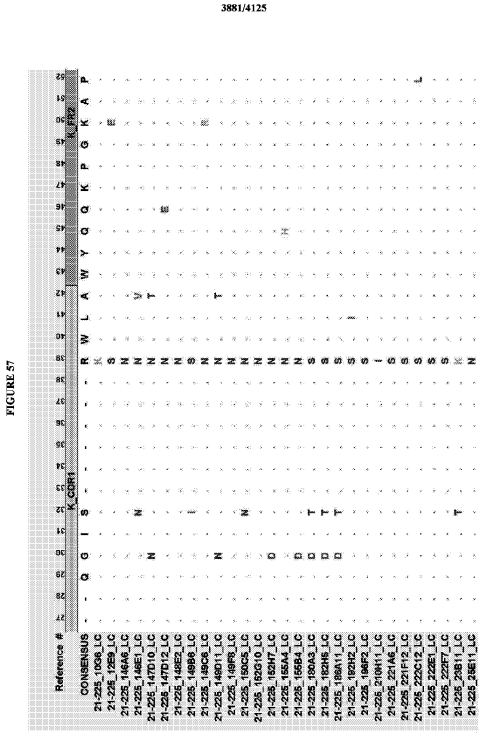
【図５７－７５６】



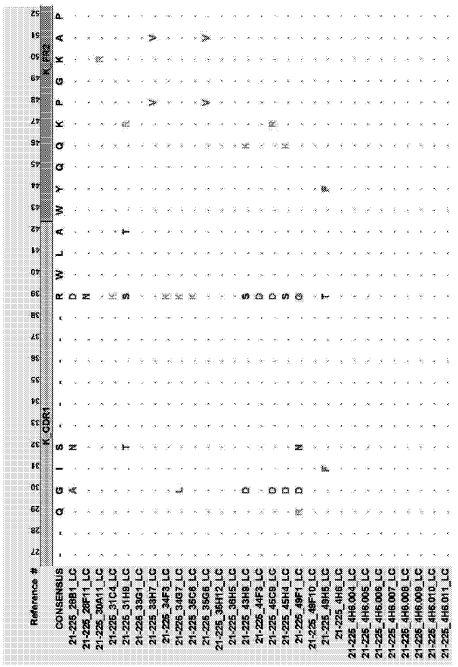
【図５７－７５７】



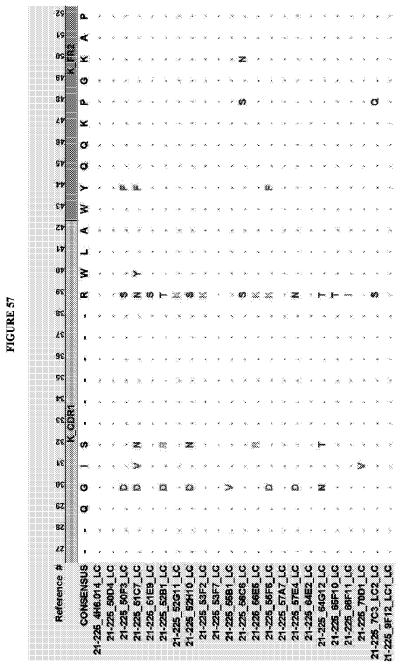
【図５７－７５８】



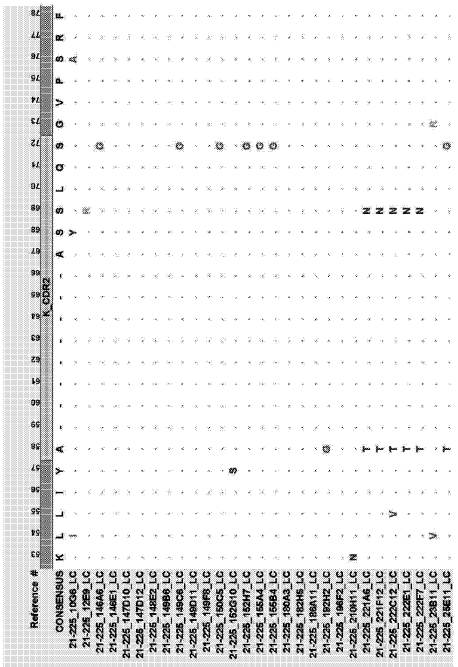
【図５７－７５９】



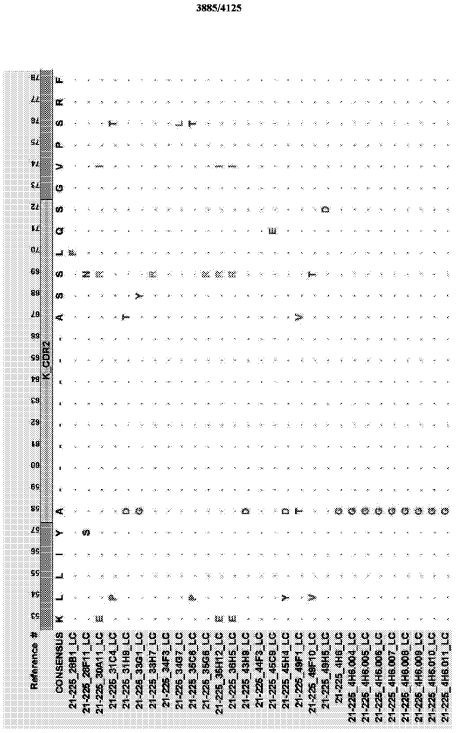
【図５７－７６０】



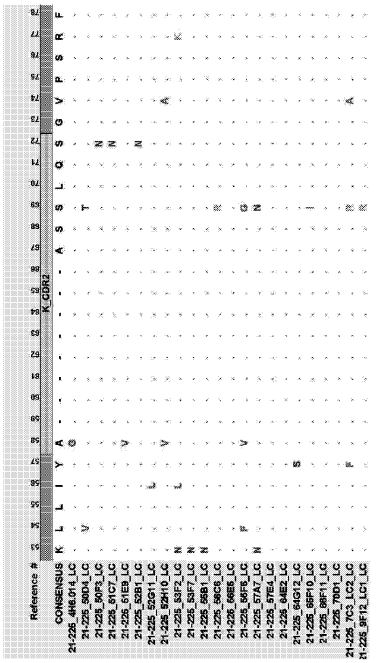
【図５７－７６１】



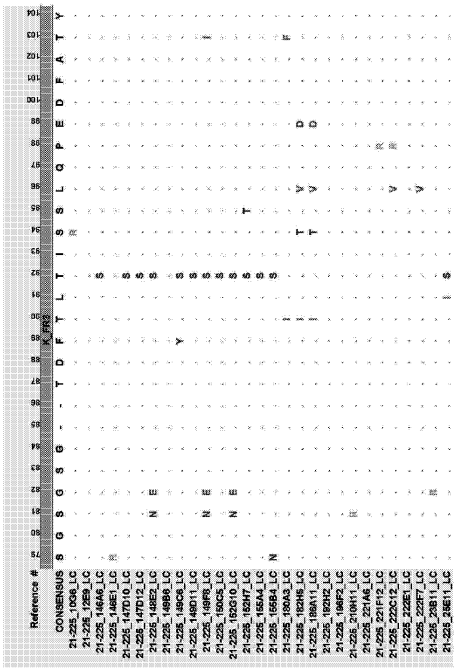
【図５７－７６２】



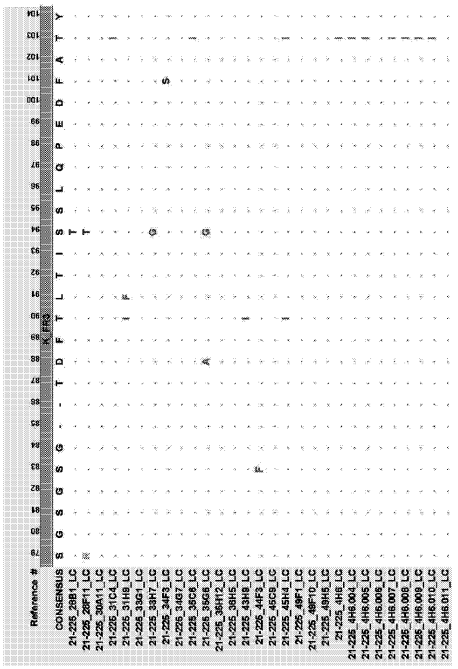
【図５７－７６３】



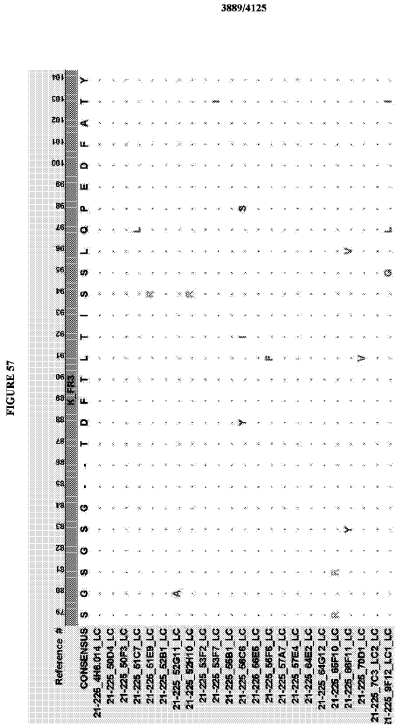
【図５７－７６４】



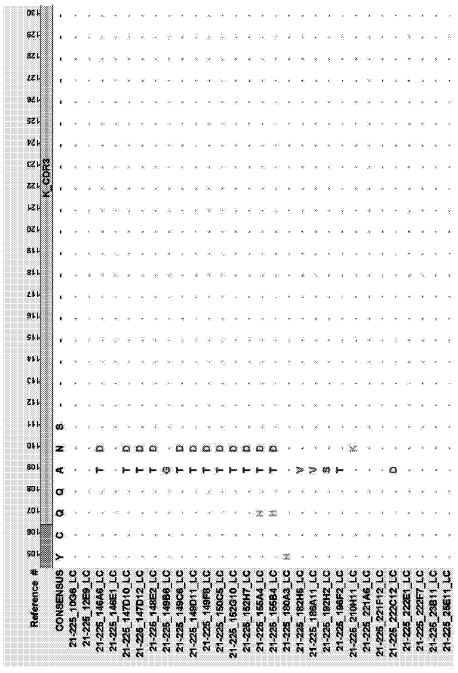
【図５７－７６５】



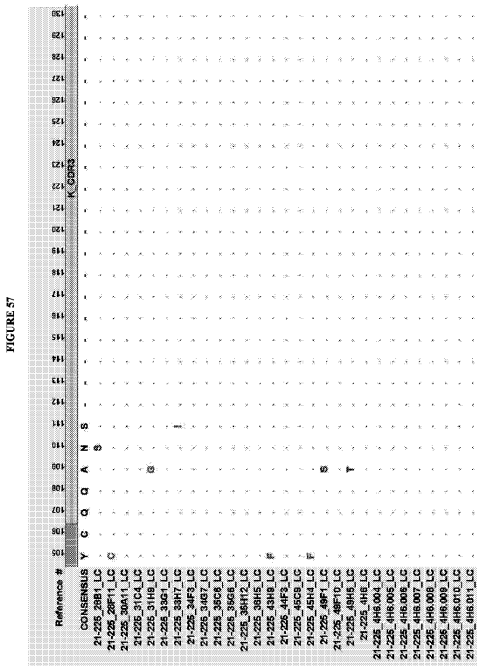
【図５７－７６６】



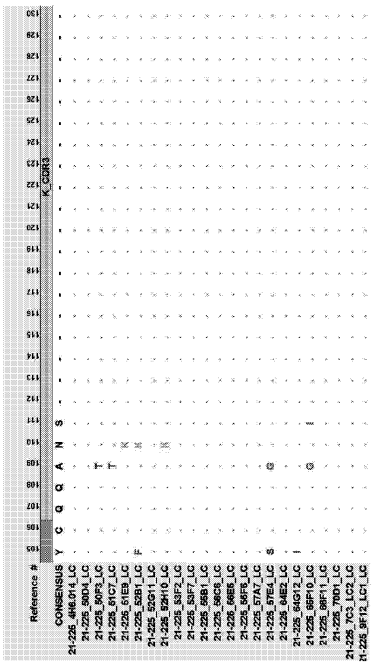
【図５７－７６７】



【図５７－７６８】

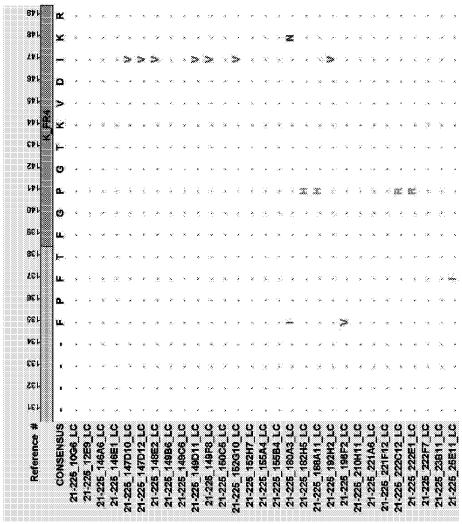


【図５７－７６９】



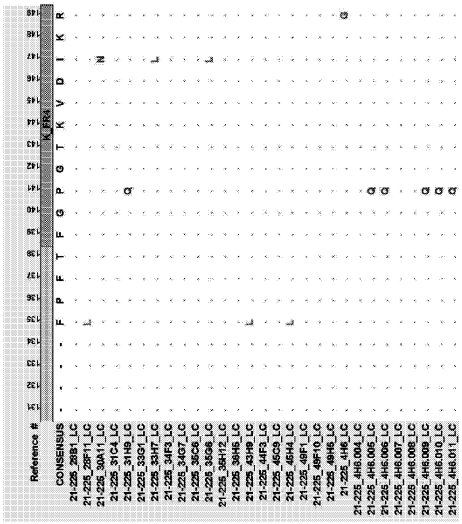
【図５７－７７０】

FIGURE 57



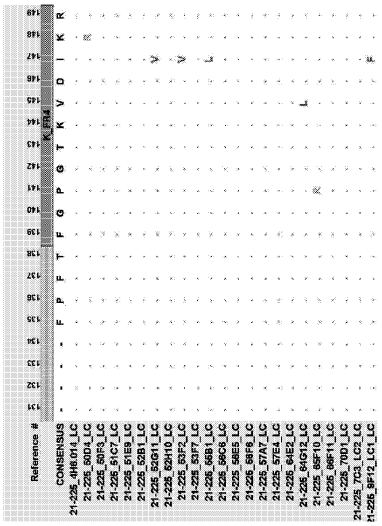
【図５７－７７１】

FIGURE 57



【図５７－７７２】

FIGURE 57



【図５７－７７３】

FIGURE 57

Table 105. Consensus 25 - VK2(A18/JK1 (SEQ ID NO: 50322):

DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSS--QSLLHGD-GKTYLYWYLQKPGQPPQLLIYE--------VSNRFSGVPDRFSGSGSG--
TDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQSIQ----------LPWTFGQGTKVEIKR wherein

K at position 24 can be substituted with M, R or T

S at position 26 can be substituted with G or T

Q at position 29 can be substituted with K

S at position 30 can be substituted with R, N or T

L at position 32 can be substituted with R or V

H at position 33 can be substituted with Y

G at position 34 can be substituted with S

D at position 35 can be substituted with E or G

K at position 38 can be substituted with R

Y at position 40 can be substituted with F

L at position 41 can be substituted with F

Y at position 42 can be substituted with F, T, C or S

E at position 58 can be substituted with A

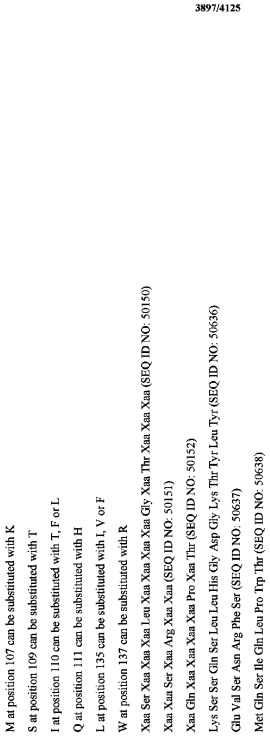
V at position 67 can be substituted with I, L or T

N at position 69 can be substituted with K, H, I or S

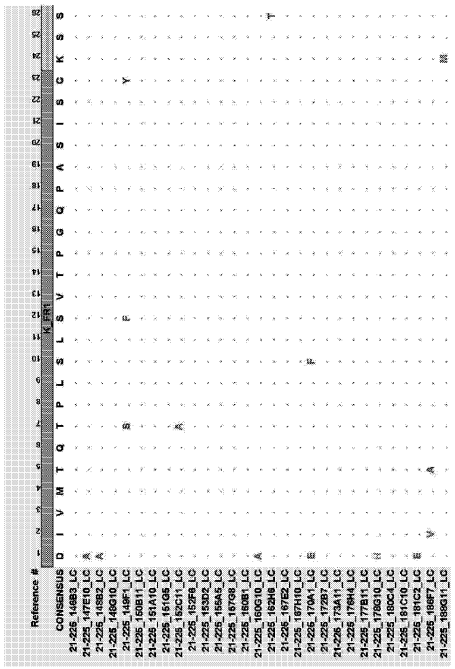
F at position 71 can be substituted with L

S at position 72 can be substituted with A, T, C or P

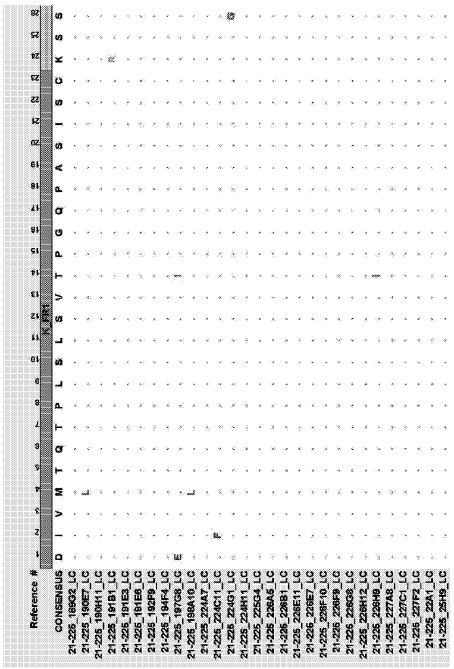
【図５７－７７４】



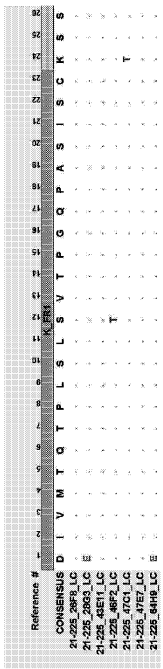
【図５７－７７５】



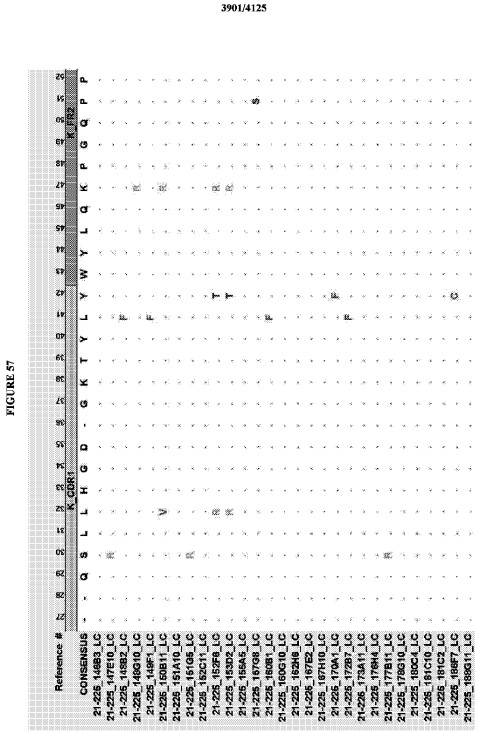
【図５７－７７６】



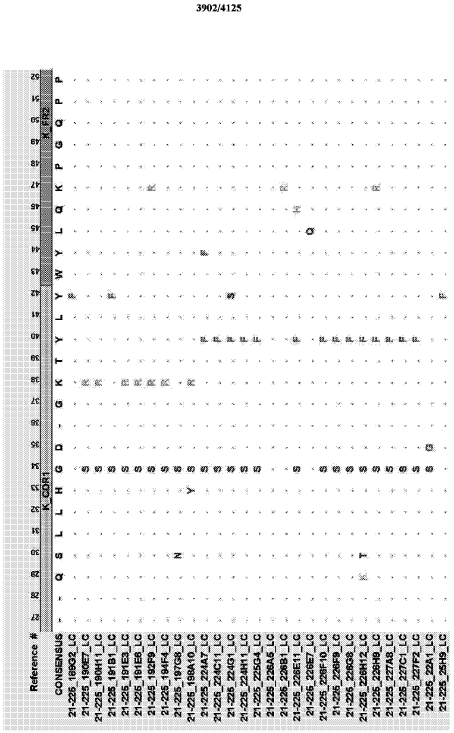
【図５７－７７７】



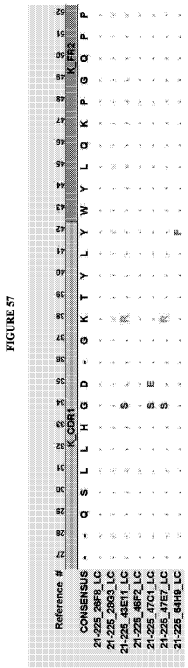
【図５７－７７８】



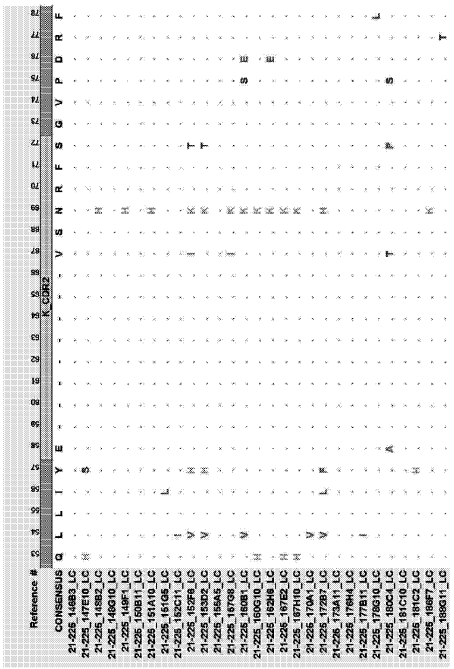
【図５７－７７９】



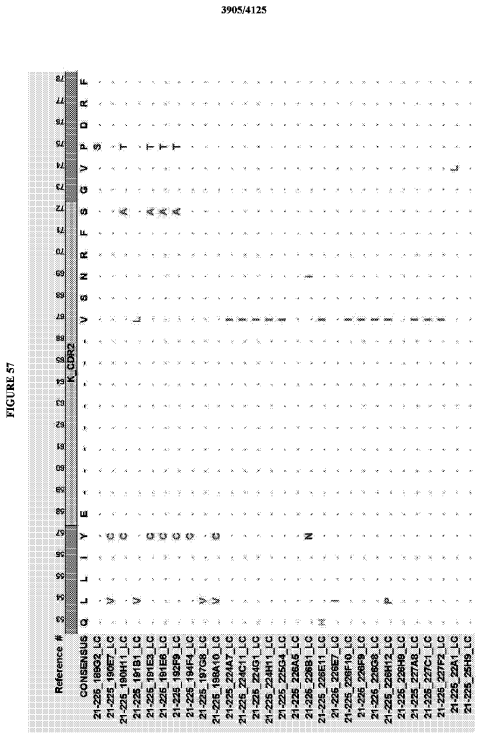
【図５７－７８０】



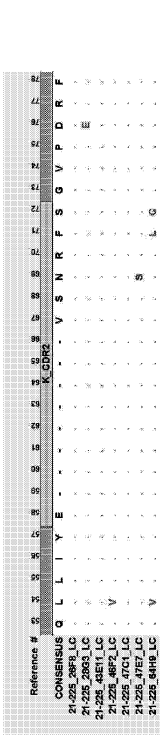
【図５７－７８１】



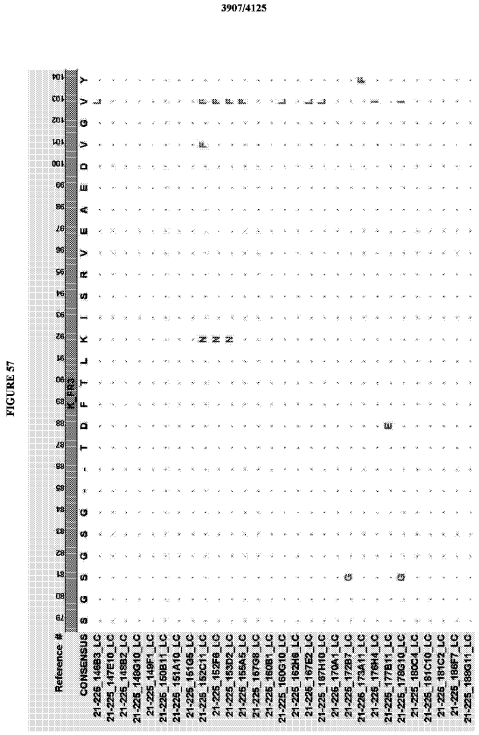
【図５７－７８２】



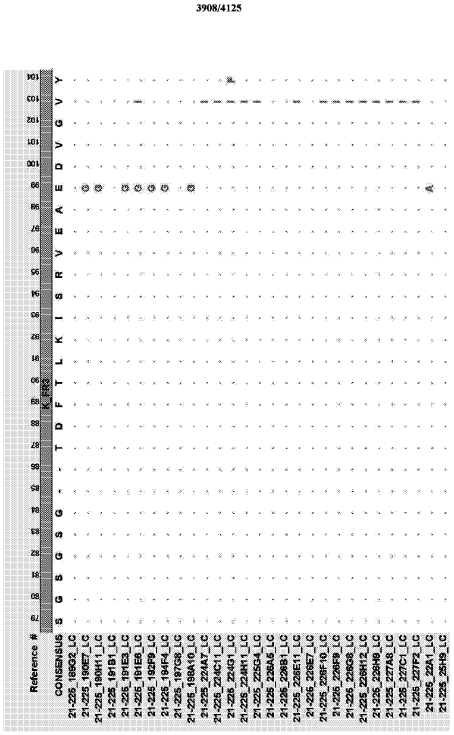
【図５７－７８３】



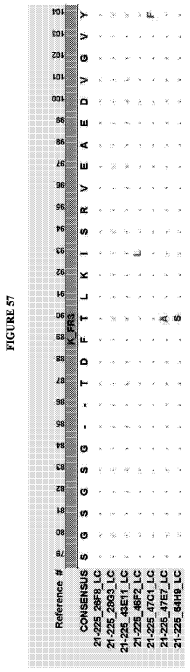
【図５７－７８４】



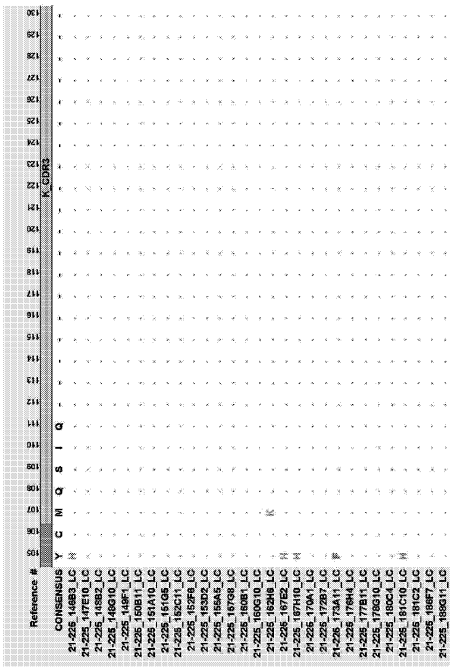
【図５７－７８５】



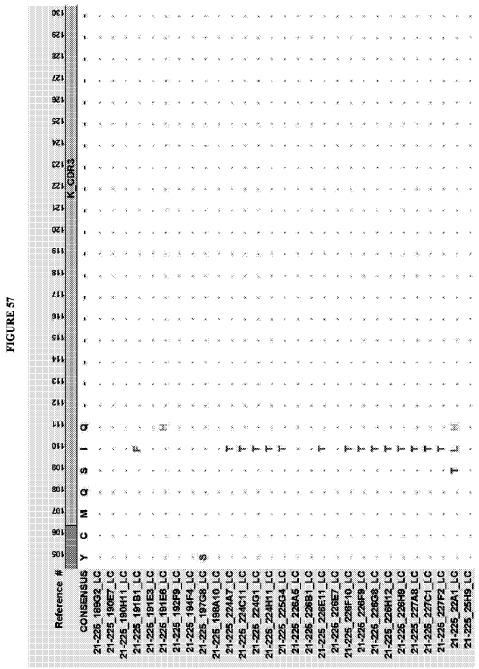
【図５７－７８６】



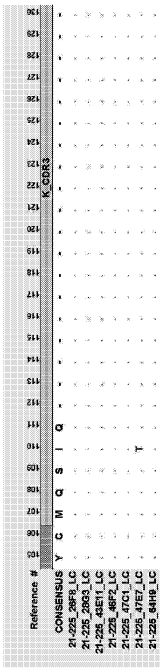
【図５７－７８７】



【図５７－７８８】

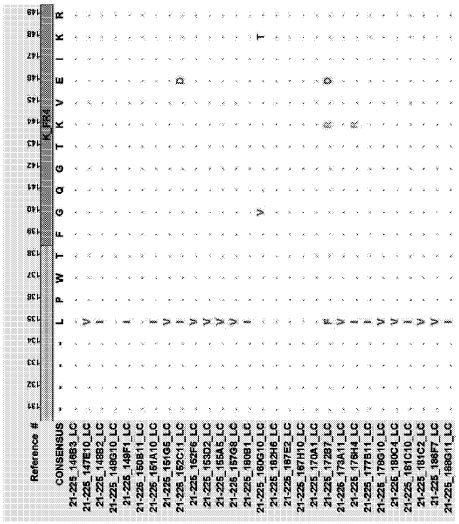


【図５７－７８９】



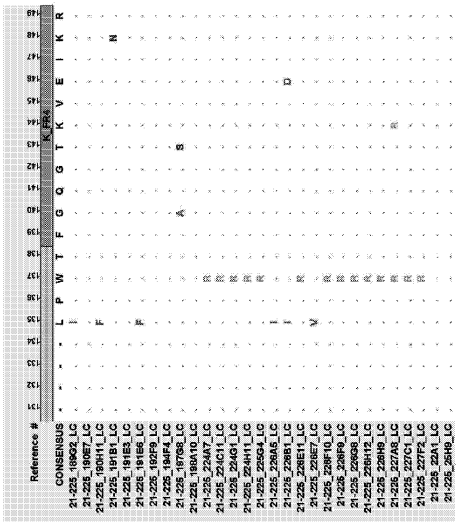
【図５７－７９０】

FIGURE 57



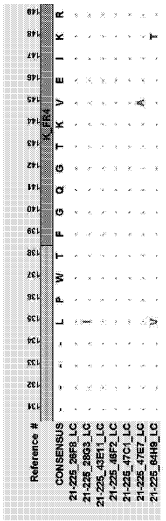
【図５７－７９１】

FIGURE 57



【図５７－７９２】

FIGURE 57



【図５７－７９３】

FIGURE 57

Table 106. Consensus 26 - VK1|O12/JK3 (SEQ ID NO: 50323):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QSIS--------SYLNWYQQKPGKAPKLLIYA--------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYS----------PPLTFGGGTKVDIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with S or T

S at position 26 can be substituted with G or I

Q at position 29 can be substituted with H or R

S at position 30 can be substituted with N or T

I at position 31 can be substituted with F

S at position 32 can be substituted with I, F, N, R, Y, T, A, G or L

S at position 39 can be substituted with N, T, H or K

Y at position 40 can be substituted with F or H

L at position 41 can be substituted with V

N at position 42 can be substituted with I, M, H or Y

A at position 58 can be substituted with G, T, V or I

A at position 67 can be substituted with T, V or S

S at position 68 can be substituted with F

S at position 69 can be substituted with N, T or V

Q at position 71 can be substituted with H

S at position 72 can be substituted with N, G, H, I or T

S at position 109 can be substituted with T or Y

Y at position 110 can be substituted with N, F or H

【図５７－７９４】

FIGURE 57

S at position 111 can be substituted with R, N, F or I

null (-) at position 134 can be substituted with A or S

P at position 135 can be substituted with T, I, F, A, L or V

P at position 136 can be substituted with L, F, or S

T at position 138 can be substituted with A or S

Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50153)

Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50154)

Gln Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe Xaa (SEQ ID NO: 50155)

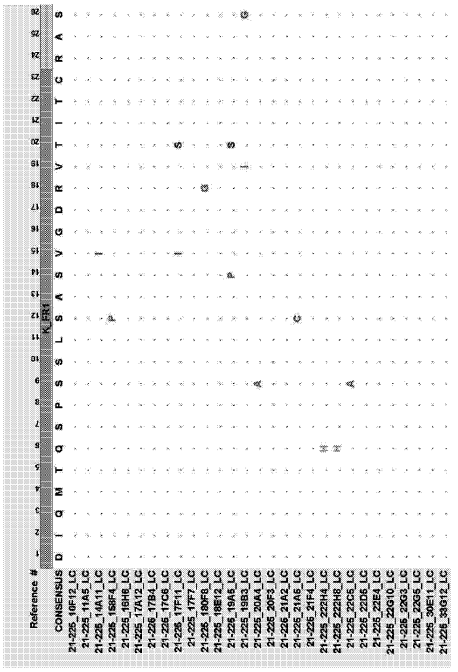
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Asn (SEQ ID NO: 50639)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50640)

Gln Gln Ser Tyr Ser Pro Pro Phe Thr (SEQ ID NO: 50641)

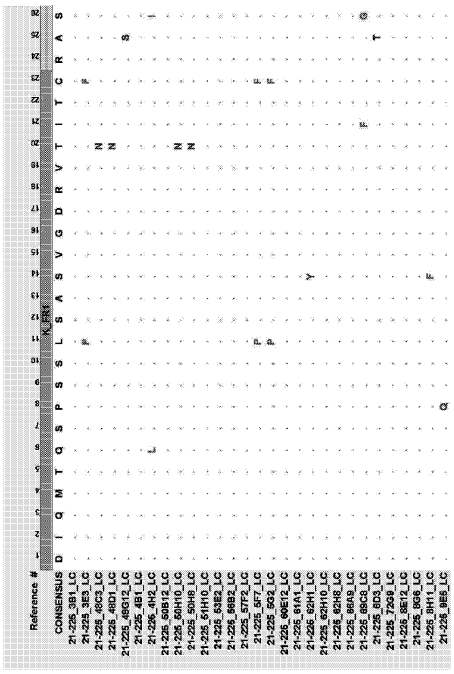
【図５７－７９５】

FIGURE 57



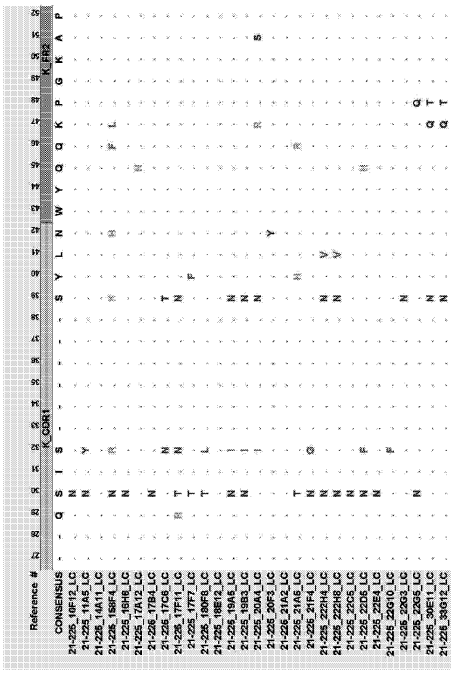
【図５７－７９６】

FIGURE 57

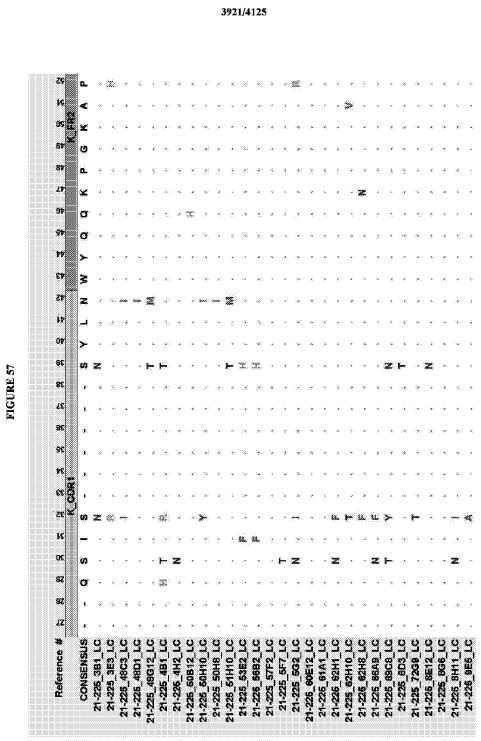


【図５７－７９７】

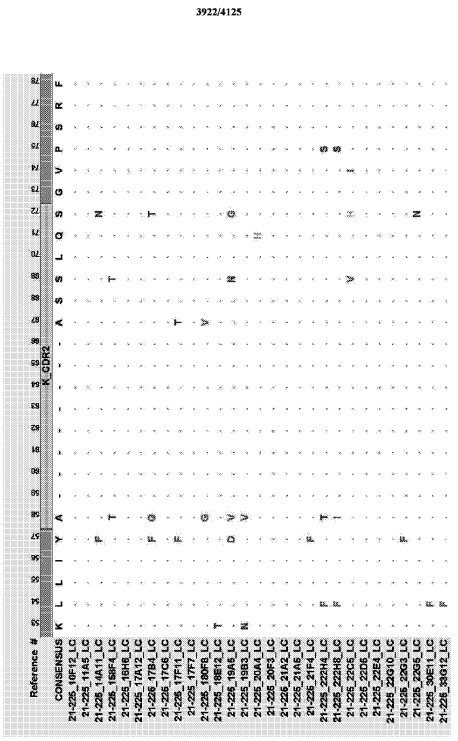
FIGURE 57



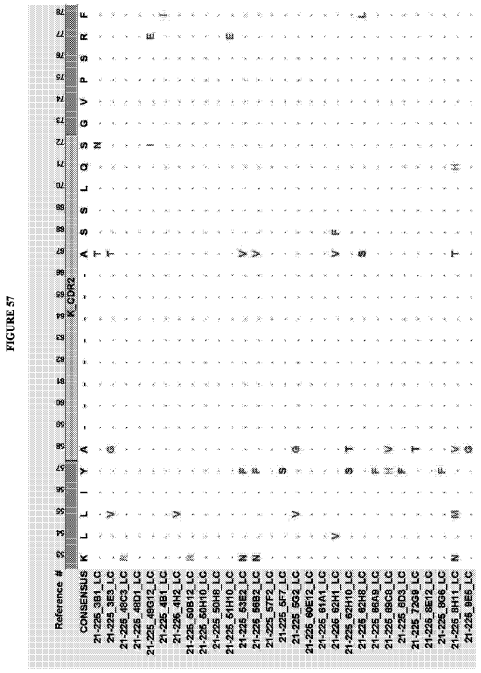
【図５７－７９８】



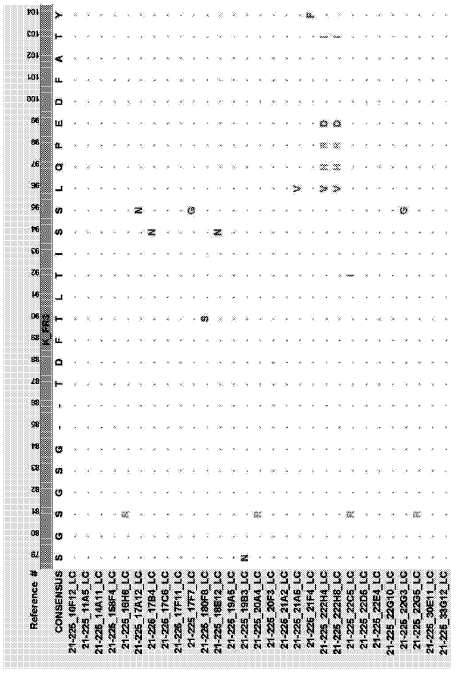
【図５７－７９９】



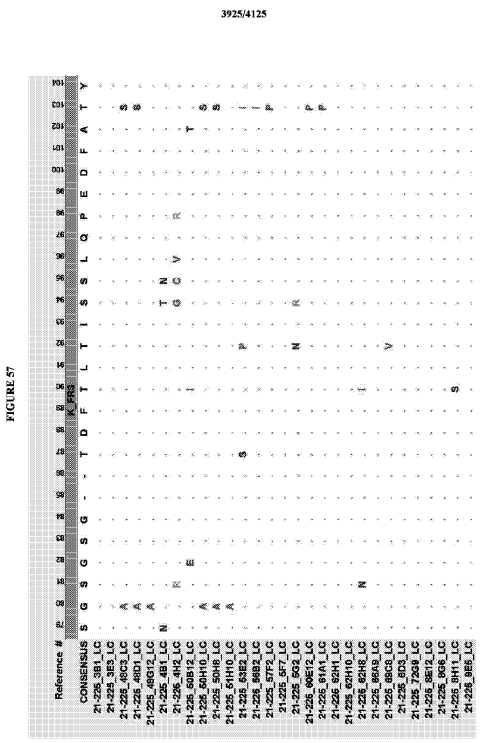
【図５７－８００】



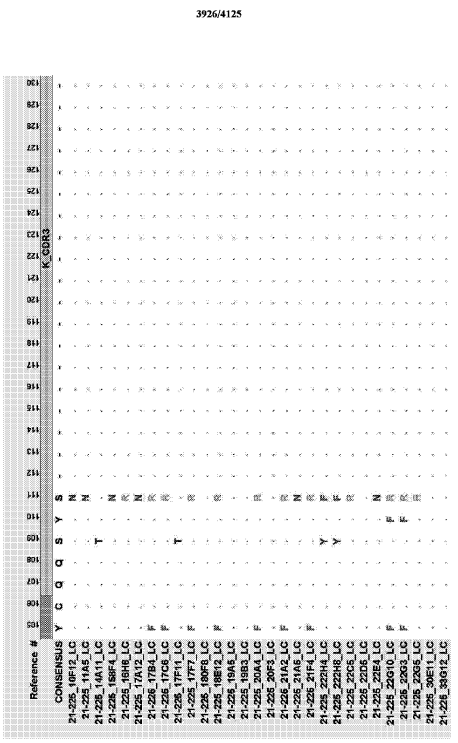
【図５７－８０１】



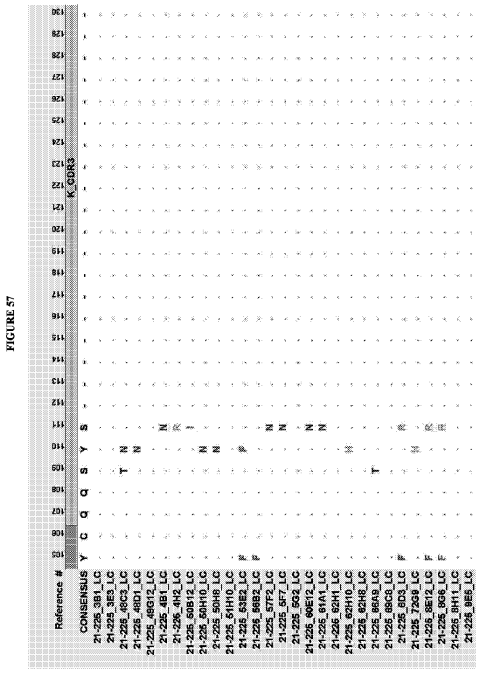
【図５７－８０２】



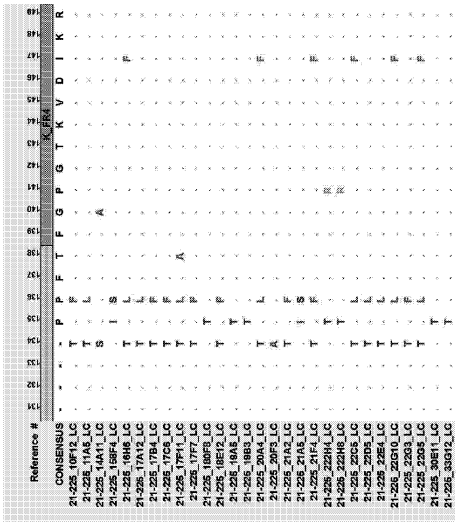
【図５７－８０３】



【図５７－８０４】

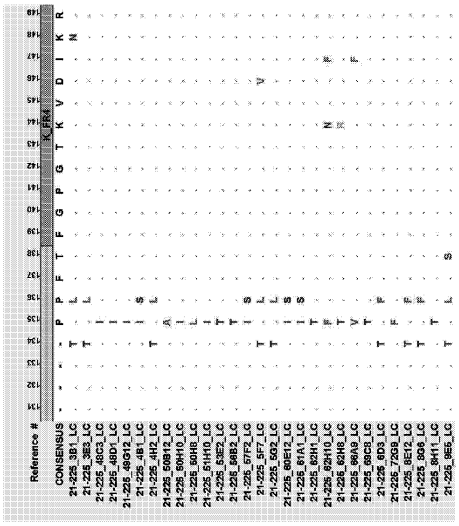


【図５７－８０５】



【図５７－８０６】

FIGURE 57



【図５７－８０７】

FIGURE 57

Table 107. Consensus 27 - VK4JB3/JK2 (SEQ ID NO: 50324).

DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSS--QSVLYSSNNNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYW--------ASTRESGVPDRFSGSGSG--
TDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYS----------------TPCSFGQGTKLEIKR wherein:

K at position 24 can be substituted with R or T

S at position 26 can be substituted with I

S at position 30 can be substituted with N

V at position 31 can be substituted with I

Y at position 33 can be substituted with H, S or F

S at position 34 can be substituted with N, I, R or H

N at position 36 can be substituted with H

N at position 37 can be substituted with S or D

N at position 38 can be substituted with Y, K, H, A, M or Q

N at position 39 can be substituted with K

Y at position 40 can be substituted with F

A at position 42 can be substituted with T or D

A at position 67 can be substituted with T, G or S

S at position 68 can be substituted with F

T at position 69 can be substituted with I

E at position 71 can be substituted with K or D

S at position 72 can be substituted with F

Q at position 107 can be substituted with H

【図５７－８０８】

FIGURE 57

Q at position 108 can be substituted with H

Y at position 109 can be substituted with S

Y at position 110 can be substituted with F, K, or N

S at position 111 can be substituted with T, I, null (-) or N

T at position 135 can be substituted with S, I, R, A, G or N

P at position 136 can be substituted with S

C at position 137 can be substituted with Y, G, L or P

S at position 138 can be substituted with K or N

Xaa Ser Xaa Gln Xaa Xaa Leu Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50156)

Trp Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50157)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50158)

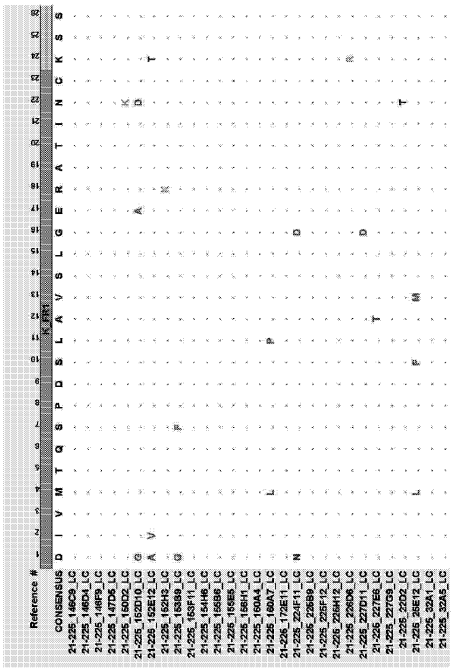
Lys Ser Ser Glu Ser Val Leu Tyr Ser Ser Asn Asn Asn Tyr Leu Ala (SEQ ID NO: 50642)

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser (SEQ ID NO: 50643)

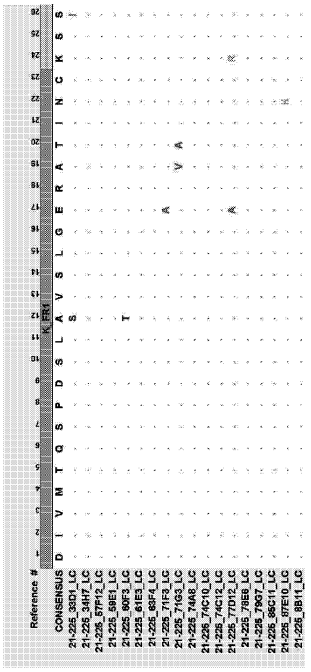
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Cys Ser (SEQ ID NO: 50644)

【図５７－８０９】

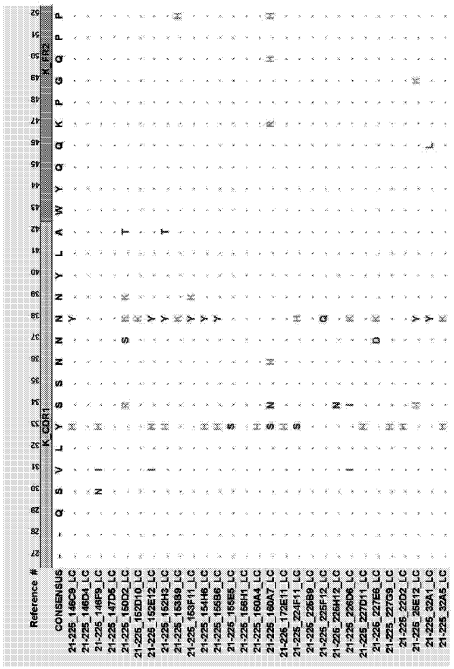
FIGURE 57



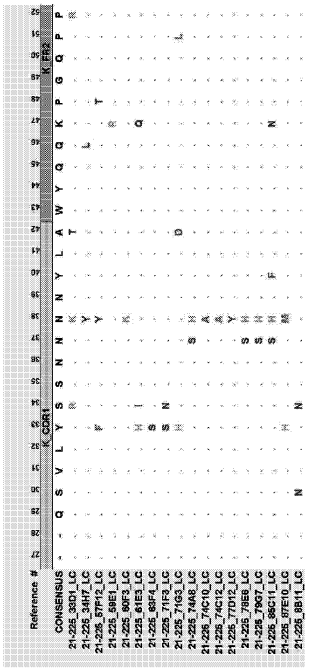
【図５７－８１０】



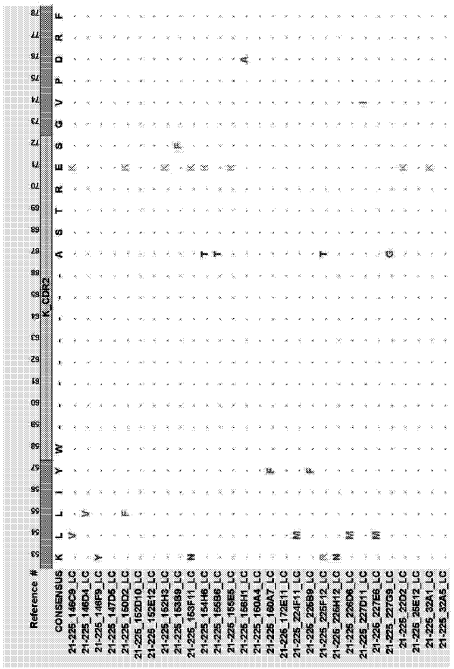
【図５７－８１１】



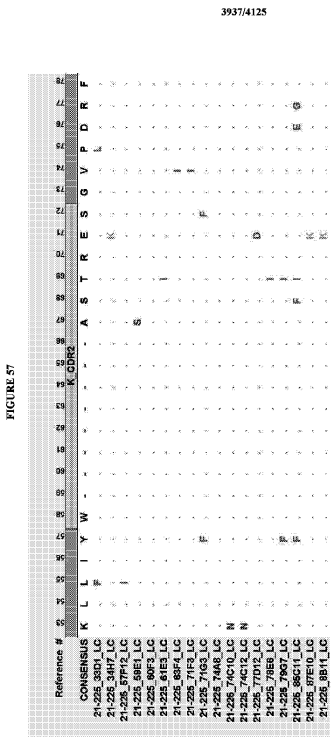
【図５７－８１２】



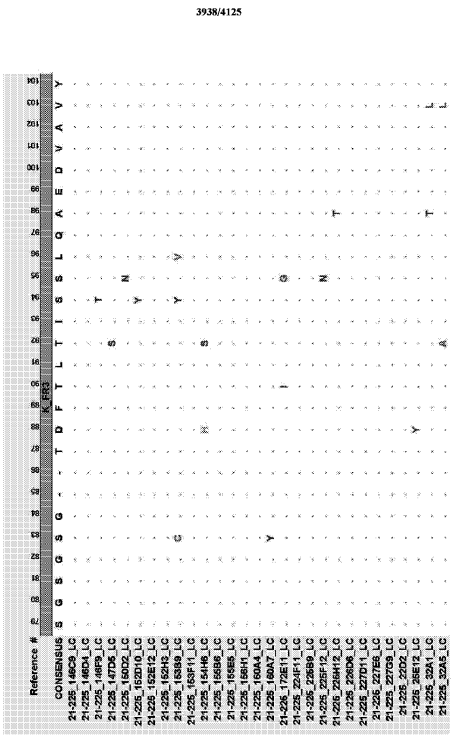
【図５７－８１３】



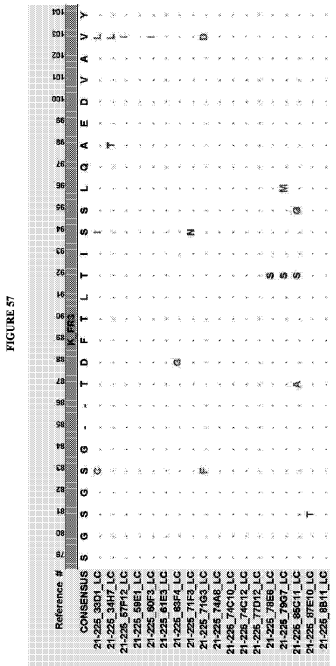
【図５７－８１４】



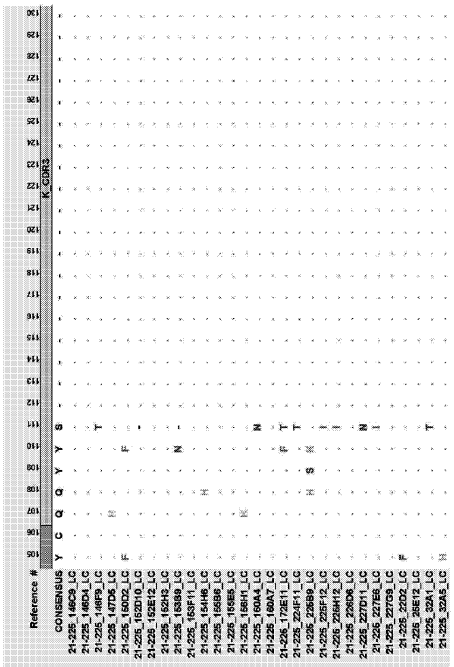
【図５７－８１５】



【図５７－８１６】

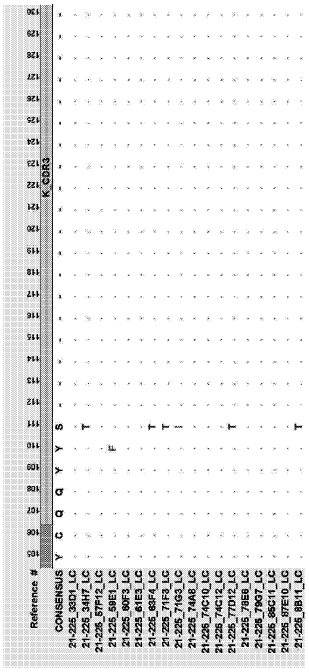


【図５７－８１７】



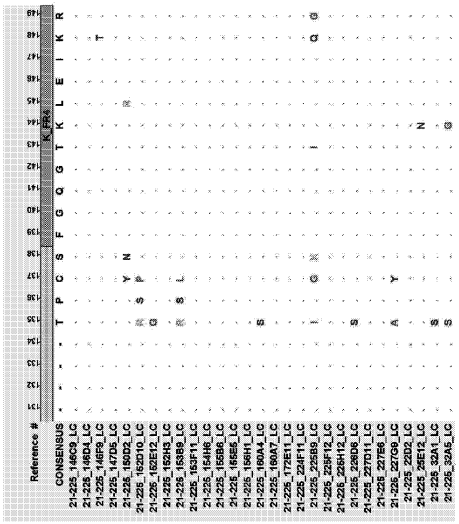
【図５７－８１８】

FIGURE 57



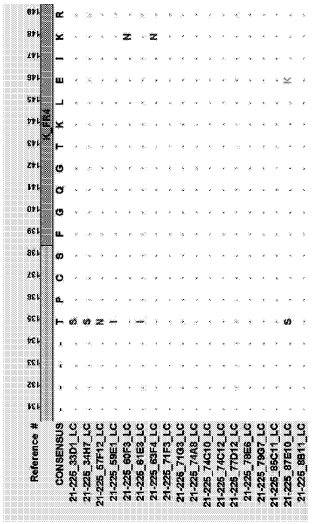
【図５７－８１９】

FIGURE 57



【図５７－８２０】

FIGURE 57



【図５７－８２１】

FIGURE 57

Table 108. Consensus 28 - VK1|L5/JK1 (SEQ ID NO: 50325):

DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRAS--QGIS------NWLAWYQQKPGKAPKLLIYA------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--

TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANS----------FPWTFGQGTKVEIKR wherein:

S at position 26 can be substituted with N

G at position 30 can be substituted with D, F, N or V

I at position 31 can be substituted with I or V

S at position 32 can be substituted with N, T, I, F or G

N at position 39 can be substituted with S, D, T or R

W at position 40 can be substituted with C

A at position 58 can be substituted with G, D, T or S

A at position 67 can be substituted with V, P or T

S at position 68 can be substituted with F

S at position 69 can be substituted with N

S at position 72 can be substituted with G or N

Q at position 107 can be substituted with L

A at position 109 can be substituted with T, S, G, V or Y

N at position 110 can be substituted with D, H or Y

F at position 135 can be substituted with L

W at position 137 can be substituted with R or P

Arg Ala Xaa Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Ala (SEQ ID NO: 50159)

Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Gln Xaa (SEQ ID NO: 50160)

【図５７－８２２】

FIGURE 57

Xaa Gln Xaa Xaa Ser Xaa Pro Xaa Thr (SEQ ID NO: 50161)

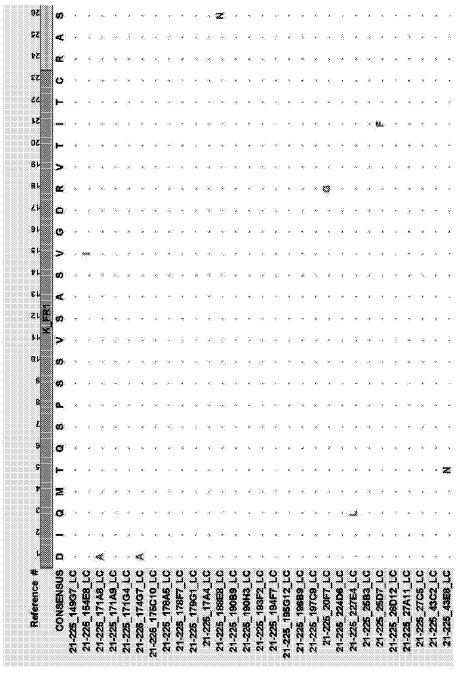
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Trp Leu Ala (SEQ ID NO: 50645)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50646)

Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Trp Thr (SEQ ID NO: 50647)

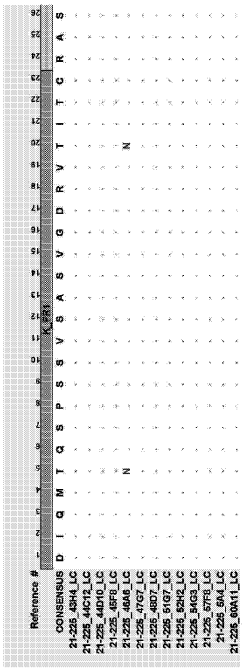
【図５７－８２３】

FIGURE 57



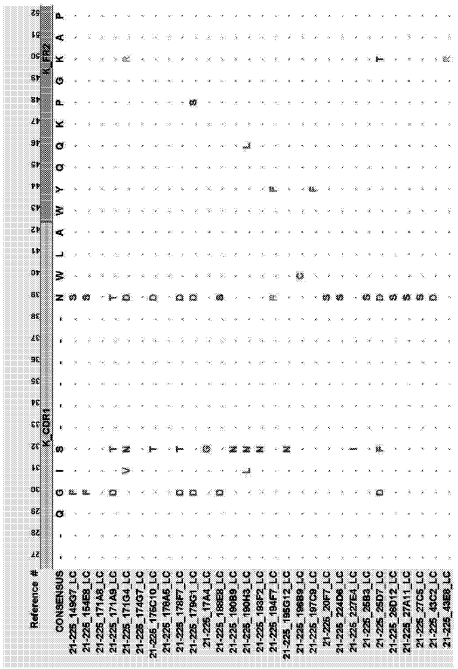
【図５７－８２４】

FIGURE 57



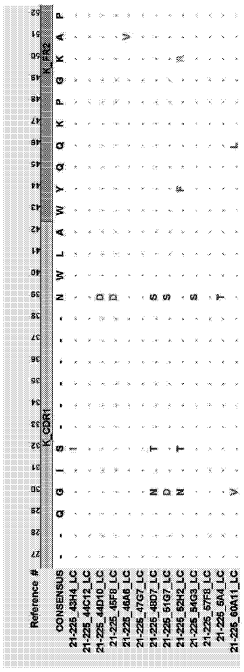
【図５７－８２５】

FIGURE 57



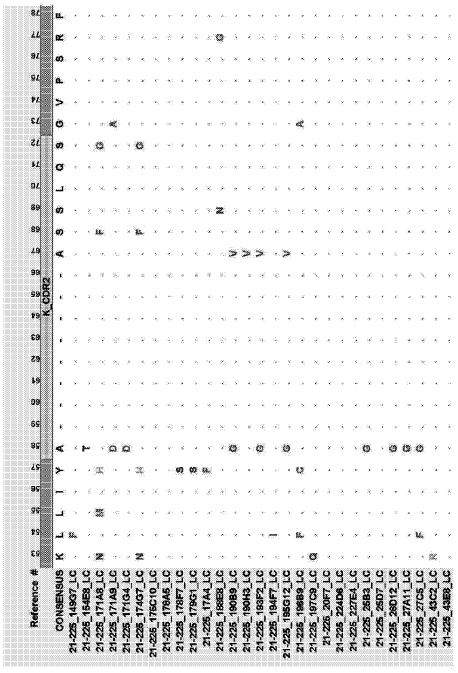
【図５７－８２６】

FIGURE 57



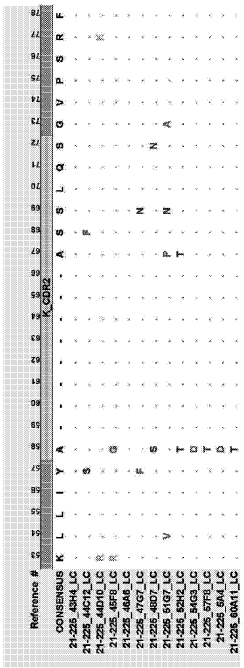
【図５７－８２７】

FIGURE 57



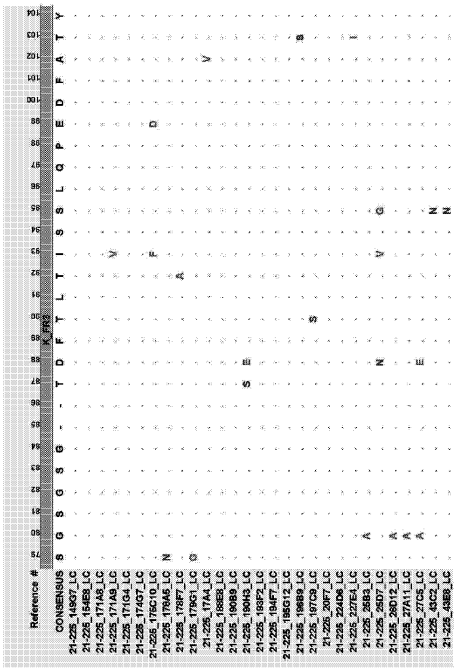
【図５７－８２８】

FIGURE 57

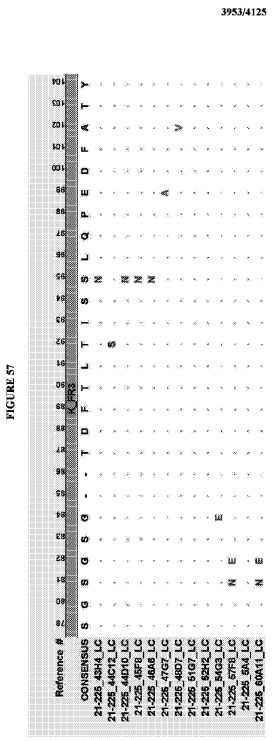


【図５７－８２９】

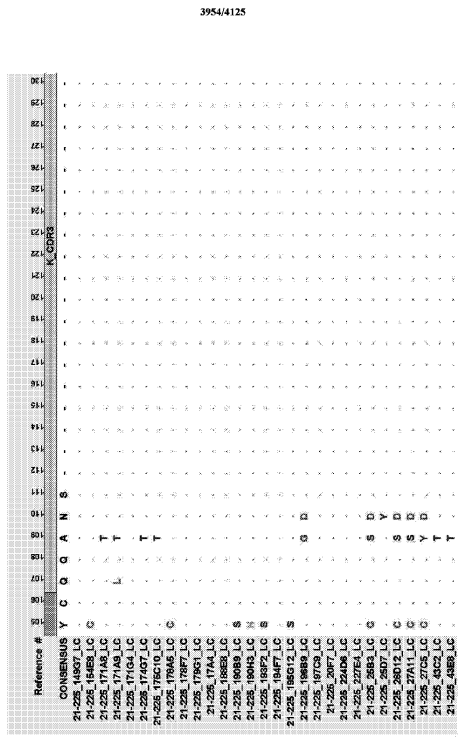
FIGURE 57



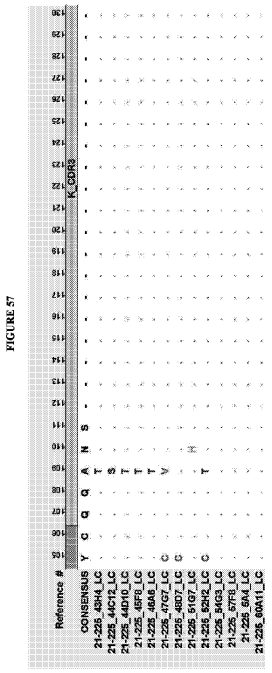
【図５７－８３０】



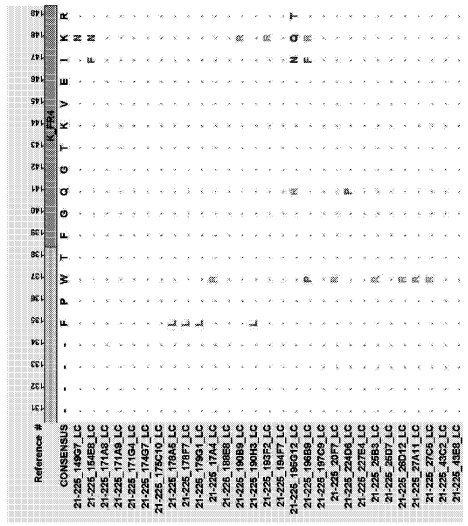
【図５７－８３１】



【図５７－８３２】

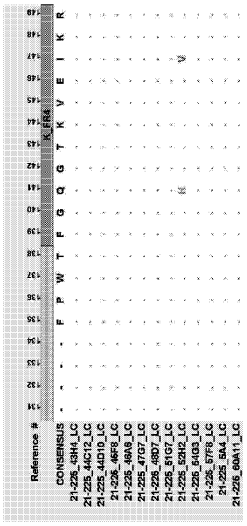


【図５７－８３３】



【図５７－８３４】

FIGURE 57



【図５７－８３５】

FIGURE 57

Table 109. Consensus 29 - VK4JB3/JK3 (SEQ ID NO: 50326):

DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSS--QSVLHSSNNNNYLAWYQQKPGQPPKLLIYW--------ASTRESGVPDRFSGSGSG--TDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYS----------TPVTFGPGTKVDIKR wherein:

S at position 26 can be substituted with N

S at position 30 can be substituted with R or N

V at position 31 can be substituted with I or L

L at position 32 can be substituted with F

H at position 33 can be substituted with F, Y, K or S

S at position 34 can be substituted with N or H

N at position 36 can be substituted with H

N at position 37 can be substituted with S

N at position 38 can be substituted with K, Y or H

N at position 39 can be substituted with R or S

A at position 42 can be substituted with T or V

T at position 69 can be substituted with A, I or S

R at position 70 can be substituted with L

E at position 71 can be substituted with K or D

Q at position 107 can be substituted with H

Y at position 109 can be substituted with S

Y at position 110 can be substituted with C, F, S or H

S at position 111 can be substituted with N, Q, D or T

【図５７－８３６】

FIGURE 57

T at position 135 can be substituted with L, I, A, F or S

V at position 137 can be substituted with F or P

Lys Ser Xaa Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Tyr Leu Xaa (SEQ ID NO: 50162)

Trp Ala Ser Xaa Xaa Xaa Ser (SEQ ID NO: 50163)

Xaa Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Thr (SEQ ID NO: 50164)

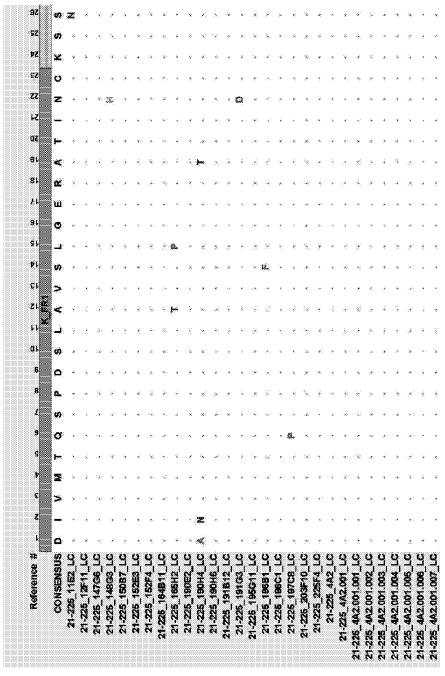
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu His Ser Ser Asn Asn Asn Tyr Leu Ala (SEQ ID NO: 50648)

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser (SEQ ID NO: 50649)

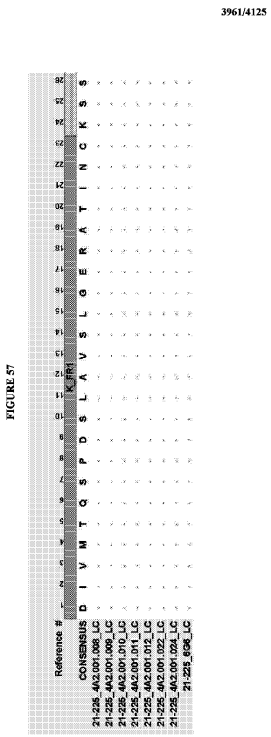
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Val Thr (SEQ ID NO: 50650)

【図５７－８３７】

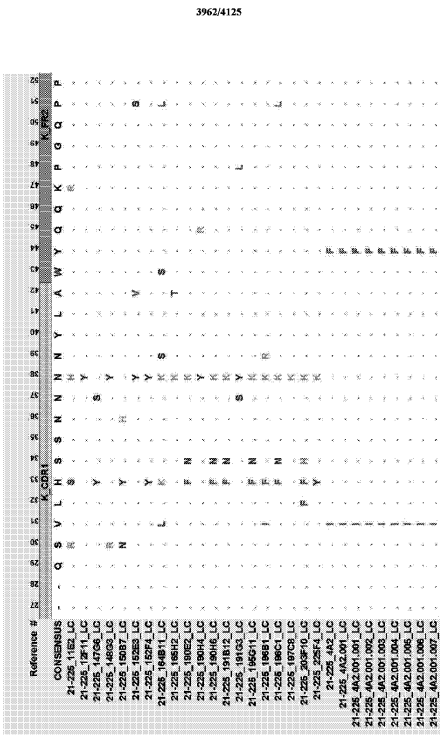
FIGURE 57



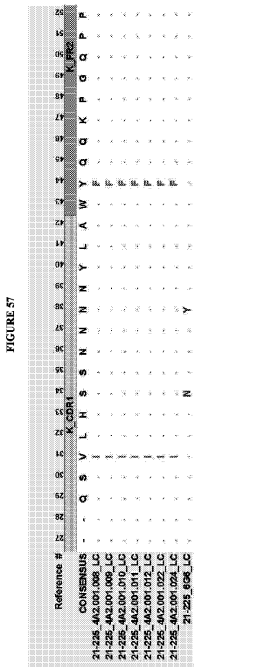
【図５７－８３８】



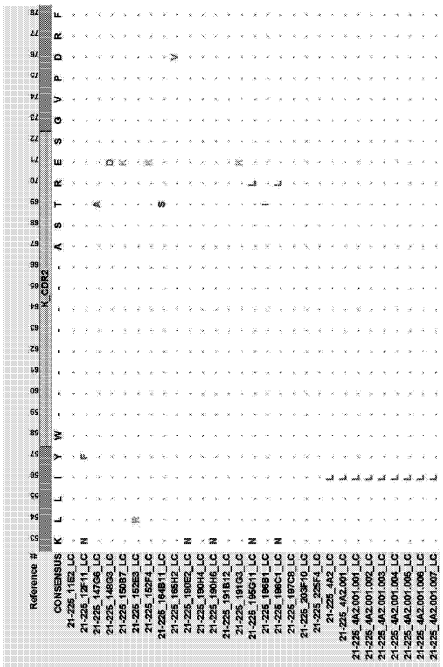
【図５７－８３９】



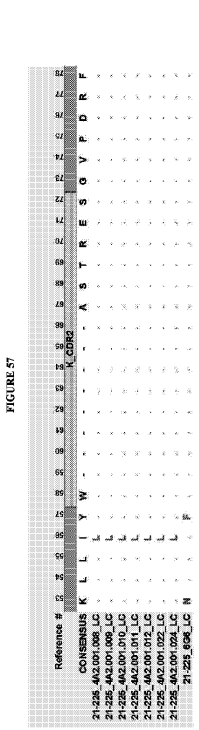
【図５７－８４０】



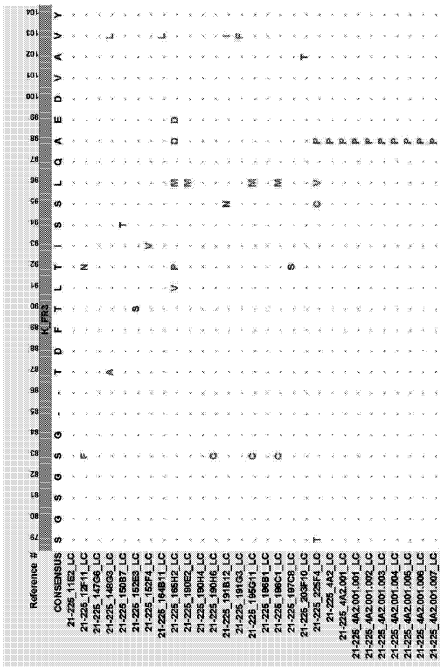
【図５７－８４１】



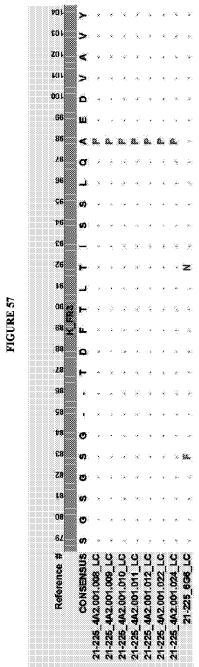
【図５７－８４２】



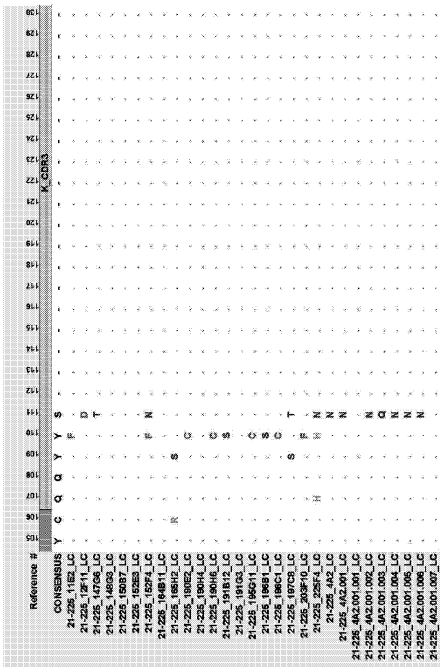
【図５７－８４３】



【図５７－８４４】

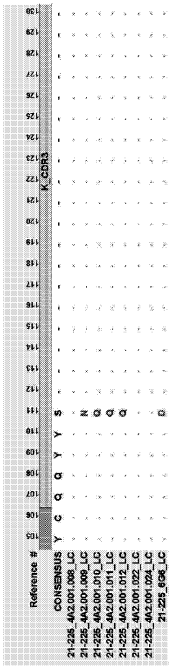


【図５７－８４５】



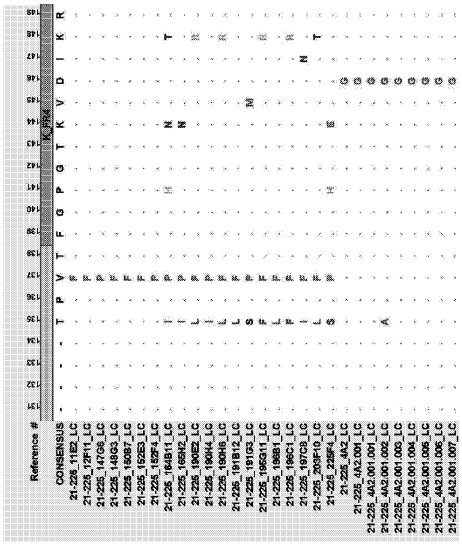
【図５７－８４６】

FIGURE 57



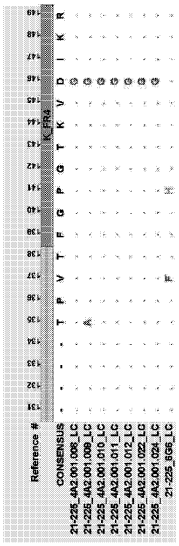
【図５７－８４７】

FIGURE 57



【図５７－８４８】

FIGURE 57



【図５７－８４９】

FIGURE 57

Table 110. Consensus 30 - VL7/7a/JL2 (SEQ ID NO: 50327):

QTVVTQE-PSLTVSPGGTVTLTCASSTGAVTSG---YYPNWFQQKPGQAPRALIYS------TSNKHSWTPARFSGSLLG--

GKAALTLSGVQPEDEAEYYCLLYYG----------GAQLVFGGGTKLTVLG wherein:

A at position 24 can be substituted with V or G

S at position 25 can be substituted with F or L

S at position 26 can be substituted with N

G at position 29 can be substituted with E

A at position 30 can be substituted with S or T

G at position 34 can be substituted with A

Y at position 39 can be substituted with S, N or F

Y at position 40 can be substituted with F

N at position 42 can be substituted with S or Q

S at position 58 can be substituted with H or N

S at position 68 can be substituted with N, D, I or T

K at position 70 can be substituted with R

L at position 107 can be substituted with M

L at position 108 can be substituted with I or F

Y at position 109 can be substituted with F

Y at position 110 can be substituted with C, F or S

G at position 111 can be substituted with D

A at position 135 can be substituted with V

【図５７－８５０】

FIGURE 57

Q at position 136 can be substituted with H

L at position 137 can be substituted with V or M

V at position 138 can be substituted with A, I, G or M

Xaa Xaa Xaa Thr Xaa Xaa Val Thr Ser Xaa Xaa Xaa Pro Xaa (SEQ ID NO: 50165)

Xaa Thr Xaa Asn Xaa His Ser (SEQ ID NO: 50166)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50167)

Ala Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn (SEQ ID NO: 50651)

Ser Thr Ser Asn Lys His Ser (SEQ ID NO: 50652)

Leu Leu Tyr Tyr Gly Gly Ala Gln Leu Val (SEQ ID NO: 50653)

【図５７－８５１】

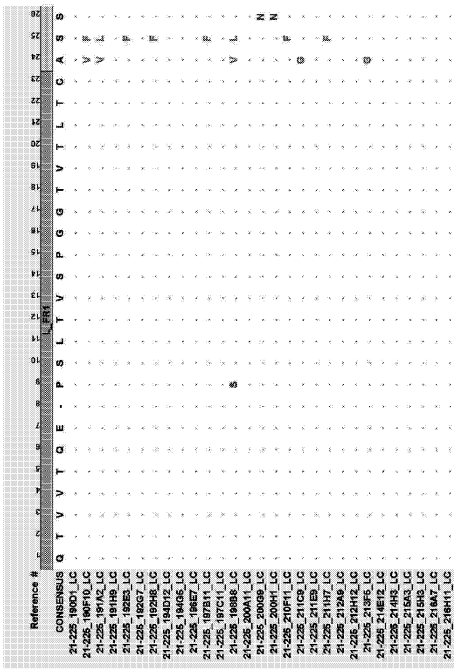


FIGURE 57

【図５７－８５２】

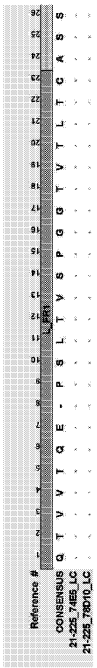


FIGURE 57

【図５７－８５３】

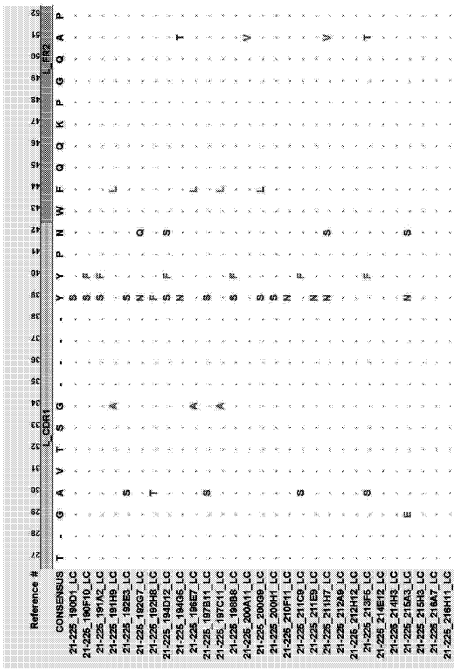
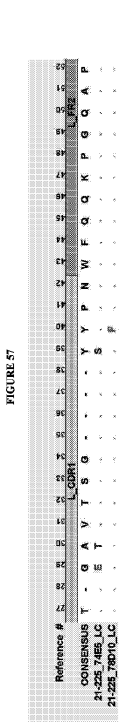
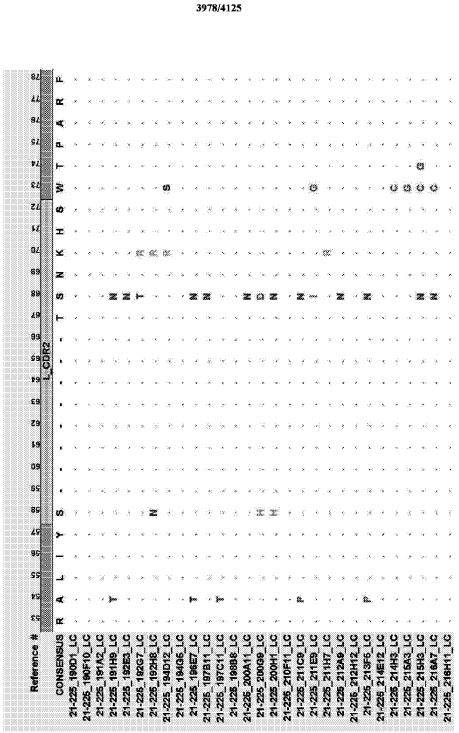


FIGURE 57

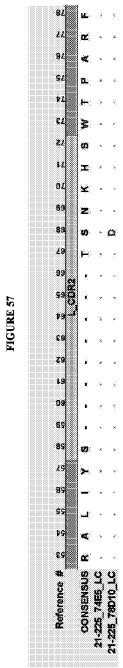
【図５７－８５４】



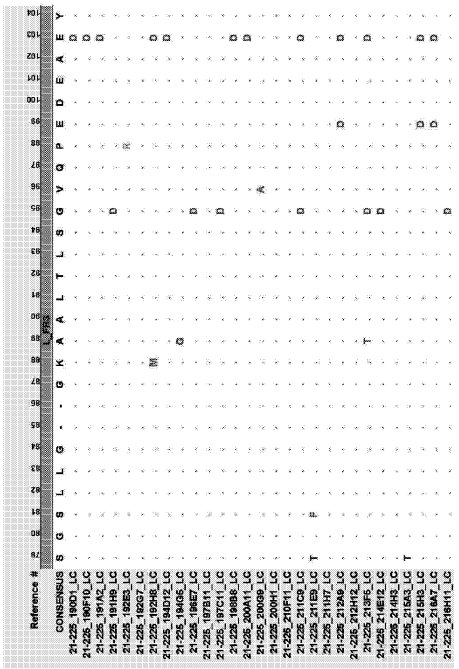
【図５７－８５５】



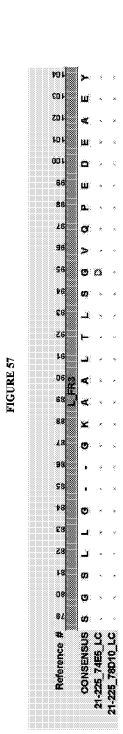
【図５７－８５６】



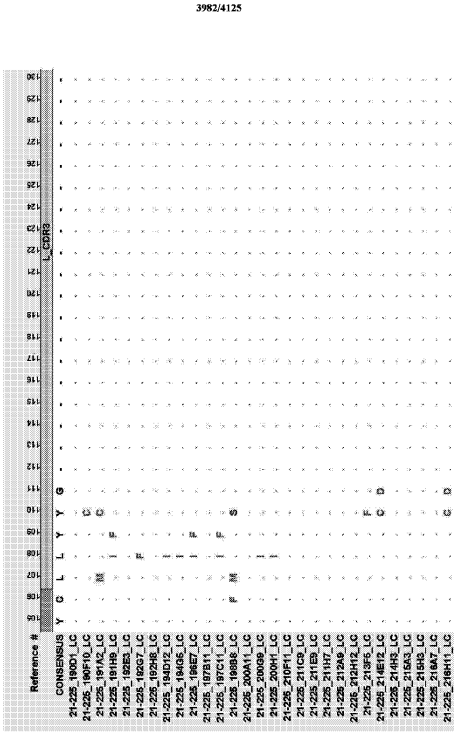
【図５７－８５７】



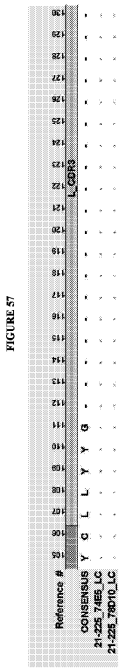
【図５７－８５８】



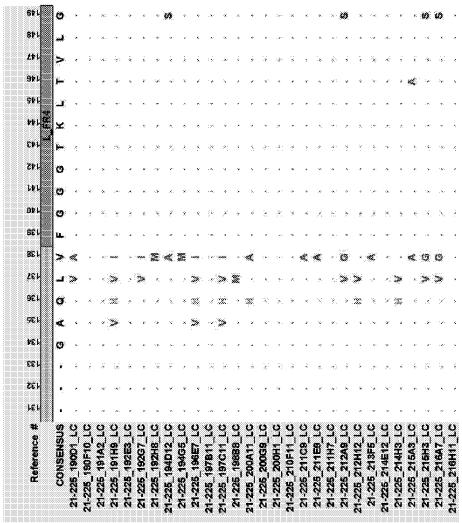
【図５７－８５９】



【図５７－８６０】

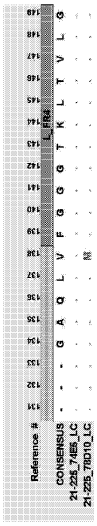


【図５７－８６１】



【図５７－８６２】

FIGURE 57



【図５７－８６３】

FIGURE 57

Table 111. Consensus 31 - VK3JL2/JK2 (SEQ ID NO: 50328):

EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRAS--QSVX------SNLAWYQQKPGQAPRLLIYG------AST[RA]TGIPARFSGSGSG--
TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYND----------WPCSFGQGTKLEIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with S

Q at position 29 can be substituted with L, M or V

S at position 30 can be substituted with N, D, R or T

V at position 31 can be substituted with I

N at position 32 can be substituted with K, S, V, A, I or L

S at position 39 can be substituted with N or T

N at position 40 can be substituted with S or Y

G at position 58 can be substituted with L, F or V

A at position 67 can be substituted with T

T at position 69 can be substituted with I

Q at position 108 can be substituted with E

Y at position 109 can be substituted with F

N at position 110 can be substituted with Y or D

D at position 111 can be substituted with N

Null (-) at position 134 can be substituted with W

W at position 135 can be substituted with P

P at position 136 can be substituted with L or M

【図５７－８６４】

FIGURE 57

Arg Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Ala (SEQ ID NO: 50168)

Xaa Xaa Ser Xaa Arg Ala Thr (SEQ ID NO: 50169)

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Ser (SEQ ID NO: 50170)

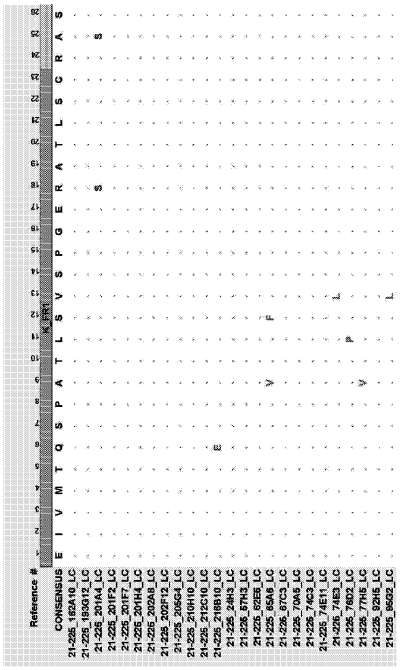
Arg Ala Ser Gln Ser Val Asn Ser Asn Leu Ala (SEQ ID NO: 50654)

Gly Ala Ser Thr Arg Ala Thr (SEQ ID NO: 50655)

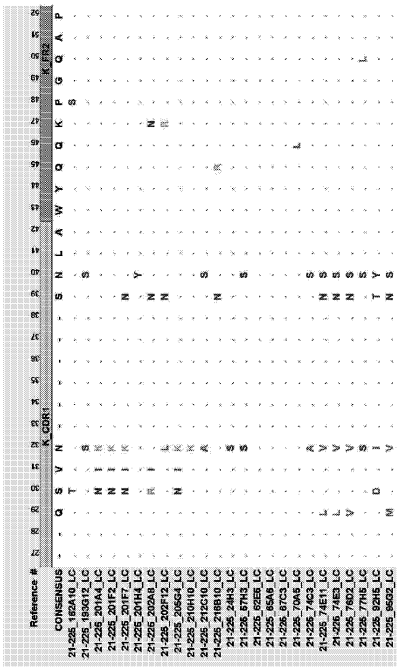
Gln Gln Tyr Asn Asp Trp Pro Cys Ser (SEQ ID NO: 50656)

【図５７－８６５】

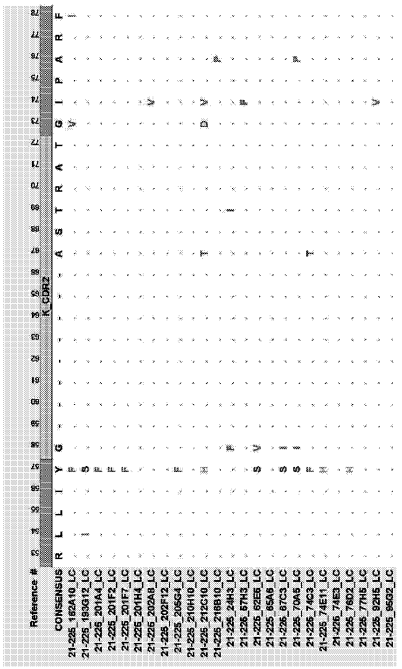
FIGURE 57



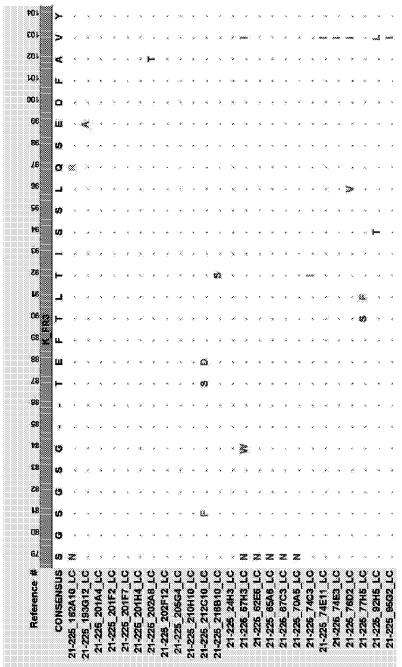
【図５７－８６６】



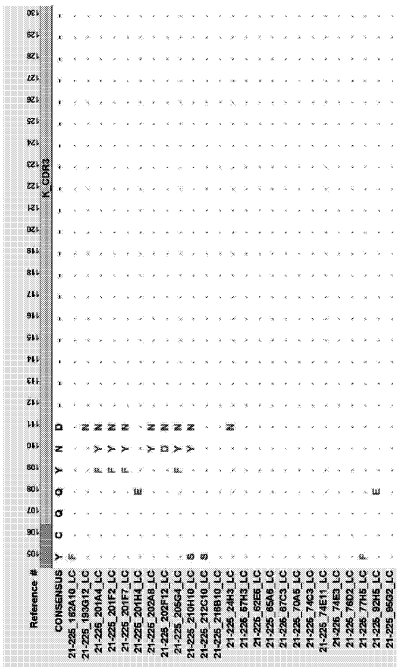
【図５７－８６７】



【図５７－８６８】

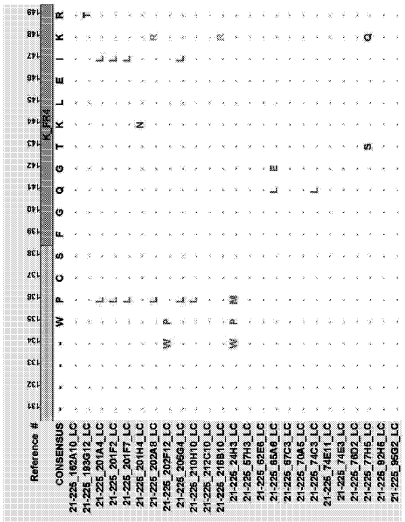


【図５７－８６９】



【図５７－８７０】

FIGURE 57



【図５７－８７１】

FIGURE 57

Table 112. Consensus 32 - VK3JA27/JK4 (SEQ ID NO: 50329):

EFMLTQSPGTLSLSPGERATLSCRAS--QSVSS------SYLVWYQQKPGQAPRLLIYG----------ASTRATGIPDRFSGSGSG--
TDFTLTISRLEPEYFAVYYCQQYGC-----------------SPLTFGGGTKVEITR wherein:

A at position 25 can be substituted with S

Q at position 29 can be substituted with E

S at position 30 can be substituted with R

V at position 31 can be substituted with I

S at position 32 can be substituted with T

S at position 33 can be substituted with T

S at position 39 can be substituted with N

Y at position 40 can be substituted with A

V at position 42 can be substituted with S

T at position 69 can be substituted with S

T at position 72 can be substituted with S or I

G at position 110 can be substituted with V

C at position 111 can be substituted with N or S

P at position 136 can be substituted with L

Arg Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50171)

Gly Ala Ser Xaa Arg Ala Xaa (SEQ ID NO: 50172)

【図５７－８７２】

FIGURE 57

Gln Gln Tyr Xaa Xaa Ser Xaa Leu Thr (SEQ ID NO: 50173)

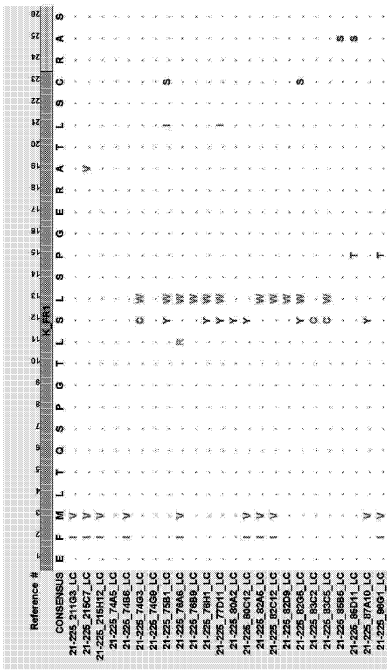
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr Leu Val (SEQ ID NO: 50657)

Gly Ala Ser Thr Arg Ala Thr (SEQ ID NO: 50658)

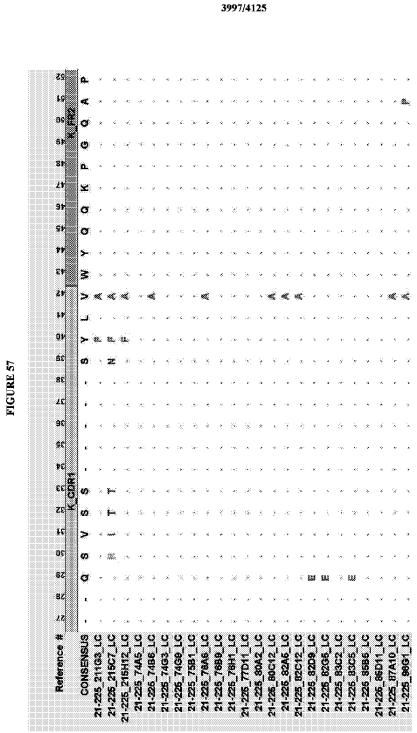
Gln Gln Tyr Gly Cys Ser Pro Leu Thr (SEQ ID NO: 50659)

【図５７－８７３】

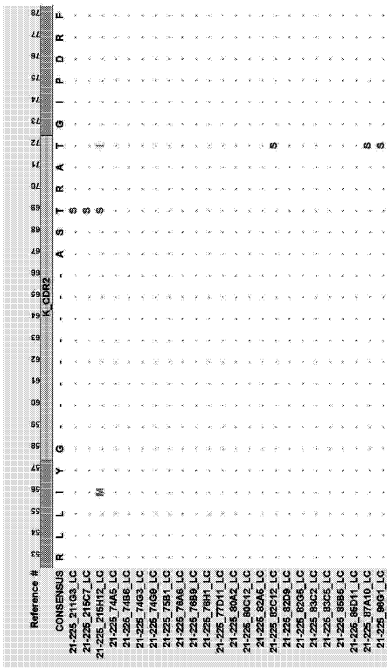
FIGURE 57



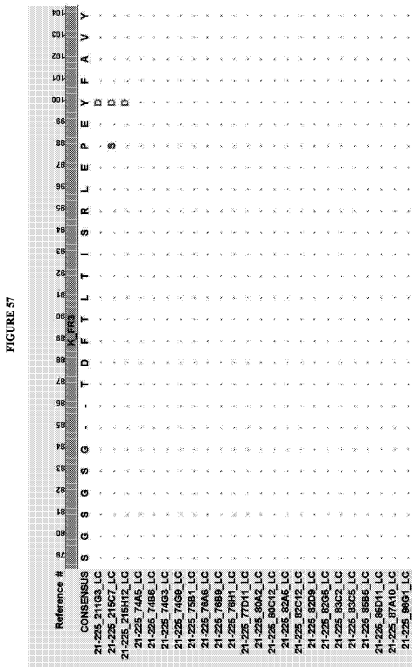
【図５７－８７４】



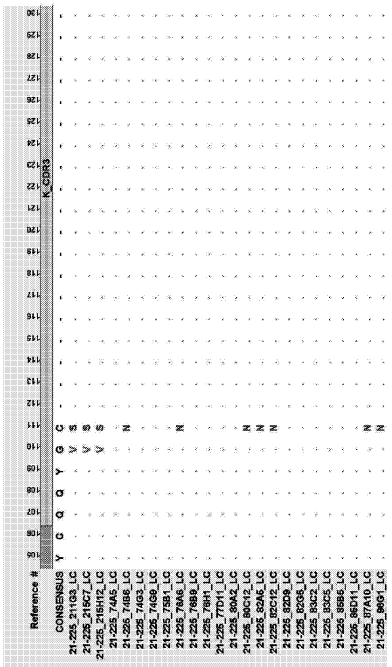
【図５７－８７５】



【図５７－８７６】

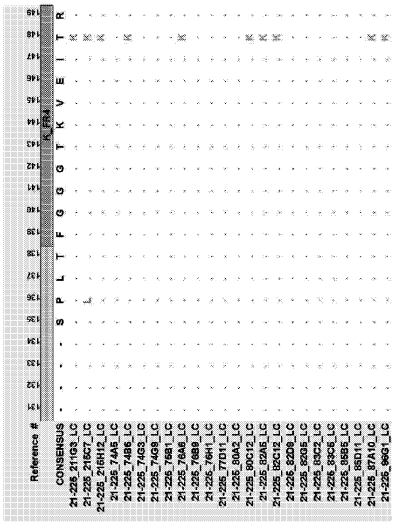


【図５７－８７７】



【図５７－８７８】

FIGURE 57



【図５７－８７９】

FIGURE 57

Table 113. Consensus 33 - VK2JA18/JK4 (SEQ ID NO: 50330):

DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSS--QSLLHSE-GKTYLYWYLQKPGQPPQLLIYE--------YSNRFSGVPDRFSGSGSG--
TDFTLKISRVEAEDVGVYYYCMQSIQ--------------LPLTFGGGTKVEIKR wherein:

S at position 30 can be substituted with T

L at position 32 can be substituted with Q

H at position 33 can be substituted with R

S at position 34 can be substituted with G

E at position 35 can be substituted with D

K at position 38 can be substituted with R

Y at position 40 can be substituted with H or F

Y at position 42 can be substituted with N

V at position 67 can be substituted with I

N at position 69 can be substituted with Y or H

F at position 71 can be substituted with I, V or L

M at position 107 can be substituted with F

Q at position 108 can be substituted with H

S at position 109 can be substituted with G or N

I at position 110 can be substituted with K or T

Q at position 111 can be substituted with null (-), K or H

【図５７－８８０】

FIGURE 57

L at position 135 can be substituted with Q, Y, F or H

P at position 136 can be substituted with L or V

L at position 137 can be substituted with F or P

T at position 138 can be substituted with P or S

Lys Ser Ser Gln Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Thr Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50174)

Glu Xaa Ser Xaa Arg Xaa Ser (SEQ ID NO: 50175)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50176)

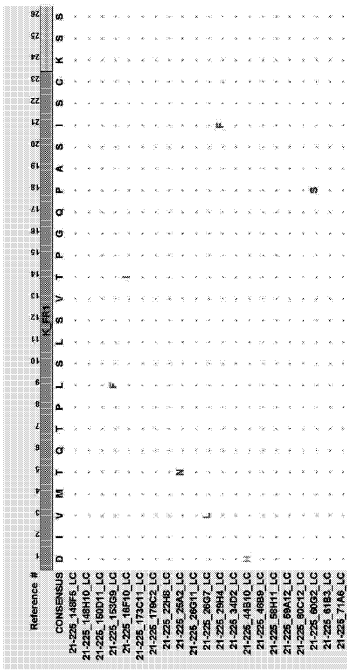
Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser Glu Gly Lys Thr Tyr Leu Tyr (SEQ ID NO: 50660)

Glu Val Ser Asn Arg Phe Ser (SEQ ID NO: 50661)

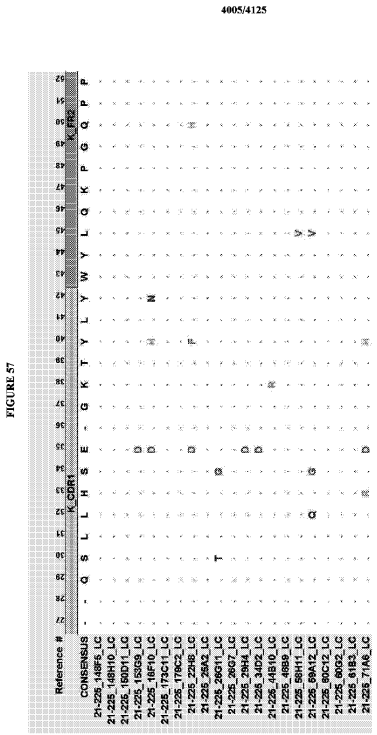
Met Gln Ser Ile Glu Leu Pro Leu Thr (SEQ ID NO: 50662)

【図５７－８８１】

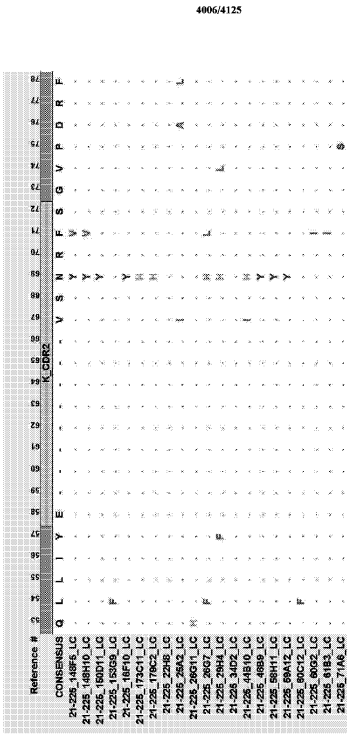
FIGURE 57



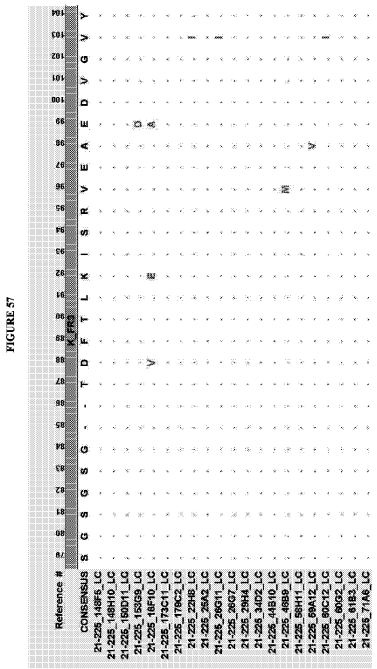
【図５７－８８２】



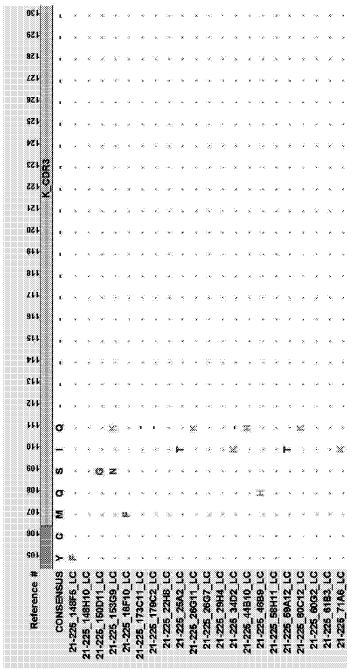
【図５７－８８３】



【図５７－８８４】

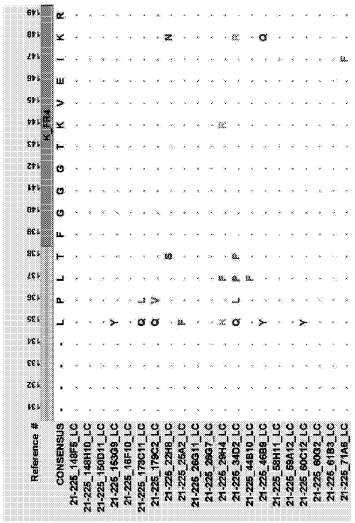


【図５７－８８５】



【図５７－８８６】

FIGURE 57



【図５７－８８７】

FIGURE 57

Table 114. Consensus 34 - VL2/2a2/3L3b (SEQ ID NO: 50331):

QSALTQP-ASVSGSPGQSITISCTGTS-SDVGGY----NYVSWYQQHPGKAPKLMIYE------VSNRPSGVSNRFSGSKSG--
NTASLTISGLQAEDEADYYCNSYTR----------STWVFGGGTKLTVLG wherein:

V at position 31 can be substituted with I

G at position 33 can be substituted with S

Y at position 40 can be substituted with F

S at position 68 can be substituted with R

N at position 107 can be substituted with G, C or S

T at position 110 can be substituted with V or K

R at position 111 can be substituted with S or K

S at position 134 can be substituted with G, N or R

I at position 135 can be substituted with S or Y

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Xaa Gly Xaa Tyr Asn Xaa Val Ser (SEQ ID NO: 50177)

Glu Val Xaa Asn Arg Pro Ser (SEQ ID NO: 50178)

Xaa Ser Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Thr Trp Val (SEQ ID NO: 50179)

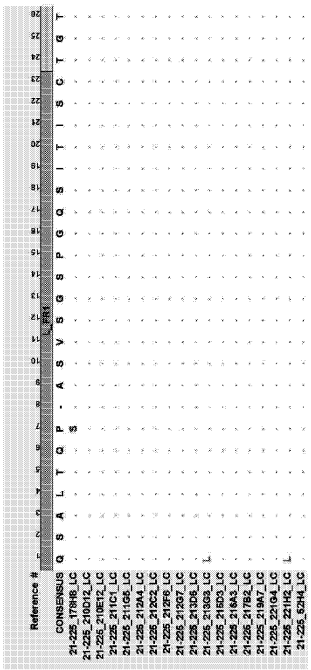
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser (SEQ ID NO: 50663)

Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser (SEQ ID NO: 50664)

Asn Ser Tyr Thr Arg Ser Ile Thr Trp Val (SEQ ID NO: 50665)

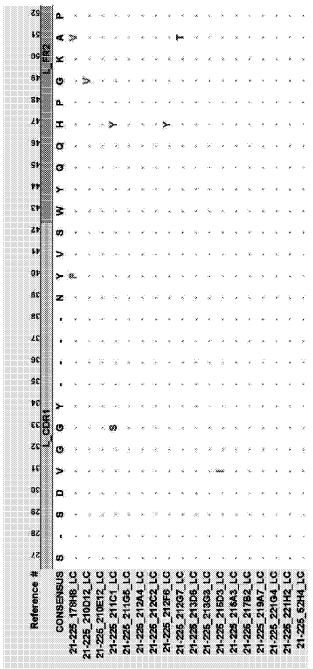
【図５７－８８８】

FIGURE 57

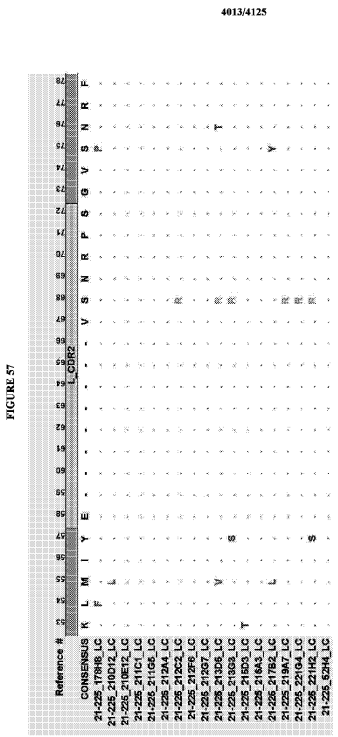


【図５７－８８９】

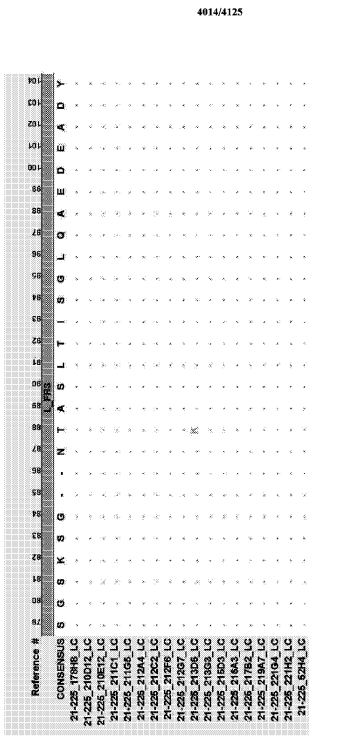
FIGURE 57



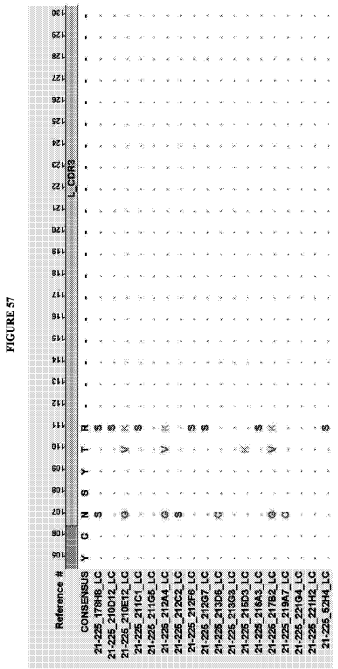
【図５７－８９０】



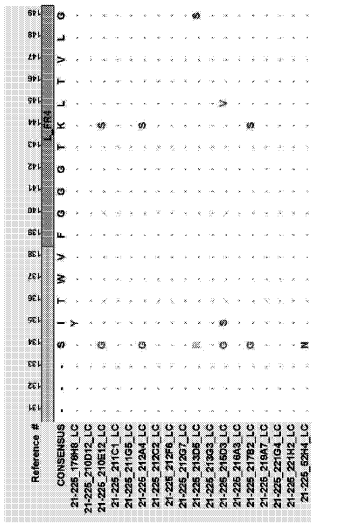
【図５７－８９１】



【図５７－８９２】



【図５７－８９３】



【図５７－８９４】

FIGURE 57

Table 115. Consensus 35 - VK1|O12/JK1 (SEQ ID NO: 50332):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QSIS-------NYLNWYQQKPGKAPKLLIYA-------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYS-----------------TPTWTFGQGTKVEIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with S

Q at position 29 can be substituted with H or R

S at position 30 can be substituted with N, T or H

S at position 32 can be substituted with N, G or T

N at position 39 can be substituted with S or R

Y at position 40 can be substituted with F

A at position 58 can be substituted with T, S or V

A at position 67 can be substituted with T, E or V

S at position 68 can be substituted with L

S at position 69 can be substituted with N

Q at position 71 can be substituted with H

S at position 72 can be substituted with I

S at position 109 can be substituted with G or T

S at position 111 can be substituted with T, N or R

T at position 134 can be substituted with S or null (-)

P at position 135 can be substituted with I

T at position 136 can be substituted with P, Q or L

【図５７－８９５】

FIGURE 57

Arg Xaa Ser Xaa Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Leu Asn (SEQ ID NO: 50180)

Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50181)

Gln Gln Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Thr (SEQ ID NO: 50182)

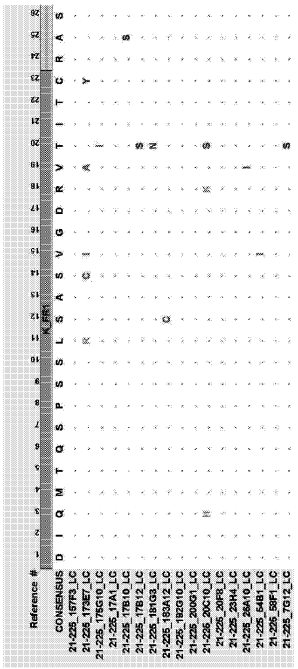
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Asn Tyr Leu Asn (SEQ ID NO: 50666)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50667)

Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Thr Trp Thr (SEQ ID NO: 50668)

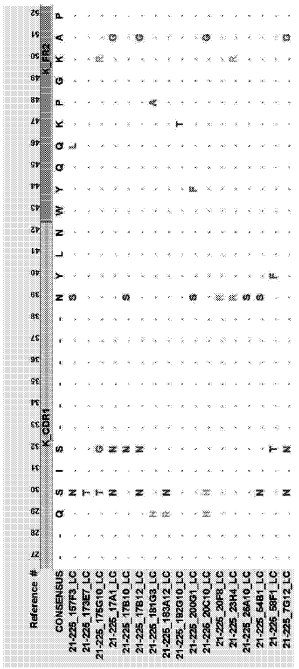
【図５７－８９６】

FIGURE 57

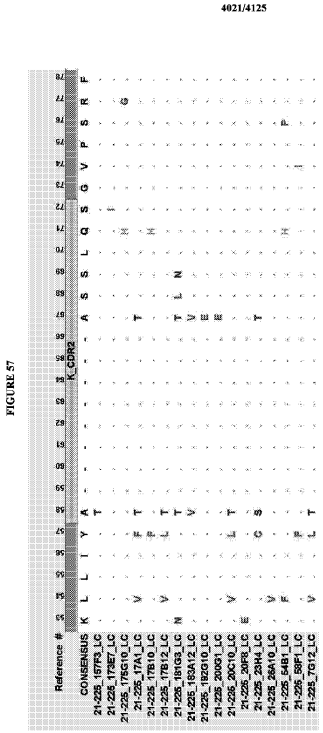


【図５７－８９７】

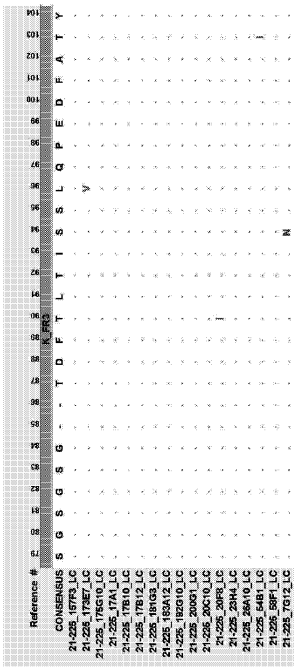
FIGURE 57



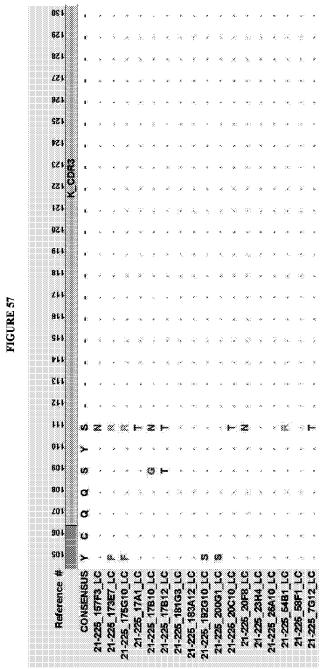
【図５７－８９８】



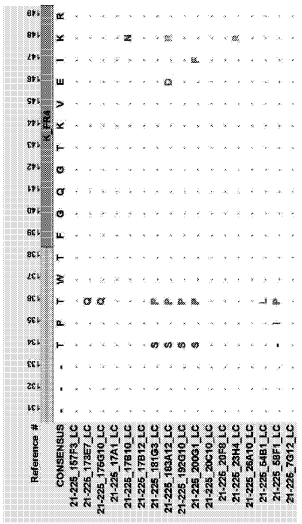
【図５７－８９９】



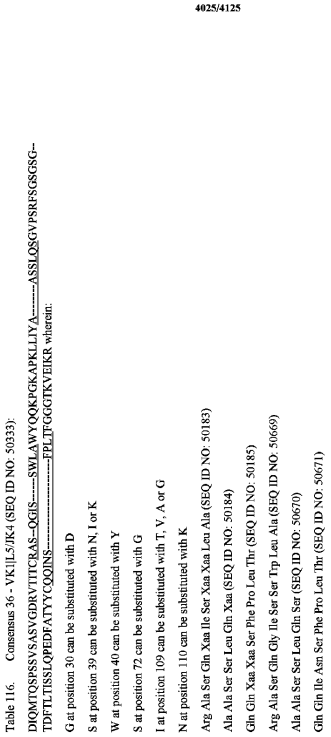
【図５７－９００】



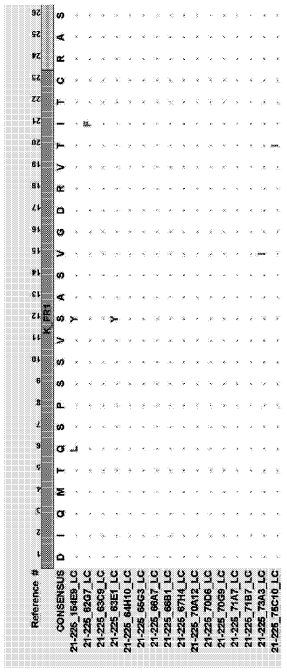
【図５７－９０１】



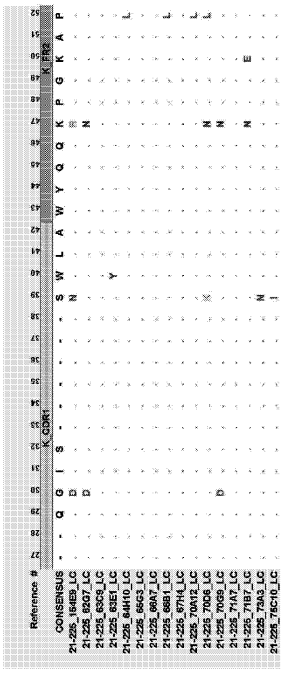
【図５７－９０２】



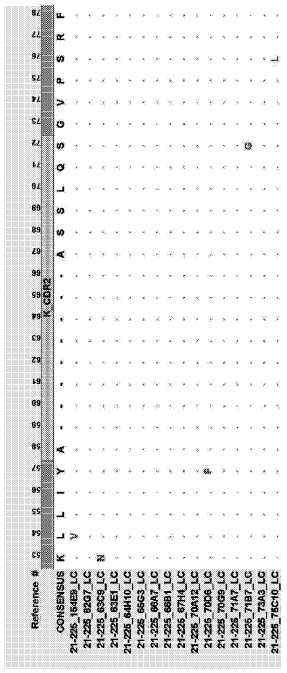
【図５７－９０３】



【図５７－９０４】

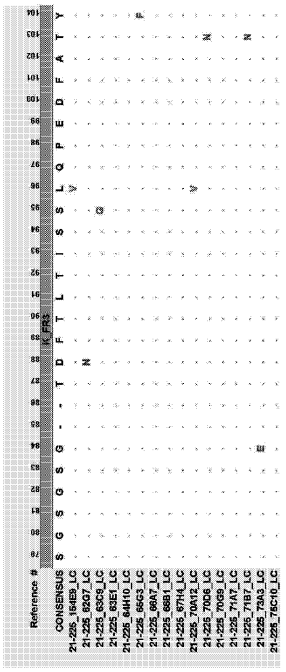


【図５７－９０５】



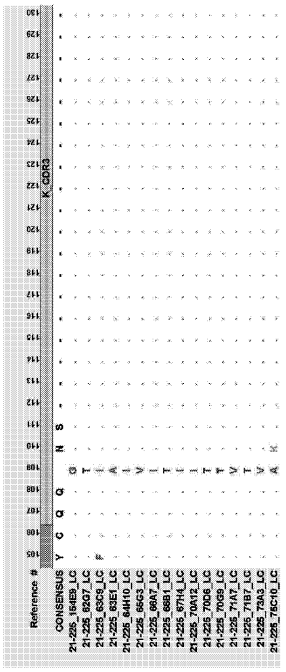
【図５７－９０６】

FIGURE 57



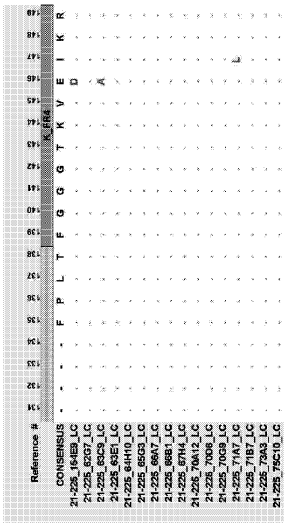
【図５７－９０７】

FIGURE 57



【図５７－９０８】

FIGURE 57



【図５７－９０９】

FIGURE 57

Table 117. Consensus 37 - VK1|O18/JK5 (SEQ ID NO: 50334):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQAS--QDIN------NYLNWYQQKPGKAPKLLIYD--------ASNLETGVPSRFSGSGSG--
TDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYDN----------LPITFGQGTRLEIKR wherein:

S at position 26 can be substituted with N

D at position 30 can be substituted with Y

N at position 32 can be substituted with S, T, F or Y

N at position 39 can be substituted with D

Y at position 40 can be substituted with F

A at position 67 can be substituted with G

N at position 69 can be substituted with T, D or S

Y at position 109 can be substituted with F

D at position 110 can be substituted with E

N at position 111 can be substituted with null (-) or I

L at position 135 can be substituted with N or V

P at position 136 can be substituted with L

Gln Ala Xaa Gln Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Leu Asn (SEQ ID NO: 50186)

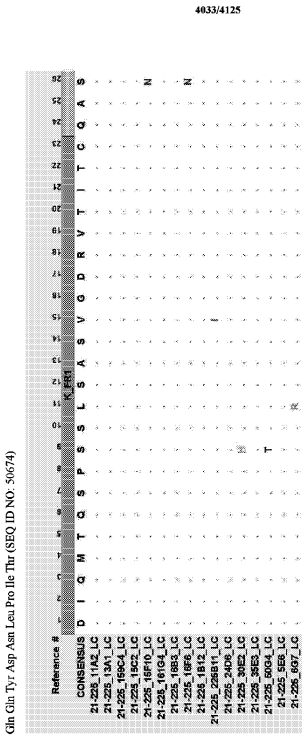
Asp Xaa Ser Xaa Leu Glu Thr (SEQ ID NO: 50187)

Gln Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ile Thr (SEQ ID NO: 50188)

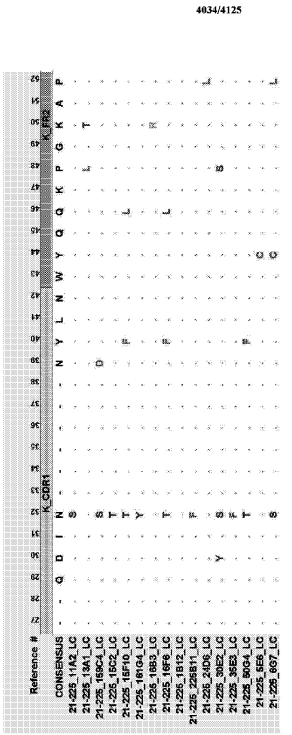
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Asn Asn Tyr Leu Asn (SEQ ID NO: 50672)

Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr (SEQ ID NO: 50673)

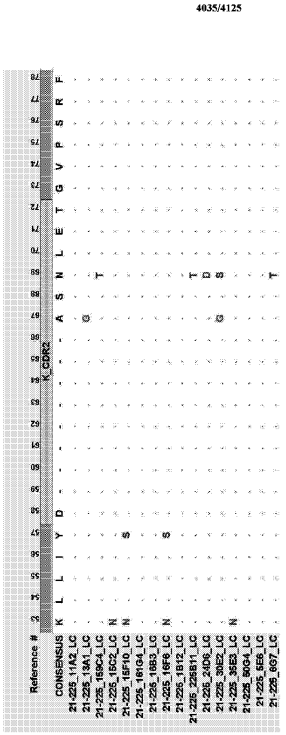
【図５７－９１０】



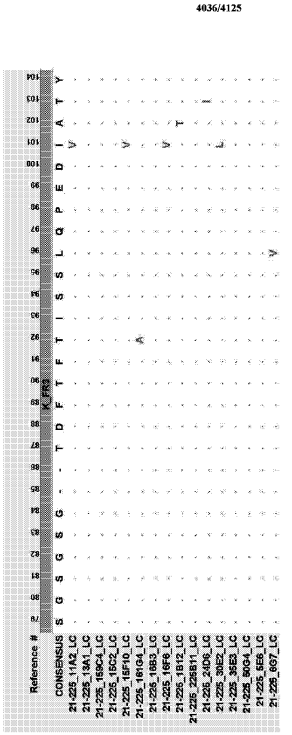
【図５７－９１１】



【図５７－９１２】

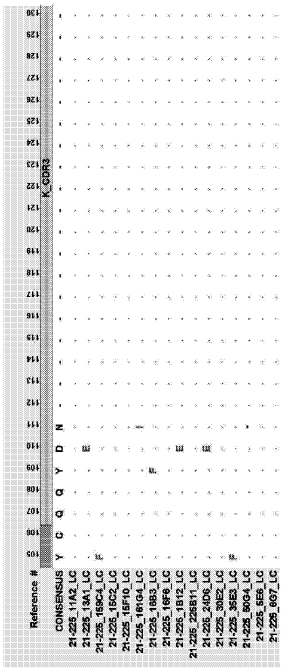


【図５７－９１３】



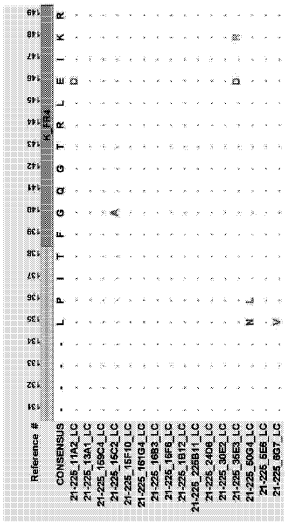
【図５７－９１４】

FIGURE 57



【図５７－９１５】

FIGURE 57



【図５７－９１６】

FIGURE 57

Table 118 Consensus 38 - VL1/1b/JL2 (SEQ ID NO: 50335):

QSVLTQP-PSVSAAPGQKVTISCSGSS-SNIGN------NYVSWYQQLPGTAPKLLIYD--------NNKRPSGIPDRFSGSKSG--
TSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSS-----------------LSVGVFGGGTKLTVLG wherein:

I at position 31 can be substituted with L

N at position 33 can be substituted with S

N at position 39 can be substituted with H or K

Y at position 40 can be substituted with F

V at position 41 can be substituted with L

N at position 67 can be substituted with S

N at position 68 can be substituted with Y or S

T at position 108 can be substituted with A or I

S at position 111 can be substituted with G, I or R

S at position 112 can be substituted with R

S at position 135 can be substituted with N

V at position 136 can be substituted with A or T

G at position 137 can be substituted with V or M

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Ser (SEQ ID NO: 50189)

Asp Xaa Xaa Lys Arg Pro Ser (SEQ ID NO: 50190)

Gly Xaa Trp Asp Xaa Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Val (SEQ ID NO: 50191)

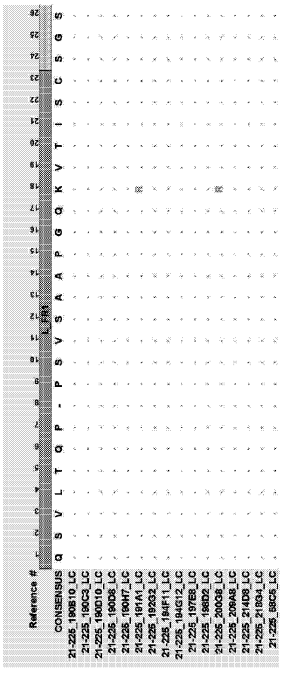
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser (SEQ ID NO: 50675)

【図５７－９１７】

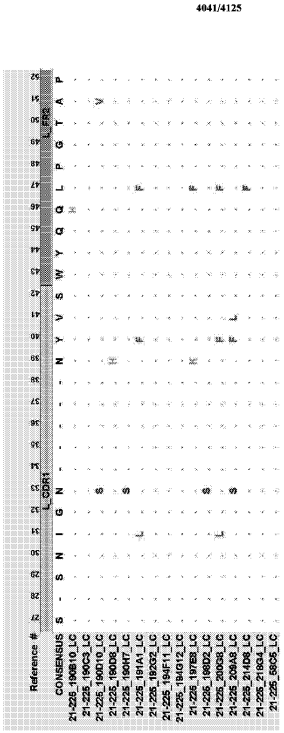
FIGURE 57

Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser (SEQ ID NO: 50676)

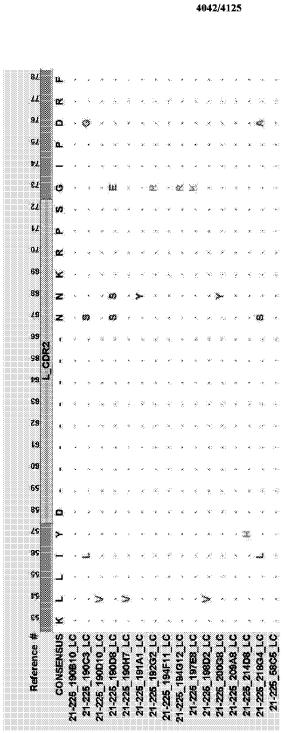
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Val Gly Val (SEQ ID NO: 50677)



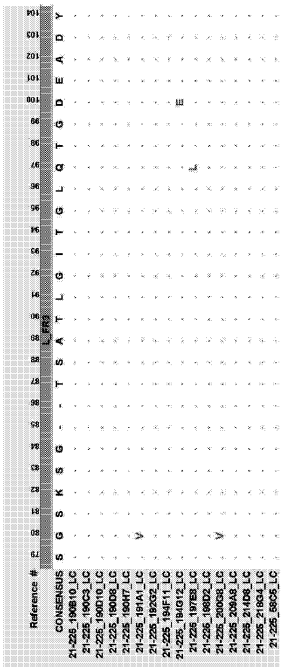
【図５７－９１８】



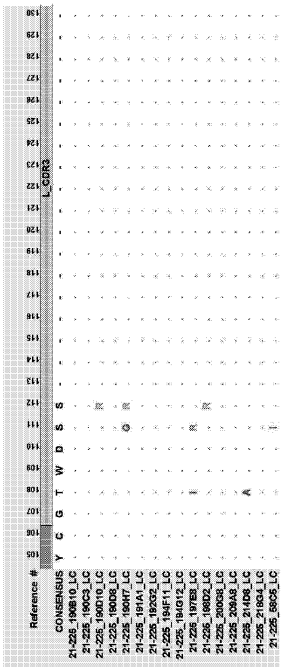
【図５７－９１９】



【図５７－９２０】

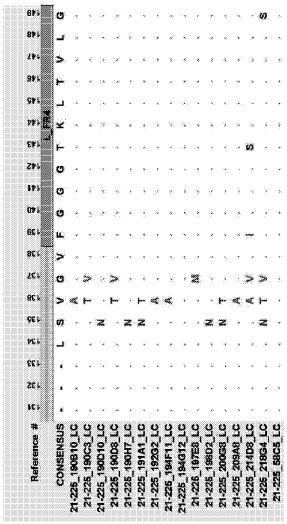


【図５７－９２１】



【図５７－９２２】

FIGURE 57



【図５７－９２３】

FIGURE 57

Table 119. Consensus 39 - VK2/A19/JK4 (SEQ ID NO: 50336):

DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSS--QSLLHSN-GYNYLDWYLQKPGQSPQLLIY[-------]-GSNRASGVPDRFSGSGSG--
TDFTLKISRVEAEDVGVYYC[MQALH]-----------PPLTFGGGTKVEIKR wherein:

S at position 25 can be substituted with Y

L at position 32 can be substituted with V

H at position 33 can be substituted with Y

S at position 34 can be substituted with N or H

N at position 35 can be substituted with S

G at position 37 can be substituted with K or R

Y at position 38 can be substituted with H or N

Y at position 40 can be substituted with H or S

L at position 58 can be substituted with V

N at position 69 can be substituted with H

A at position 109 can be substituted with P, T or V

H at position 111 can be substituted with Q or null (-)

Null (-) at position 134 can be substituted with T

P at position 135 can be substituted with Q, T or I

P at position 136 can be substituted with T

L at position 137 can be substituted with P or F

Arg Xaa Ser Gln Ser Leu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Xaa Leu Asp (SEQ ID NO: 50243)

【図５７－９２４】

FIGURE 57

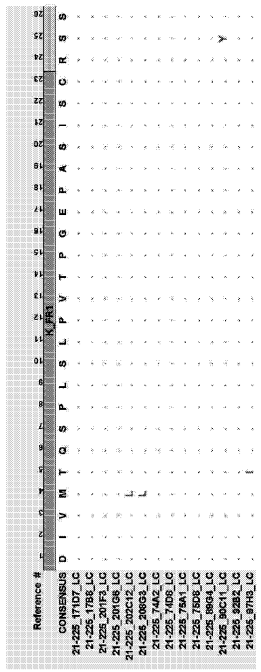
Xaa Gly Ser Xaa Arg Ala Ser (SEQ ID NO: 50244)

Met Gln Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Xaa Thr (SEQ ID NO: 50245)

Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp (SEQ ID NO: 50678)

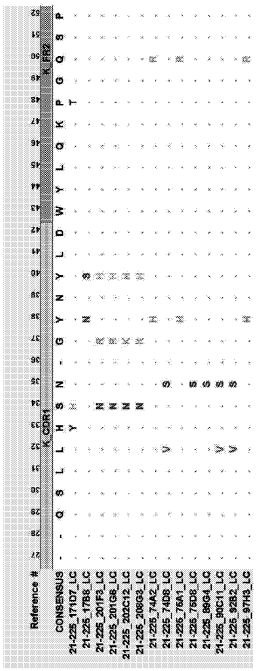
Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser (SEQ ID NO: 50679)

Met Gln Ala Leu His Pro Pro Leu Thr (SEQ ID NO: 50680)

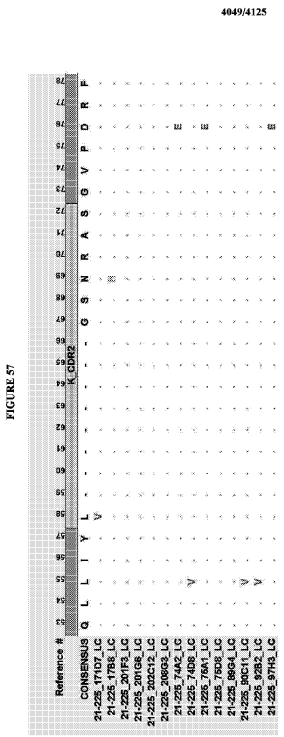


【図５７－９２５】

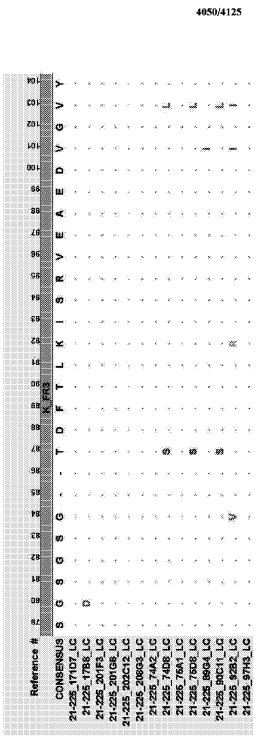
FIGURE 57



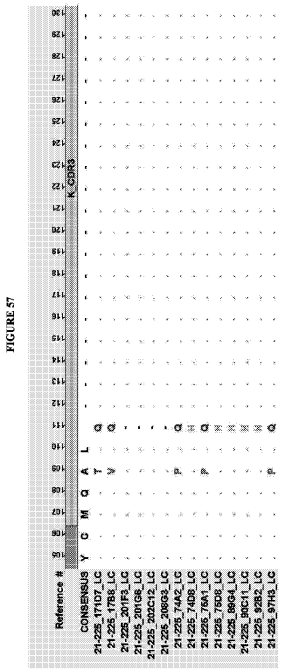
【図５７－９２６】



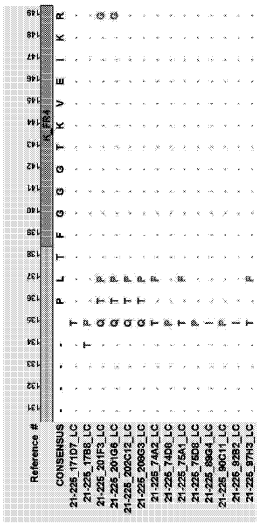
【図５７－９２７】



【図５７－９２８】



【図５７－９２９】



【図５７－９３０】

FIGURE 57

Table 120. Consensus 40 - VL1/1c/JL2 (SEQ ID NO: 50337):

QSVLTQP-PSASGTPGQRVTISCSGSS-SNIGS-----NTVNWYQQLPGTAPKLLIYS-----NNQRPSGVPDRFSGSKSG--
TSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDS-----------LNGVVFGGGTKLTVLG wherein:

S at position 26 can be substituted with T

S at position 27 can be substituted with N

N at position 30 can be substituted with Y

S at position 33 can be substituted with N

N at position 39 can be substituted with Y

T at position 40 can be substituted with A or S

V at position 41 can be substituted with I

N at position 42 can be substituted with D or S

S at position 58 can be substituted with I

N at position 67 can be substituted with S

N at position 68 can be substituted with D or S

Q at position 69 can be substituted with H

A at position 107 can be substituted with E

S at position 112 can be substituted with null (-)

null (-) at position 133 can be substituted with L

L at position 134 can be substituted with N, M or S

N at position 135 can be substituted with G, K or L

【図５７－９３１】

FIGURE 57

G at position 136 can be substituted with H or N

V at position 137 can be substituted with P or G

V at position 138 can be substituted with P

Ser Gly Xaa Xaa Ser Xaa Ile Gly Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50192)

Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Pro Ser (SEQ ID NO: 50193)

Xaa Ala Trp Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50194)

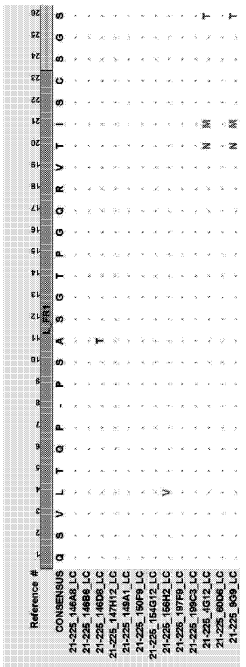
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn (SEQ ID NO: 50681)

Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser (SEQ ID NO: 50682)

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Val Val (SEQ ID NO: 50683)

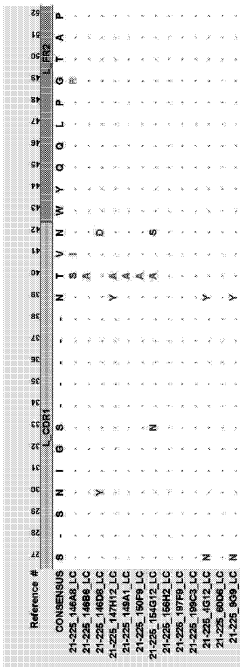
【図５７－９３２】

FIGURE 57

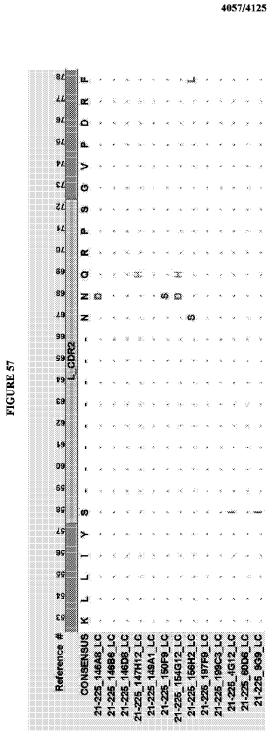


【図５７－９３３】

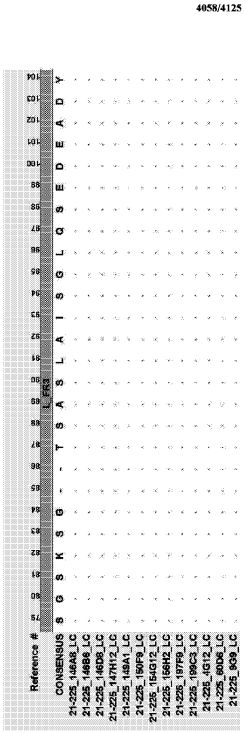
FIGURE 57



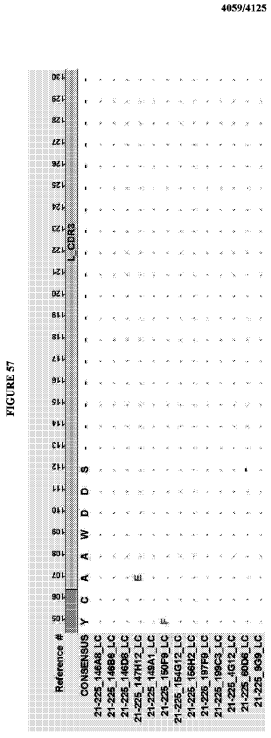
【図５７－９３４】



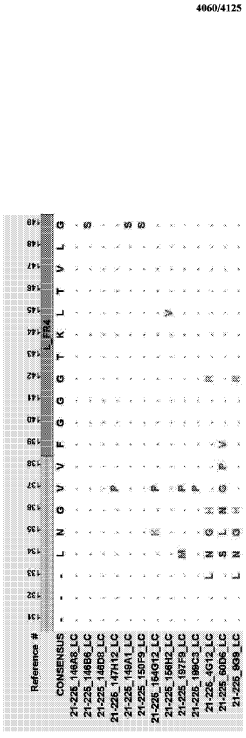
【図５７－９３５】



【図５７－９３６】



【図５７－９３７】



【図５７－９３８】

FIGURE 57

Table 121. Consensus 41 - VL1[1c/JL3b (SEQ ID NO: 50338):

QSVLTQP-PSASGTPGQRVTISCSGSS-SNIGS------NIVTWYQQLPGTAPKLLIYS------NDQRPSGVPDRFSGSKSG--
TSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDS------------LNGWVFGGGTTLTVLG wherein:

S at position 27 can be substituted with N or C

S at position 33 can be substituted with N

N at position 39 can be substituted with H

I at position 40 can be substituted with T

T at position 42 can be substituted with N

S at position 58 can be substituted with G, N or V

D at position 68 can be substituted with K, N or Y

A at position 107 can be substituted with T

A at position 108 can be substituted with T or V

N at position 135 can be substituted with I or S

G at position 136 can be substituted with D or V

Ser Gly Ser Xaa Ser Asn Ile Gly Xaa Xaa Val Xaa (SEQ ID NO: 50195)

Xaa Asn Xaa Gln Arg Pro Ser (SEQ ID NO: 50196)

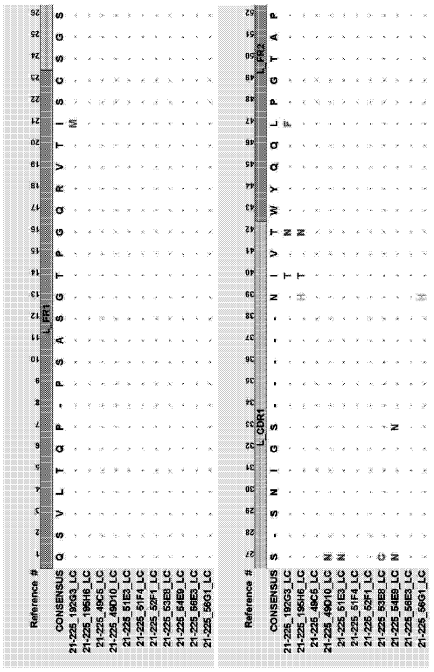
Xaa Xaa Trp Asp Asp Ser Leu Xaa Xaa Trp Val (SEQ ID NO: 50197)

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Ile Val Thr (SEQ ID NO: 50684)

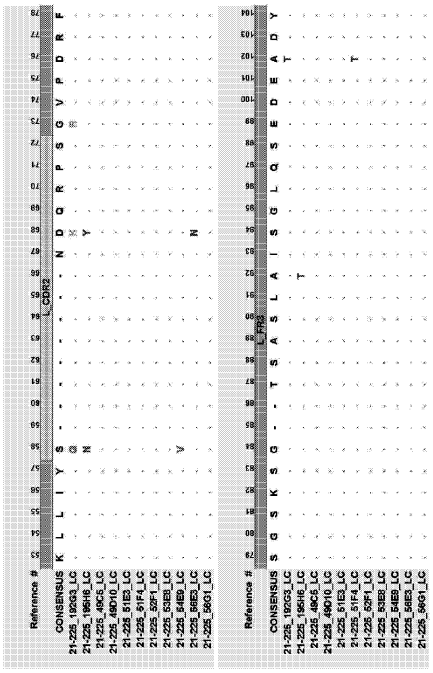
Ser Asn Asp Gln Arg Pro Ser (SEQ ID NO: 50685)

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val (SEQ ID NO: 50686)

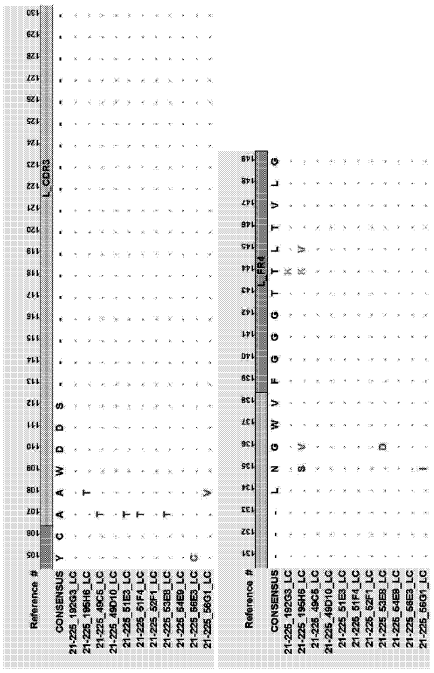
【図５７－９３９】



【図５７－９４０】



【図５７－９４１】



【図５７－９４２】

FIGURE 57

Table 122. Consensus 42 - VK1|A30/JK5 (SEQ ID NO: 50339):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QGIR-----NDLGWYQQKPGKAPKRLIYA-----ASSLQSGVPSRFSGSGSG--
TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNS-----YPITFGQGTRLEIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with T

G at position 30 can be substituted with D or R

I at position 31 can be substituted with V

N at position 39 can be substituted with S

A at position 58 can be substituted with D, I or T

S at position 69 can be substituted with N

Q at position 71 can be substituted with E, F or L

L at position 107 can be substituted with I

Q at position 108 can be substituted with H

H at position 109 can be substituted with Y

N a position 110 can be substituted with H or S

S at position 111 can be substituted with N

null (-) at position 134 can be substituted with Y

Y at position 135 can be substituted with L, F or P

I at position 137 can be substituted with P or L

Arg Xaa Ser Gln Xaa Xaa Arg Xaa Asp Leu Gly (SEQ ID NO. 50198)

【図５７－９４３】

FIGURE 57

Xaa Ala Ser Xaa Leu Xaa Ser (SEQ ID NO. 50199)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Thr (SEQ ID NO. 50200)

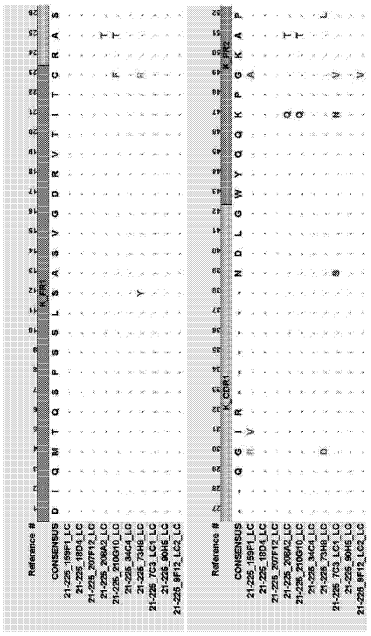
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Asp Leu Gly (SEQ ID NO: 50687)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50688)

Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Ile Thr (SEQ ID NO. 50689)

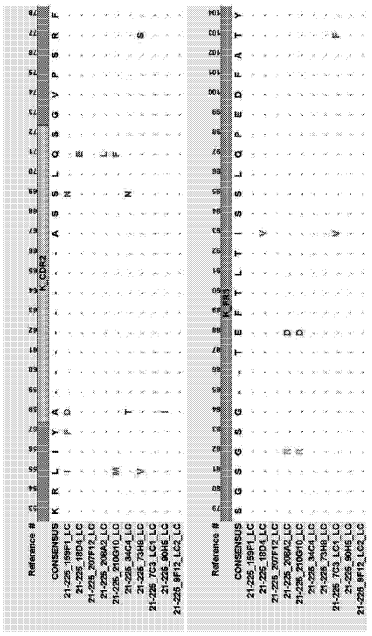
【図５７－９４４】

FIGURE 57



【図５７－９４５】

FIGURE 57



【図５７－９４６】

FIGURE 57

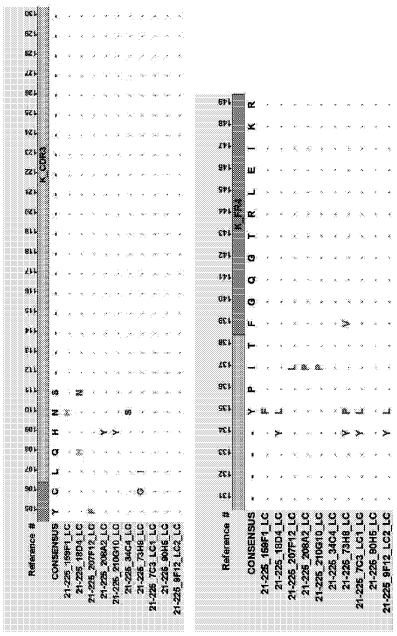


Table 123. Consensus 43 - VK1|O12/JK5 (SEQ ID NO: 50340):

【図５７－９４７】

FIGURE 57

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC[RAS--QSIS------SYLNWYQQKPGKAPKLLIY]A[--------ASSLQS]GVPSRFSGSGSG--
TDFTLTISSLQPEDFATYYC[QQSYS------------]PITFGQGTRLEIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with T

S at position 30 can be substituted with N or Y

I at position 31 can be substituted with S or F

S at position 32 can be substituted with F, N, R or T

S at position 39 can be substituted with D, G or R

L at position 41 can be substituted with S

N at position 42 can be substituted with S

A at position 58 can be substituted with D, G or S

A at position 67 can be substituted with T

S at position 68 can be substituted with Y

S at position 69 can be substituted with T

L at position 70 can be substituted with F

Q at position 71 can be substituted with E or K

S at position 72 can be substituted with T

Q at position 107 can be substituted with H

Q at position 108 can be substituted with E

S at position 109 can be substituted with T

Y at position 110 can be substituted with F

【図５７－９４８】

FIGURE 57

S at position 111 can be substituted with G or N

I at position 135 can be substituted with T, L, N or S

P at position 136 can be substituted with S, R or T

I at position 137 can be substituted with F or P

T at position 138 can be substituted with A

Arg Xaa Ser Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50201)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50202)

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50203)

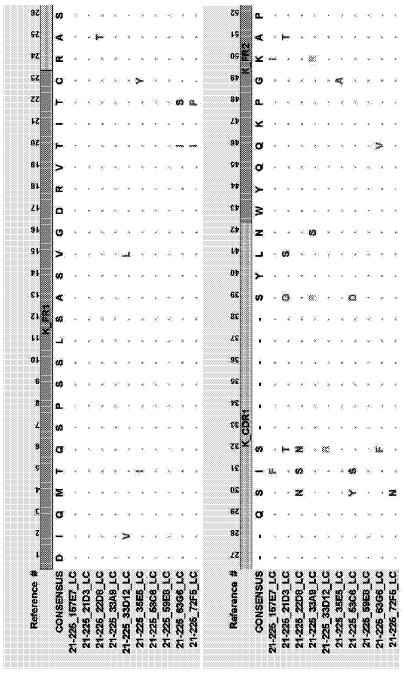
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Asn (SEQ ID NO: 50690)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50691)

Gln Gln Ser Tyr Ser Ile Pro Ile Thr (SEQ ID NO: 50692)

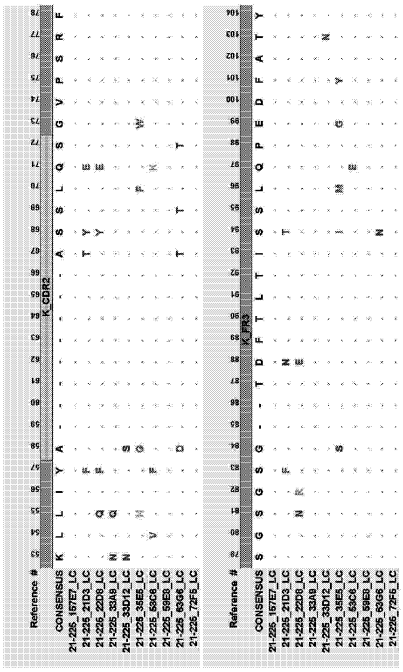
【図５７－９４９】

FIGURE 57



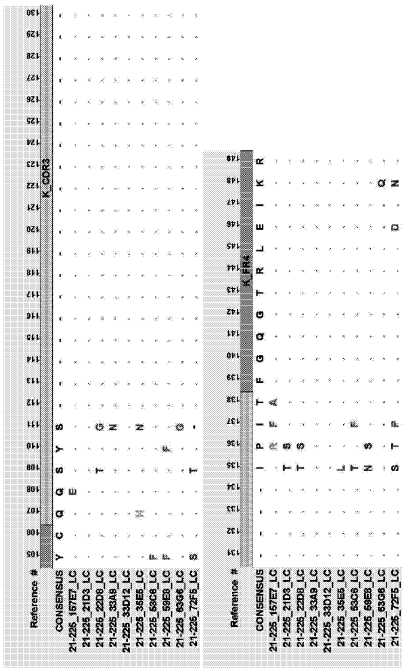
【図５７－９５０】

FIGURE 57



【図５７－９５１】

FIGURE 57



【図５７－９５２】

FIGURE 57

Table 124. Consensus 44 - VK2/A18/JK5 (SEQ ID NO: 50341):

DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSS--QSLLHSE-GKTYLYWYLQKPGQPPQLLIYE------VSNRFSGVPDRFSGSGSG--TDFTLKISRVEAEDVGVYYC<u>MQSIQ</u>----------LPITFGQGTRLEIKR wherein:

K at position 24 can be substituted with R

S at position 25 can be substituted with T

S at position 26 can be substituted with N

S at position 30 can be substituted with I

L at position 31 can be substituted with F

L at position 32 can be substituted with V

S at position 34 can be substituted with N or R

E at position 35 can be substituted with D

K at position 38 can be substituted with R

V at position 67 can be substituted with L

N at position 69 can be substituted with K or H

F at position 71 can be substituted with L or V

M at position 107 can be substituted with I or L

I at position 110 can be substituted with M

Q at position 111 can be substituted with null (-) or L

L at position 135 can be substituted with Y, I or Q

【図５７－９５３】

FIGURE 57

P at position 136 can be substituted with L

T at position 138 can be substituted with I

Xaa Xaa Xaa Gln Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Gly Xaa Thr Tyr Leu Tyr (SEQ ID NO: 50204)

Glu Xaa Ser Xaa Arg Xaa Ser (SEQ ID NO: 50205)

Xaa Gln Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Ile Xaa (SEQ ID NO: 50246)

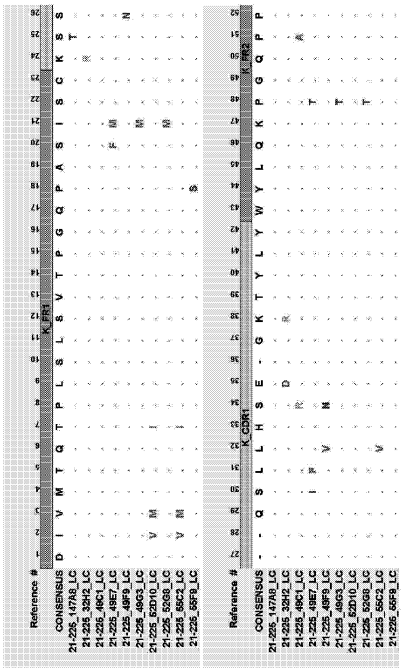
Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser Gly Lys Thr Tyr Leu Tyr (SEQ ID NO: 50693)

Glu Val Ser Asn Arg Phe Ser (SEQ ID NO: 50694)

Met Gln Ser Ile Gln Leu Pro Ile Thr (SEQ ID NO: 50695)

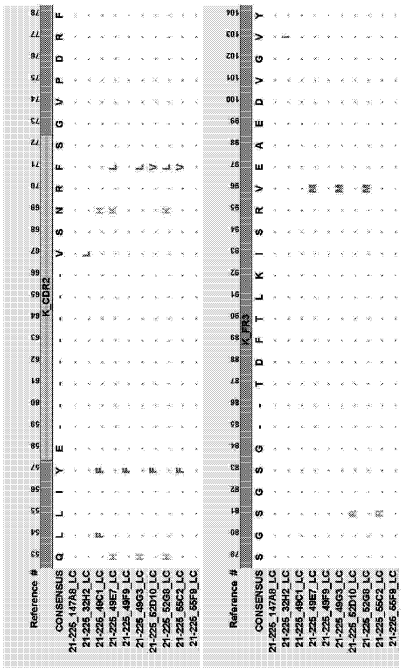
【図５７－９５４】

FIGURE 57



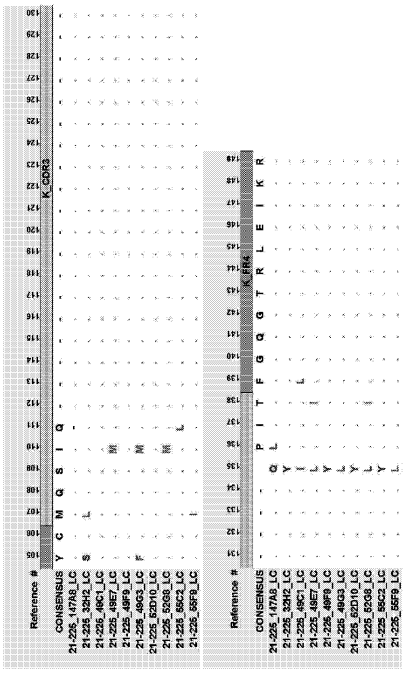
【図５７－９５５】

FIGURE 57



【図５７－９５６】

FIGURE 57



【図５７－９５７】

FIGURE 57

Table 125. Consensus 45 - VK3/A27/JK3 (SEQ ID NO: 50342):

EIVLTQSPGTLSLFPGERATLSCRAS--QSVTS------SYLAWYQQKPGQAPRLLIFG------YSSRATGIPDRFSGSGSG--
TDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGR-----------SPFNFGPGTKVDIKR wherein:

Q at position 29 can be substituted with R

S at position 30 can be substituted with G or N

V at position 31 can be substituted with I

I at position 32 can be substituted with S or G

S at position 33 can be substituted with N

S at position 39 can be substituted with I or N

Y at position 40 can be substituted with F

V at position 67 can be substituted with A or T

S at position 69 can be substituted with N or T

R at position 70 can be substituted with W

Q at position 107 can be substituted with H

Q at position 108 can be substituted with H

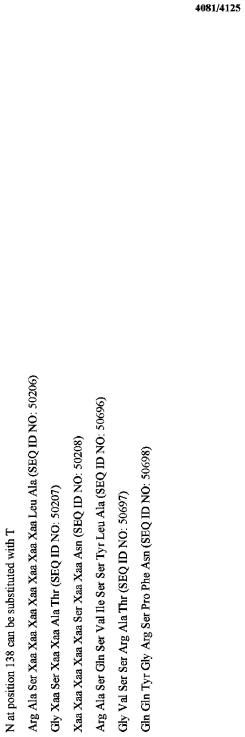
Y at position 109 can be substituted with N

G at position 110 can be substituted with D

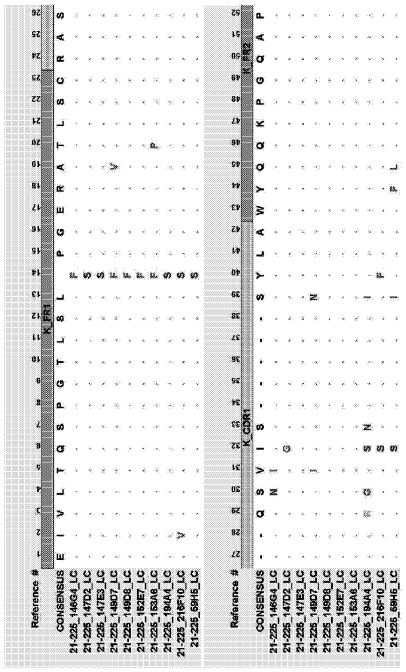
R at position 111 can be substituted with null (-), N or Y

P at position 136 can be substituted with L or M

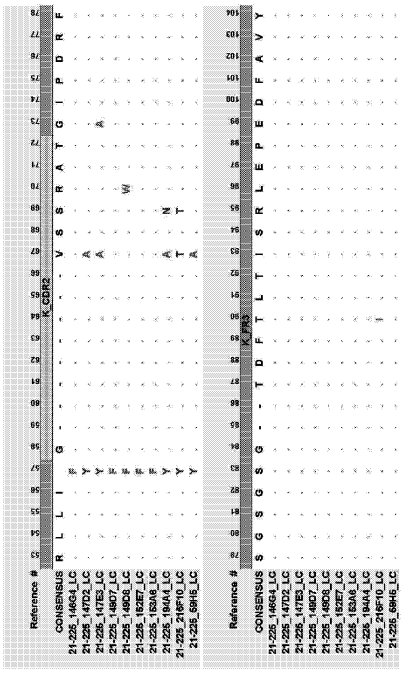
【図５７－９５８】



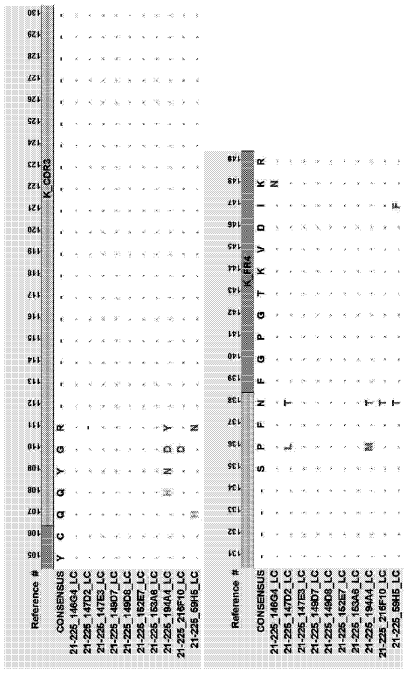
【図５７－９５９】



【図５７－９６０】



【図５７－９６１】



【図５７－９６２】

FIGURE 57

Table 126. Consensus 46 - VK3JL2/JK1 (SEQ ID NO: 50343):

EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRAS[--QSVS----------SNLAWYQQKPGQAPRLLIYG----------ASTRATGIPARFSGSGSG--
TEFTLTISSLQSEDFAVYYC[QQYND----------WPWTFGQGTKVEIKR wherein:

A at position 25 can be substituted with S

S at position 30 can be substituted with D or T

V at position 31 can be substituted with I

S at position 32 can be substituted with N, R or I

S at position 39 can be substituted with I or T

N at position 40 can be substituted with Y

L at position 41 can be substituted with I

T at position 72 can be substituted with S

Q at position 108 can be substituted with E

Y at position 109 can be substituted with S

N at position 110 can be substituted with D, F or H

D at position 111 can be substituted with N, null (-) or T

null (-) at position 134 can be substituted with W

W at position 135 can be substituted with P, C or N

P at position 136 can be substituted with L or W

W at position 137 can be substituted with L, C, P or R

【図５７－９６３】

FIGURE 57

T at position 138 can be substituted with P or S

Arg Xaa Ser Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ala (SEQ ID NO: 50209)

Gly Ala Ser Thr Arg Ala Xaa (SEQ ID NO: 50210)

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50211)

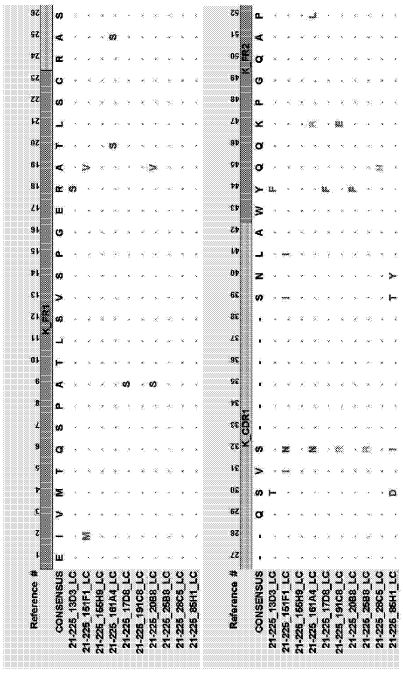
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala (SEQ ID NO: 50699)

Gly Ala Ser Thr Arg Ala Thr (SEQ ID NO: 50700)

Gln Gln Tyr Asn Asp Trp Pro Trp Thr (SEQ ID NO: 50701)

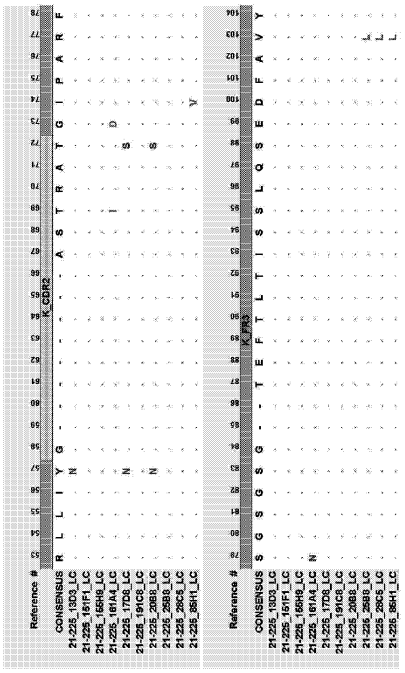
【図５７－９６４】

FIGURE 57



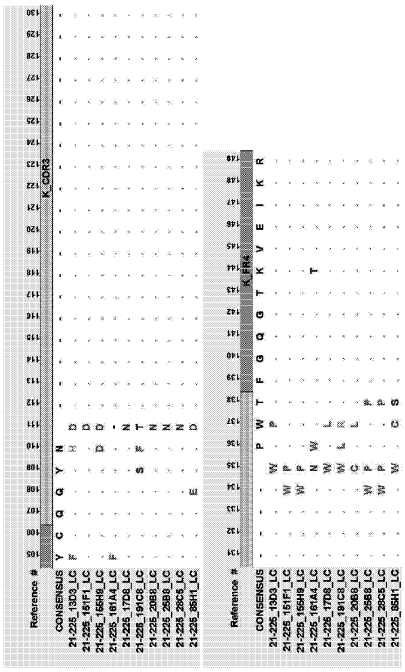
【図５７－９６５】

FIGURE 57



【図５７－９６６】

FIGURE 57



【図５７－９６７】

FIGURE 57

Table 127. Consensus 47 - VK6JA26/JK1 (SEQ ID NO: 50344):

EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRAS--QSIG------SSLHWYQQKPDQSPKLLIKY------ASQSFSGVPSRFSGSGSG--
TDFTLTINSLEAEDAATYYCHQSS----------------LPWTFGQGTKVEIKR wherein:

S at position 30 can be substituted with N

S at position 39 can be substituted with N

S at position 40 can be substituted with N or T

Y at position 58 can be substituted with S

H at position 107 can be substituted with Q

S at position 110 can be substituted with G or R

L at position 135 can be substituted with F

W at position 137 can be substituted with R or Q

Arg Ala Ser Gln Xaa Ile Gly Xaa Xaa Leu His (SEQ ID NO: 50256)

Xaa Ala Ser Gln Ser Phe Ser (SEQ ID NO: 50257)

Xaa Gln Ser Xaa Ser Xaa Pro Xaa Thr (SEQ ID NO: 50258)

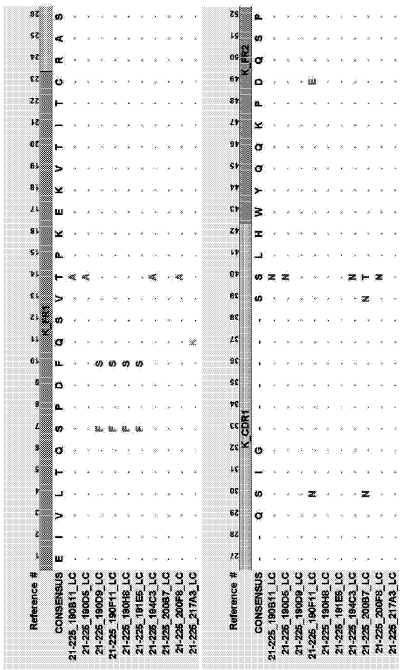
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Gly Ser Ser Leu His (SEQ ID NO: 50702)

Tyr Ala Ser Gln Ser Phe Ser (SEQ ID NO: 50703)

His Gln Ser Ser Leu Pro Trp Thr (SEQ ID NO: 50704)

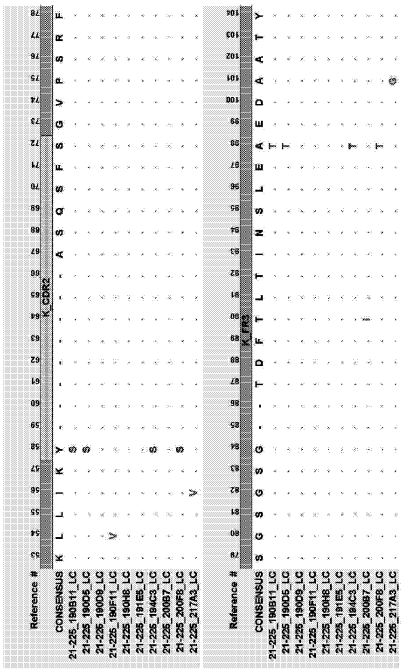
【図５７－９６８】

FIGURE 57



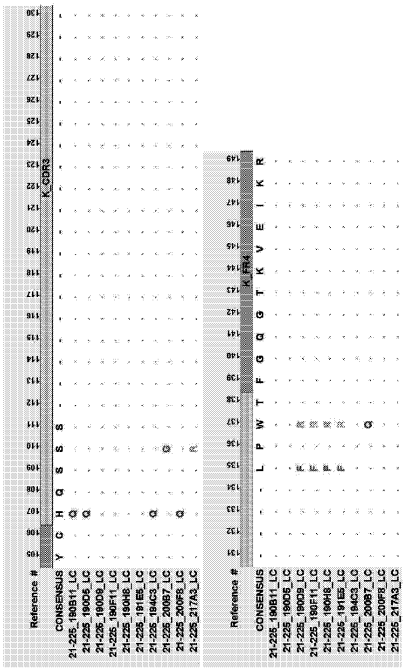
【図５７－９６９】

FIGURE 57



【図５７－９７０】

FIGURE 57



【図５７－９７１】

FIGURE 57

Table 128. Consensus 48 - VK1|A30/JK2 (SEQ ID NO: 50345):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QGIR-------NDLGWYQQKPGKAPKRLIYA-------ASSLQSGVPSRFSGSGSG--TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHYS----------YPRSFGQGTKLEIKR wherein:

G at position 30 can be substituted with A

R at position 32 can be substituted with G

N at position 39 can be substituted with D

A at position 67 can be substituted with T

Y at position 110 can be substituted with N

S at position 111 can be substituted with N

Y at position 135 can be substituted with F

R at position 137 can be substituted with Y

Arg Ala Ser Gln Xaa Ile Xaa Asp Leu Gly (SEQ ID NO: 50247)

Ala Xaa Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50248)

Leu Gln His Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Ser (SEQ ID NO: 50249)

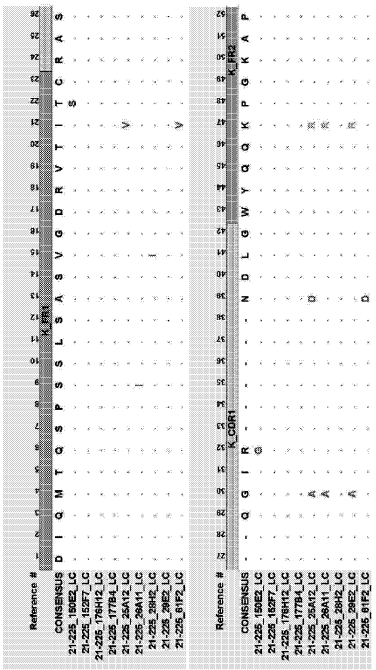
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Asp Leu Gly (SEQ ID NO: 50705)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50706)

Leu Gln His Tyr Ser Tyr Pro Arg Ser (SEQ ID NO: 50707)

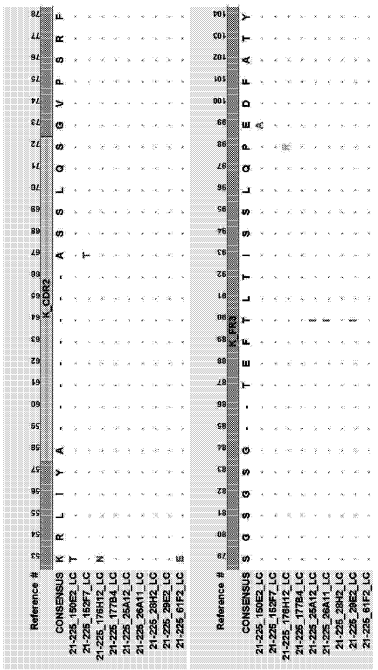
【図５７－９７２】

FIGURE 57



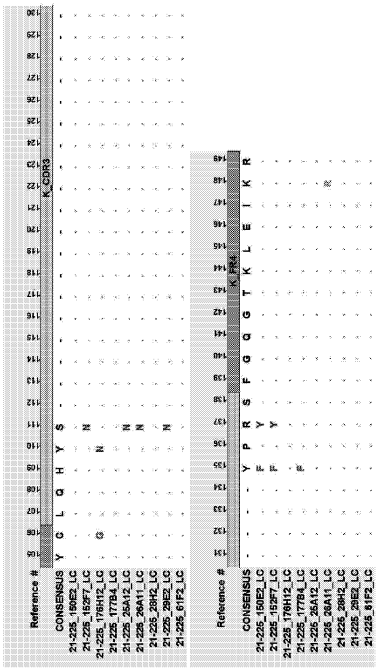
【図５７－９７３】

FIGURE 57



【図５７－９７４】

FIGURE 57



【図５７－９７５】

FIGURE 57

表 129. コンセンサス 49 - VK1|L1|JK5 (SEQ ID NO: 50346):

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS--QGIS------NYLAWFQQKPGKAPKSLIYA------ASSLQSGVPSKFSGSGSG--
TDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYLS--------------YPITFGQGTRLEIKR 式中：

24位置のRは、Qで置換されていてもよく、
30位置のGは、Dで置換されていてもよく、
32位置のSは、Nで置換されていてもよく、
39位置のNは、Kで置換されていてもよく、
40位置のYは、Fで置換されていてもよく、
42位置のAは、Nまたはvで置換されていてもよく、
58位置のAは、D、Gまたはtで置換されていてもよく、
68位置のSは、Tで置換されていてもよく、
69位置のSは、Rまたはnで置換されていてもよく、
71位置のQは、H、Lまたはvで置換されていてもよく、
72位置のSは、Tで置換されていてもよく、
107位置のQは、Hまたはlで置換されていてもよく、
108位置のQは、Hまたはlで置換されていてもよく、
110位置のLは、H、D、K、Nまたはvで置換されていてもよく、
111位置のSは、N、Hまたはtで置換されていてもよく、
135位置のYは、Lで置換されていてもよく、

【図５７－９７６】

FIGURE 57

I at position 137 can be substituted with L

Xaa Ala Ser Gln Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Leu Xaa (SEQ ID NO: 50212)

Xaa Ala Xaa Xaa Leu Xaa Xaa (SEQ ID NO: 50213)

Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Thr (SEQ ID NO: 50214)

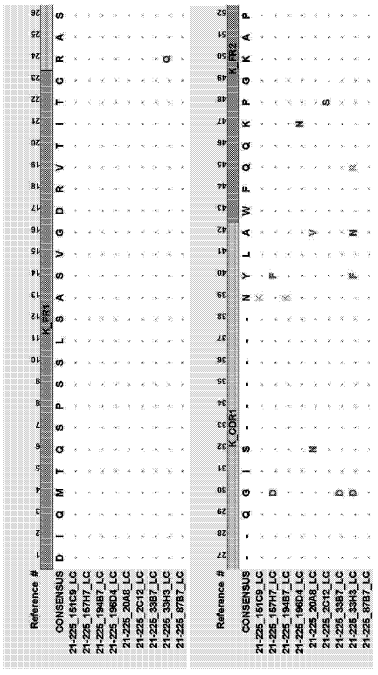
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Ala (SEQ ID NO: 50708)

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser (SEQ ID NO: 50709)

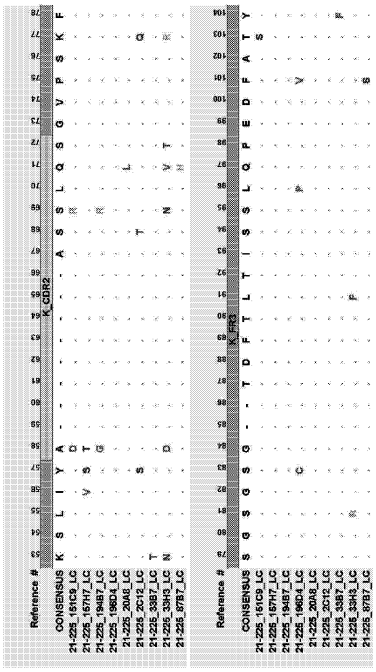
Gln Gln Tyr Leu Ser Tyr Pro Ile Thr (SEQ ID NO: 50710)

【図５７－９７７】

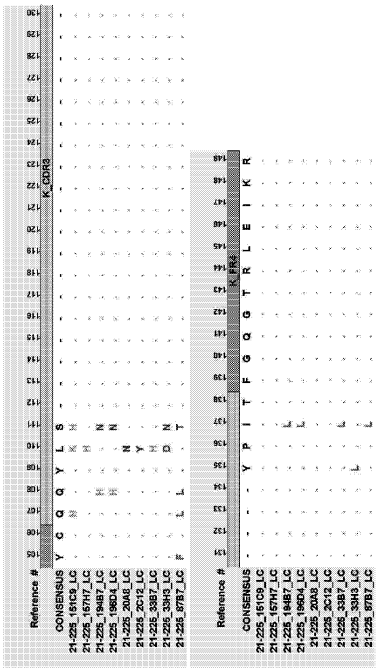
FIGURE 57



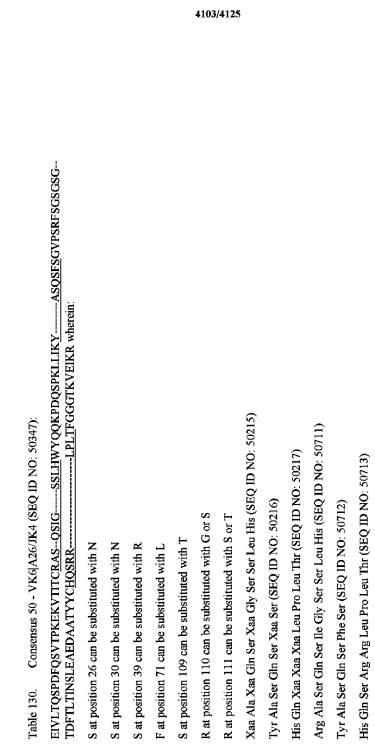
【図５７－９７８】



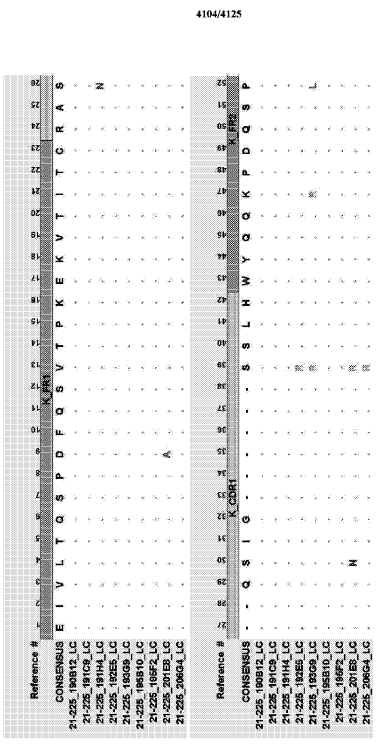
【図５７－９７９】



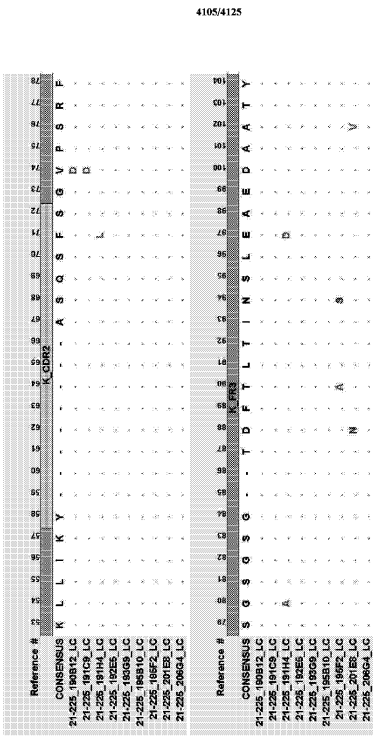
【図５７－９８０】



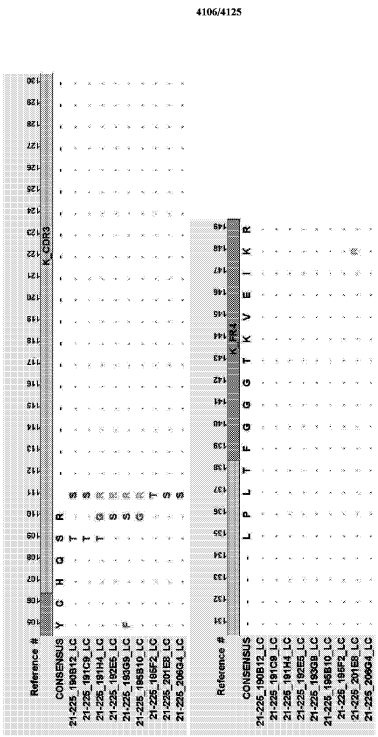
【図５７－９８１】



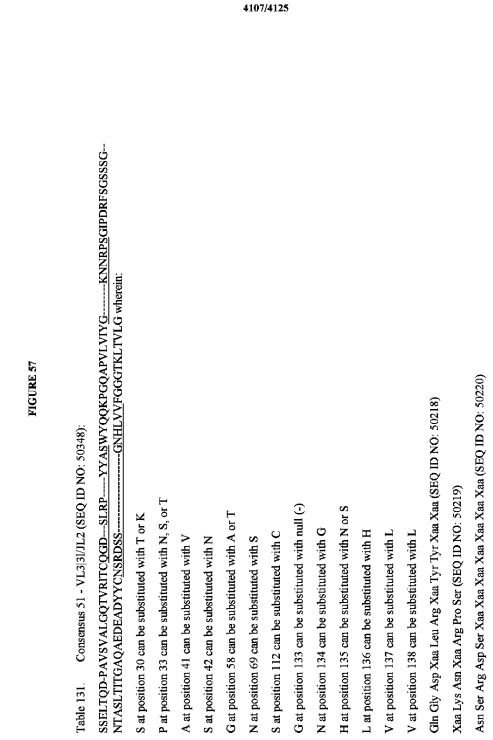
【図５７－９８２】



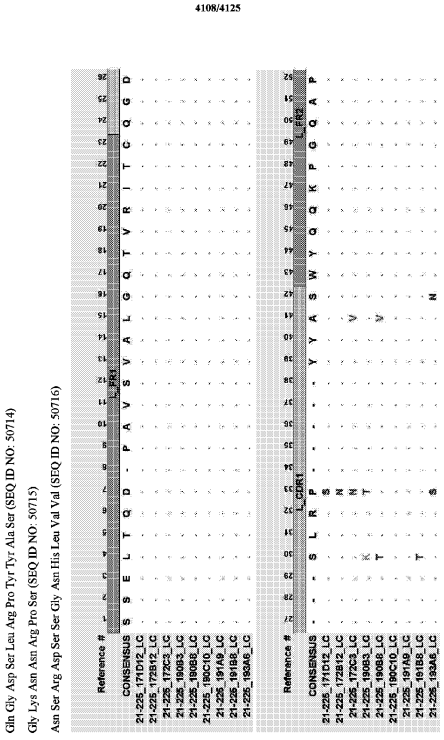
【図５７－９８３】



【図５７－９８４】

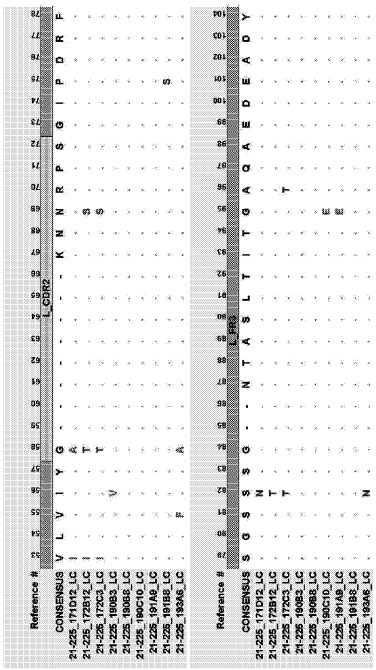


【図５７－９８５】



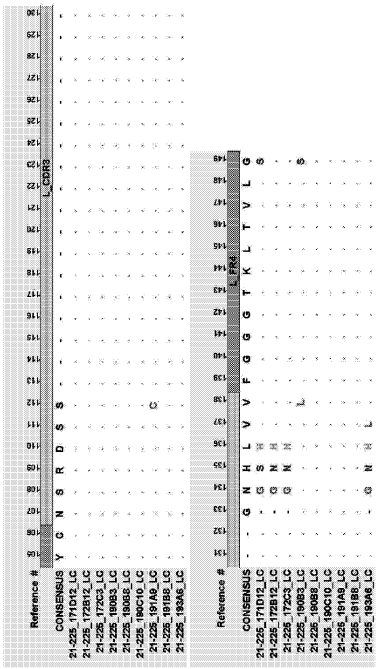
【図５７－９８６】

FIGURE 57



【図５７－９８７】

FIGURE 57



【図５７－９８８】

FIGURE 57

Table 132. Consensus 52 - VK2(A17/JK4 (SEQ ID NO: 50349):

DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISC<u>RSS</u>--QSLVYSD-GNTYLN<u>WFQQRPGQSPRRLIYK</u>--------<u>VSNWDSGVPDRFSGSGSG</u>--TDFTLKISRVEAEDVGVYYC<u>MQGTH</u>----------<u>WPLTFGGGTKVEIKR</u> wherein:

S at position 26 can be substituted with G

Y at position 40 can be substituted with S

K at position 58 can be substituted with E

N at position 69 can be substituted with K

S at position 72 can be substituted with Y

T at position 110 can be substituted with I

H at position 111 can be substituted with null (-)

W at position 135 can be substituted with H

P at position 136 can be substituted with L, S or W

L at position 137 can be substituted with P

Arg Ser Xaa Gln Ser Leu Val Tyr Ser Asp Gly Asn Thr Xaa Leu Asn (SEQ ID NO: 50221)

Xaa Val Ser Xaa Trp Asp Xaa (SEQ ID NO: 50222)

Met Gln Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Thr (SEQ ID NO: 50223)

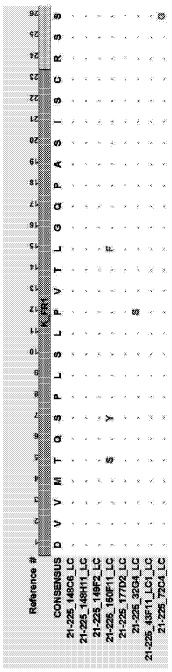
Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Asn (SEQ ID NO: 50717)

Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser (SEQ ID NO: 50718)

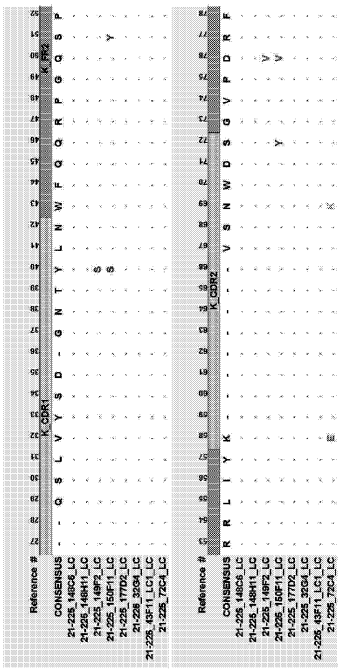
Met Gln Gly Thr His Trp Pro Leu Thr (SEQ ID NO: 50719)

【図５７－９８９】

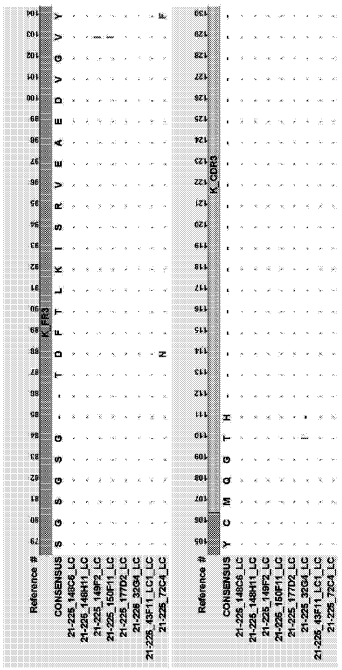
FIGURE 57



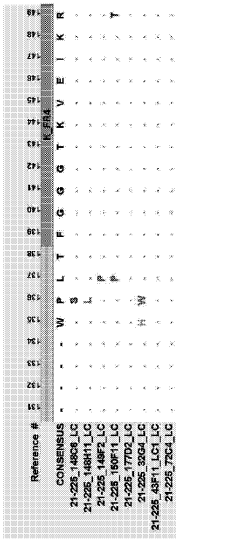
【図５７－９９０】



【図５７－９９１】



【図５７－９９２】



【図５７－９９３】

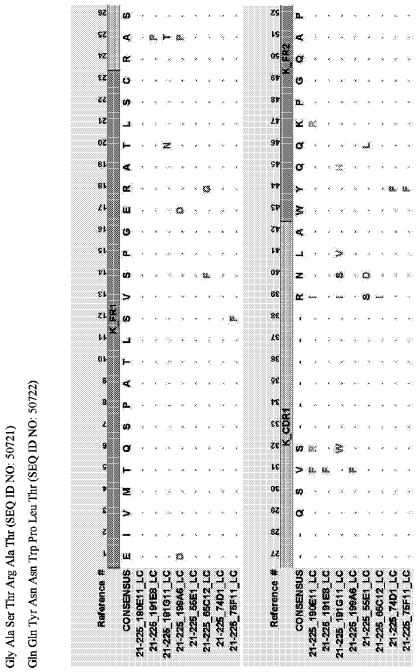
FIGURE 57

表 133. コンセンサス 53 - VK3|L2/JK4 (SEQ ID NO: 50350).

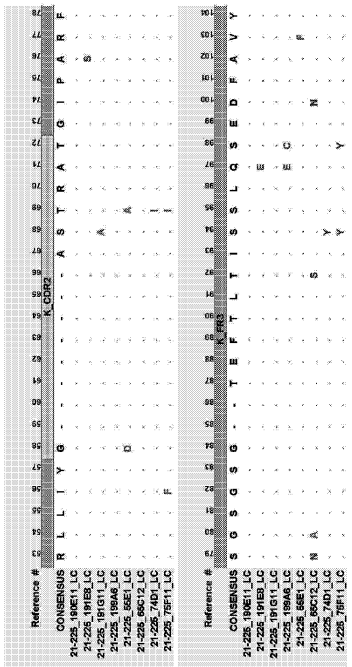
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRAS--QSVS------RNLAWYQQKPGQAPRLLIYG--------ASTRATGIPARFSGSGSG--
TEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNN----------WPLTFGGGTKVEIKR 式中:

25位置のAは、Pまたはで置換されていてもよく、
31位置のVは、Fで置換されていてもよく、
32位置のSは、RまたはWで置換されていてもよく、
39位置のRは、ほかはSで置換されていてもよく、
40位置のNは、Dまたはまたは S で置換されていてもよく、
41位置のLは、Vで置換されていてもよく、
58位置のGは、Dで置換されていてもよく、
68位置のSは、Aで置換されていてもよく、
69位置のTは、ほかはAで置換されていてもよく、
110位置のNは、Yで置換されていてもよく、
111位置のNは、Tまたはで置換されていてもよく、
134位置のスルル(－)は、Wで置換されていてもよく、
135位置のWは、Pで置換されていてもよい
Arg Xaa Ser Gln Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Ala (SEQ ID NO: 50224)
Xaa Ala Xaa Xaa Arg Ala Thr (SEQ ID NO: 50225)
Gln Gln Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Leu Thr (SEQ ID NO: 50226)
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Arg Asn Leu Ala (SEQ ID NO: 50720)

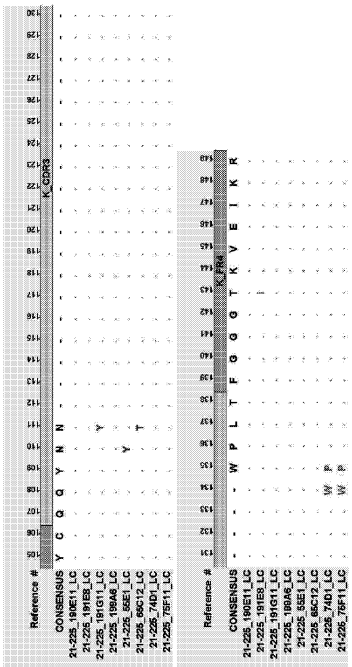
【図５７－９９４】



【図５７－９９５】

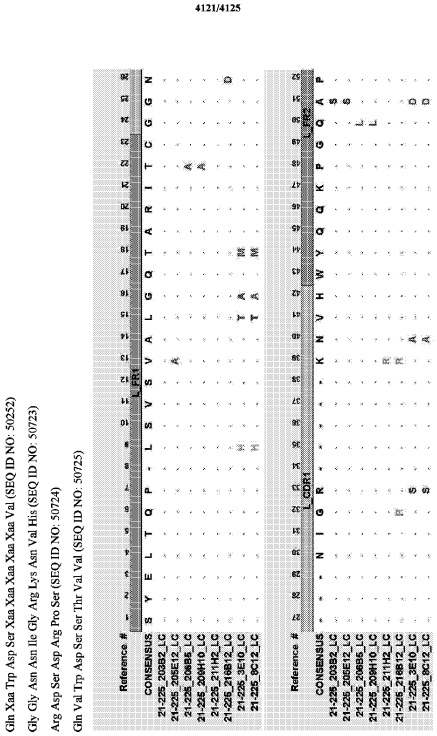


【図５７－９９６】

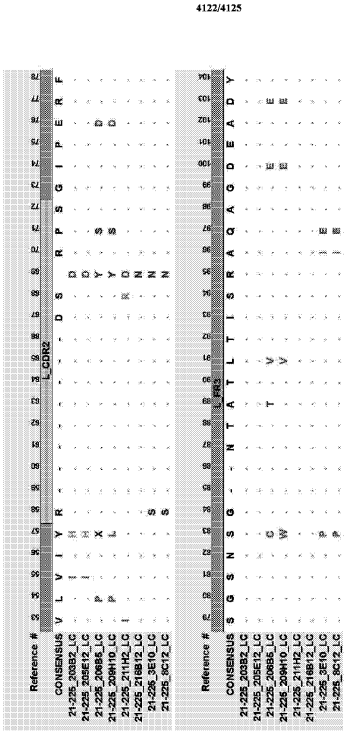


【図５７－９９７】

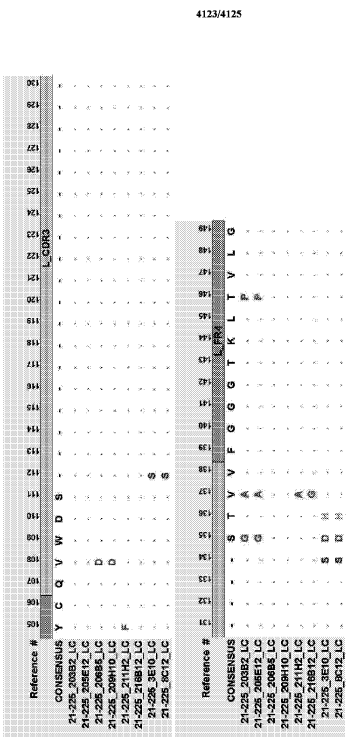
【図５７－９９８】



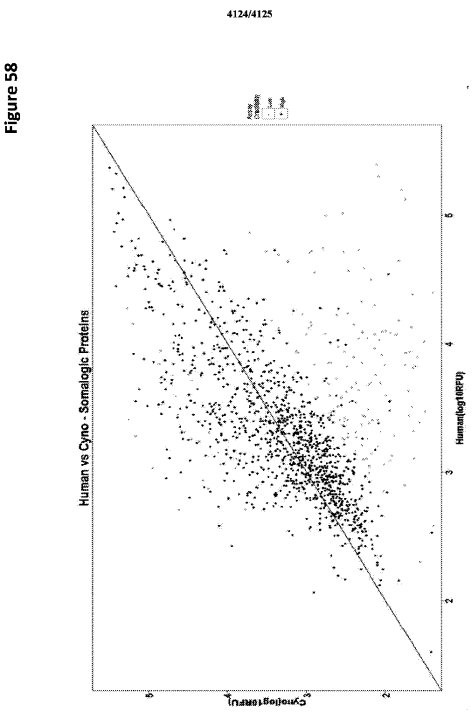
【図５７－９９９】



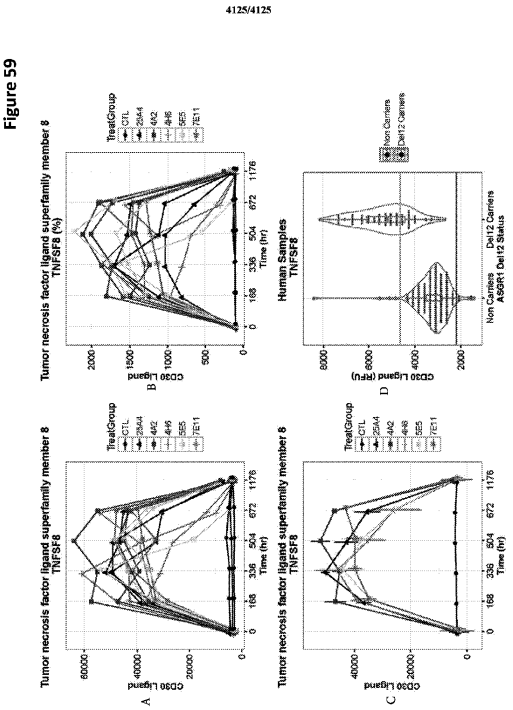
【図５７－１０００】



【図５８】



【図５９】



【配列表】

0007628764000001.app

フロントページの続き

(51)国際特許分類　　ＦＩ
Ａ６１Ｐ　43/00　(2006.01)　　Ａ６１Ｐ　43/00　１１１

(31)優先権主張番号　62/319,740
(32)優先日　平成28年4月7日(2016.4.7)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号　62/234,546
(32)優先日　平成27年9月29日(2015.9.29)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)

(72)発明者　ムロースキー，クリストファー
カナダ国、ブリティッシュ・コロンビア・ブイ・オー・エヌ・２・ダブリュ・オー、ロバーツ・クリーク、エドモンズ・ロード・１１４１
(72)発明者　パイパー，デレク・イー
アメリカ合衆国、カリフォルニア・９５０５１、サンタ・クララ、ジャンニーニ・ドライブ・６７５
(72)発明者　ガルセス，フェルナンド
アメリカ合衆国、カリフォルニア・９４４０１、サン・マテオ、エルム・ストリート・１２６、アパートメント・ナンバー・２０３
(72)発明者　ジャン，ジュン
アメリカ合衆国、カリフォルニア・９４４０４、フォスター・シティ、オリオン・レイン・７５６
(72)発明者　リー，ヤン
アメリカ合衆国、カリフォルニア・９４０４０、マウンテン・ビュー、クエスタ・ドライブ・１１４２
(72)発明者　チャン，ブライアン・ミンタン
カナダ国、ブリティッシュ・コロンビア・ブイ・３・シー・５・エヌ・８、ポート・コキットラム、ケンジントン・クレセント・２４５８

合議体
審判長　冨永 みどり
審判官　齋藤 恵
審判官　伊藤 幸司

(56)参考文献　米国特許出願公開第２０１５／０１３５３４４（ＵＳ，Ａ１）
Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｂｉｏｌｏｇｉｃａｌ Ｃｈｅｍｉｓｔｒｙ，１９８６年，Ｖｏｌ．２６１，Ｎｏ．３２，ｐｐ．１５２２５－１５２３２
ＮＥＮＧＬ Ｊ ＭＥＤ、Ｊｕｎｅ ２ ２０１６，ｖｏｌ．３７４，ｐ．２１３１－２１４１

(58)調査した分野　(Int.Cl.，ＤＢ名)
C12N15/00-15/90
ＪＳＴ７５８０／ＪＳＴＰｌｕｓ／ＪＭＥＤＰｌｕｓ（ＪＤｒｅａｍ３）