

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公表特許公報(A)

(11) 特許出願公表番号

特表2016-524906

(P2016-524906A)

(43) 公表日 平成28年8月22日(2016.8.22)

(51) Int.Cl.	F I	テーマコード (参考)
C 1 2 Q 1/68 (2006.01)	C 1 2 Q 1/68 Z N A A	4 B O 6 3
C 1 2 N 15/09 (2006.01)	C 1 2 N 15/00 A	

審査請求 未請求 予備審査請求 未請求 (全 94 頁)

(21) 出願番号 特願2016-526606 (P2016-526606) (86) (22) 出願日 平成26年7月16日 (2014.7.16) (85) 翻訳文提出日 平成28年3月9日 (2016.3.9) (86) 国際出願番号 PCT/EP2014/065276 (87) 国際公開番号 W02015/007787 (87) 国際公開日 平成27年1月22日 (2015.1.22) (31) 優先権主張番号 13176734.5 (32) 優先日 平成25年7月16日 (2013.7.16) (33) 優先権主張国 欧州特許庁 (EP)	(71) 出願人 505193472 アルクーアベッロ エイ/エス A L K - A B E L L O A / S デンマーク、ディーケー-2970 ホー ショルム、ボーゲ アレ 6-8 B o g e A l l e 6-8, D K-29 70 H o r s h o l m, D E N M A R K (74) 代理人 100065248 弁理士 野河 信太郎 (74) 代理人 100159385 弁理士 甲斐 伸二 (74) 代理人 100163407 弁理士 金子 裕輔 (74) 代理人 100166936 弁理士 稲本 潔 最終頁に続く
---	---

(54) 【発明の名称】 アレルギーを引き起こすダニのPCRによる分子同定

(57) 【要約】

本発明は、サンプル中、例えば大量飼育サンプル又は環境サンプル中の特定のダニ種を同定する新規な方法に関する。本発明は更に、構造的リボソームRNAエレメント(rRNA)をコードする核酸分子、及び、特定のダニ種の当該構造的リボソームRNA間に位置する非機能的RNAに関し、本方法に使用するプライマーの設計についてのその使用に関する。

【選択図】なし

【特許請求の範囲】**【請求項 1】**

以下の工程：

a) サンプルからDNAを取得する工程；

b) 以下のプライマー：

i. 各プライマーが同定すべきダ二種の各々のrDNAのITS1配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする、1又はそれより多い、例えば1、2、3、4、5、6、7、8、9又は10の第1のプライマー、及び

ii. 同定すべきダ二種のrDNAの18S、5.8S若しくは28S配列のいずれかから選択される配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする1又はそれより多い、例えば1つの第2のプライマー

を用いて、例えばPCRにより、同定すべきダ二種の各々のrDNAの領域を増幅して、同定すべきダ二種に特異的なアンプリコンを生成する工程；及び

c) アンプリコンの特徴を評価することによりダ二種を同定する工程

を含んでなる、サンプル中の1又はそれより多い異なるコナダニ亜目ダ二種の同定方法。

【請求項 2】

工程 b)において、生成したアンプリコンが同定すべき特定のダ二種に特徴的な分子サイズを有する、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 3】

工程 c)において、ダ二種が、同定すべきダ二種に特徴的であるアンプリコンの分子サイズを評価することによって同定される、請求項 1 又は 2 に記載の方法。

【請求項 4】

13未満、例えば10、例えば8、例えば6、例えば5、例えば3の異なるコナダニ亜目ダニが同定される、請求項 1～3のいずれか1項に記載の方法。

【請求項 5】

工程 b)において、同定すべきダ二種に特異的な2又はそれより多いアンプリコンが生成され、該アンプリコンは長さが少なくとも15bp、例えば16、17、18、19、20、21、22、23、24、25、26、27、28、29又は30bp異なる、請求項 1～4のいずれか1項に記載の方法。

【請求項 6】

第2のプライマーが同定すべきコナダニ亜目ダ二種のいずれかの前記配列の少なくとも15の連続ヌクレオチドに90%、例えば91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である、請求項 1～5のいずれか1項に記載の方法。

【請求項 7】

工程 b) i. で使用する1又はそれより多い第1のプライマーが、3'末端に、同定すべきダ二種のいずれかのITS1配列に対して正確な相補性を有する少なくとも3、例えば4、5又は6の連続ヌクレオチドを含む、請求項 1～6のいずれか1項に記載の方法。

【請求項 8】

工程 b) i. で使用する1又はそれより多い第1のプライマーが、同定すべきダ二種のITS1配列のいずれかの対応部分又はその相補部分の配列に少なくとも約70%、例えば76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99%同一である、請求項 1～7のいずれか1項に記載の方法。

【請求項 9】

サンプル中の少なくとも2、3、4、5、6、7、8、9、10、11若しくは12又はそれより多い異なるコナダニ亜目ダ二種の同定のための、請求項 1～8のいずれか1項に記載の方法。

【請求項 10】

工程 c) がアンプリコンの分子サイズを分子マーカー組成物の参照ヌクレオチドの分子サイズと比較することにより行われ、該参照ヌクレオチドのサイズが該当する塩基対間隔にわたる、請求項 1～9のいずれか1項に記載の方法。

【請求項 11】

10

20

30

40

50

参照ヌクレオチドのサイズが同定すべきダニ種に特徴的なアンプリコンのサイズに相当する、請求項 1 ~ 10 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 12】

例えばPCRによる、予備増幅工程が工程 b) に先行し、該予備増幅工程において、サンプル中のいずれかのコナダニ亜目ダニ種のITS1領域を含有するrDNAが、該rDNAの18S配列に特異的にハイブリダイズする第1のプライマー及び該rDNAの5.8S及び28S配列から選択される配列に特異的にハイブリダイズする第2のプライマーを用いて増幅される、請求項 1 ~ 11 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 13】

サンプルが環境サンプルである、請求項 1 ~ 12 のいずれか 1 項に記載の方法。

10

【請求項 14】

サンプルが大量飼育培地又はその精製画分に由来する、請求項 1 ~ 12 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 15】

サンプルが大量飼育培地又はその精製画分に由来し、予備増幅工程が行われない、請求項 1 ~ 11 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 16】

2 又はそれより多い第1のプライマーが使用され、各プライマーは同定すべきダニ種の1つのITS1配列に特異的にハイブリダイズし、他の同定すべきダニ種には交差ハイブリダイズしない、請求項 1 ~ 15 のいずれか 1 項に記載の方法。

20

【請求項 17】

前記第1のプライマーが配列番号 1 ~ 10、配列番号11 ~ 20、配列番号21 ~ 30、配列番号31 ~ 40、配列番号41 ~ 50、配列番号51 ~ 60、配列番号61 ~ 70、配列番号71 ~ 80、配列番号81 ~ 90及び配列番号91 ~ 100のいずれか 1 つにより特定される2群又はそれより多い、例えば2、3、4、5、6、7、8、9又は10群の配列又はそれらの相補配列に基づいて設計される、請求項 16 に記載の方法。

【請求項 18】

工程 b) i. で言及される前記第1のプライマーが、配列番号 1 ~ 100のいずれか 1 つから選択される配列のITS1若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100% 同一である配列を含んでなる、請求項 1 ~ 17 のいずれか 1 項に記載の方法。

30

【請求項 19】

前記第1のプライマーが少なくとも約6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24又は25の連続ヌクレオチド長である、請求項 1 ~ 18 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 20】

前記第1のプライマーがせいぜい約70、60、50、40、30、25、23、20の連続ヌクレオチド長である、請求項 1 ~ 19 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 21】

前記第1のプライマーが、配列番号101、102、103、104、105、106、107、108、109、110、122、123及び124からなるリストより選択される核酸配列若しくはその相補配列又はそのフラグメント若しくは該フラグメントの相補配列に少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100% 同一である配列を含んでなる、請求項 1 ~ 20 のいずれか 1 項に記載の方法。

40

【請求項 22】

前記第1のプライマーが、配列番号101、102、103、104、105、106、107、108、109、110、122、123及び124からなるリストより選択される核酸配列若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、

50

80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である配列からなる、請求項1～20のいずれか1項に記載の方法。

【請求項23】

前記第2のプライマーが、配列番号1～100のいずれか1つより選択される配列中の5.8Sのフラグメント又はその相補配列に少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である核酸配列、例えばRast5.8、例えば配列番号111により規定される核酸配列、又はその相補配列又はそれらのフラグメントを含んでなる、請求項1～22のいずれか1項に記載の方法。

【請求項24】

前記第2のプライマーが、配列番号1～100のいずれか1つより選択される配列中の18Sのフラグメント又はその相補配列に少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である核酸配列、例えばFRibNav、例えば配列番号121により規定される核酸配列、又はその相補配列又はそれらのフラグメントを含んでなる、請求項1～23のいずれか1項に記載の方法。

【請求項25】

前記1又はそれより多い異なるコナダニ亜目種が、チロファグス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ及びダーマトファゴイデス ファリナエからなる群より選択される、請求項1～24のいずれか1項に記載の方法。

【請求項26】

配列番号1～100からなるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である単離された核酸分子。

【請求項27】

少なくとも約6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24又は25の連続ヌクレオチド長である、請求項26に記載の単離された核酸分子。

【請求項28】

せいぜい約1200、1100、1000、900、800、700、600、500、400、300、200、100、90、80、70、60、50、40、30又は20の連続ヌクレオチド長である、請求項26又は27に記載の単離された核酸分子。

【請求項29】

配列番号1～100のいずれか1つから選択される配列のITS1若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約80%同一である配列を含んでなる、請求項26～28のいずれか1項に記載の単離された核酸分子。

【請求項30】

配列番号101、102、103、104、105、106、107、108、109、110、122、123及び124若しくはその相補配列からなるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である配列を含んでなる、請求項26～29のいずれか1項に記載の単離された核酸分子。

【請求項31】

配列番号101、102、103、104、105、106、107、108、109、110、122、123及び124からなるリストより選択される核酸配列若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約80%同一である配列からなる請求項26～30のいずれか1項に記載の単離された核酸分子。

【請求項32】

配列番号1～100のいずれか1つより選択される配列中の5.8S又はその相補配列に少なくとも約80%同一である核酸配列、例えばRast5.8、例えば配列番号111により規定される核

10

20

30

40

50

酸配列、又はその相補配列又はそれらのフラグメントを含んでなる、請求項 25 ~ 30 のいずれか 1 項に記載の単離された核酸分子。

【請求項 33】

配列番号 1 ~ 100 のいずれか 1 つより選択される配列中の 18S 又はその相補配列に少なくとも約 80 % 同一である核酸配列、例えば FRibNav、例えば配列番号 121 により規定される核酸配列又はその相補配列又はそのフラグメントを含んでなる、請求項 26 ~ 32 のいずれか 1 項に記載の単離された核酸分子。

【請求項 34】

請求項 26 ~ 33 のいずれか 1 項に特定される、異なるコナダニ亜目種の 1 又はそれより多い、例えば 1、2、3、4、5、6、7、8、9 又は 10 の異なる核酸分子を含んでなる組成物。

10

【請求項 35】

チロファグス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ及びダーマトファゴイデス ファリナエからなるリストより選択される 2 又はそれより多い、例えば 1、2、3、4、5、6、7、8、9 又は 10 の異なる種を検出、識別又は同定するための配列を含んでなる、請求項 34 に記載の組成物。

【請求項 36】

配列番号 1 ~ 100 のいずれか 1 つより選択される配列中の 5.8S 又はその相補配列に少なくとも約 80 % 同一である核酸分子、例えば Rast5.8、例えば配列番号 111 により規定される核酸配列、又はその相補配列又はそれらのフラグメントを更に含んでなる、請求項 34 又は 35 に記載の組成物。

20

【請求項 37】

1 又はそれより多い、例えば 1、2、3、4、5、6、7、8、9 又は 10 の異なるコナダニ亜目ダニ種の同定のための、配列番号 1 ~ 111 からなるリストより独立して選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約 80 % 同一である 1 又はそれより多い核酸分子の使用。

【請求項 38】

前記核酸分子が請求項 26 ~ 33 のいずれか 1 項に規定されるとおりのものであるか、又は請求項 34 ~ 36 のいずれか 1 項に記載の組成物の一部である、請求項 37 に記載の使用。

30

【請求項 39】

請求項 37 又は 38 に規定されるとおりであって ITS1 を含む単離された核酸分子の、特定のコナダニ亜目ダニ種に独特なプライマーを設計するための使用。

【請求項 40】

請求項 37 ~ 39 のいずれか 1 項に規定されるとおりであって 5.8S 又は 18S を含んでなる単離された核酸分子の、チロファグス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ及びダーマトファゴイデス ファリナエのコナダニ亜目ダニ種の rDNA に特異的にハイブリダイズするプライマーを設計するための使用。

40

【請求項 41】

請求項 1 ~ 25 のいずれか 1 項に記載の方法により得られる少なくとも 1 つのアンプリコン。

【請求項 42】

1 又はそれより多いポリヌクレオチド、例えば請求項 41 に記載の 1 又はそれより多いアンプリコンに相当するサイズの DNA を含んでなる、請求項 1 ~ 25 のいずれか 1 項に記載の方法において使用するための分子サイズマーカー組成物。

50

【請求項 4 3】

以下：

- a) 請求項 3 4 ~ 3 6 のいずれか 1 項に規定されるとおりの組成物；及び
- b) 分子サイズマーカー、例えば請求項 4 2 に規定されるとおりの組成物を含んでなるキット。

【請求項 4 4】

例えばPCRによる、サンプル中の任意のrDNA成分の増幅に適切な18S、5.8S又は28S配列に特異的な一対のプライマーを更に含んでなる、請求項 4 3 に記載のキット。

【請求項 4 5】

抽出溶液及び/又は指示マニュアルを更に含んでなる請求項 4 3 又は 4 4 に記載のキット。

10

【請求項 4 6】

以下の工程：

- a) サンプル中、例えば環境サンプル中のコナダニ亜目の 1 又はそれより多い特定種の個体からDNAを抽出し取得する工程；
 - b) 前記種に特異的な核酸分子を検出する工程であって、前記配列が配列番号 1 ~ 100 となるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である核酸配列と同一である、工程；
 - c) 前記種に特異的な核酸分子の検出に基づいてコナダニ亜目の前記特定種を同定する工程；
 - d) 前記サンプルを取得する工程であって、前記サンプル中のコナダニ亜目の 1 又はそれより多い特定種の正体が工程 c) から既知である工程
- を含んでなる、サンプル中のコナダニ亜目の 1 又はそれより多い特定種の正体が既知であるサンプルの調製方法。

20

【請求項 4 7】

工程 b) が 1 又はそれより多いフォワード及びリバースプライマーセットを用いrDNAについてPCRを使用して行われ、1 セットの前記プライマーのうちの少なくとも一方が前記種に特異的であり、配列番号 1 ~ 100 となるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である配列と同一である、請求項 4 6 に記載の方法。

30

【請求項 4 8】

前記PCRが請求項 3 2 ~ 3 4 のいずれか 1 項に規定されるとおりの組成物のプライマーを用いて行われる、請求項 4 6 又は 4 7 に記載の方法。

【請求項 4 9】

例えばPCRによる、予備増幅工程が工程 b) に先行し、該予備増幅工程において、サンプル中のいずれかのコナダニ亜目ダニ種のrDNAが、該rDNAの18S配列に特異的にハイブリダイズする第 1 のプライマー及び該rDNAの5.8S及び28S配列から選択される配列に特異的にハイブリダイズする第 2 のプライマーを用いて増幅される、請求項 4 6 ~ 4 8 のいずれか 1 項に記載の方法。

40

【請求項 5 0】

前記 1 又はそれより多いコナダニ亜目の特定種が、チロファグス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス ブトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ及びダーマトファゴイデス ファリナエからなるリストより選択される、請求項 4 6 ~ 4 9 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 5 1】

請求項 4 6 ~ 5 0 のいずれか 1 項に記載の方法に従って調製されるダニ培養物又はその精製画分、例えば保証されたダニ培養物又は保証された精製画分の調製物。

【請求項 5 2】

50

以下の工程：

a) 以下のプライマー：

i. 各プライマーが同定すべき唯一のダニ種のDNA配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする、1又はそれより多い、例えば1、2、3、4、5、6、7、8、9又は10の第1のプライマー、及び

ii. 同定すべきダニ種の定常配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする1又はそれより多い、例えば1つの第2のプライマー

を用いて、例えばPCRにより、同定すべきダニ種に特異的なDNAの領域を増幅して、同定すべきダニ種に特異的であり、他のダニ種と識別可能なアンプリコンを生成する工程であって、DNAの該領域が1又はそれより多いコナダニ亜目ダニ種のサンプル中に存在する、工程

b) アンプリコンの特徴を評価することによりダニ種を同定する工程

を含んでなる、サンプル中の1又はそれより多いコナダニ亜目ダニ種を同定する方法。

【請求項53】

増幅工程の前に、サンプルからダニDNAを単離する工程を更に含んでなる、請求項52に記載の方法。

【請求項54】

同定すべきダニ種に特異的な配列が少なくとも1つの同定すべきダニ種のrDNAのITS1配列又はそのフラグメントを含んでなる、請求項52に記載の方法。

【請求項55】

同定すべきダニ種の定常配列が少なくとも1つの同定すべきダニ種のrDNAの18S、5.8S若しくは28S配列又はそれらのフラグメントである、請求項52～54のいずれか1項に記載の方法。

【請求項56】

検出可能な標識を更に含んでなる、請求項41に記載の少なくとも1つのアンプリコン。

【請求項57】

検出可能な標識を更に含んでなる、請求項26～33のいずれか1項に記載の核酸分子。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明の分野

本発明は、特定のコナダニ亜目[Astigmata]ダニ種の、リボソームRNAをコードする核リボソームDNA(rDNA)に相当する新規核酸配列に関する。本発明は更に、生物学的サンプル中、例えば大量飼育培養物、該培養物の精製画分、ハウスダスト及び他の環境サンプル中の特定のダニ種の同定方法における当該配列又はそのフラグメントの使用に関する。

【背景技術】

【0002】

発明の背景

コナダニ亜目のダニは、呼吸器系アレルギーの重要な原因要素と認識されている。最も関連する種は、フィログリフィダエ科[チリダニ科；Pyroglyphidae](ダーマトファゴイデス属[ヒョウダニ属；Dermatophagoides]及びユーログリフス属[Euroglyphus])、アカリダエ科[コナダニ科；Acaridae](アカルス属[コナダニ属；Acarus]及びチロファグス属[ケナガコナダニ属；Tyrophagus])及びグリシファギダエ科[ニクダニ科；Glycyphagidae](プロミア属[Blomia]、グリシファグス属[Glycyphagus]及びレピドグリフス属[Lepidoglyphus])に属する。アレルギー回避、薬物療法及び免疫療法は、ダニにより引き起こされるアレルギー疾患を低減させるために現在行なわれている主要なストラテジであり、免疫療法が唯一の疾患改変アプローチであり、アレルギーの防止に最も見込みがある。現状の免疫療法には、適切な送達形態のアレルゲン抽出物の患者への投与が含まれる。ダニの場合、抽出物は、該当するダニの大量飼育培養物から作製する。ダニ培養物における種の同定及び交差汚染の回避が、アレルゲン製造の標準化における重要な因子である。更に、医療用等

10

20

30

40

50

級のアレルゲン抽出物の製造について、ダニ培養物の同一性/純度/交差汚染なしを証明する規制上の要件が存在する。

また、患者の家の環境サンプルにおけるダニ集団の同定は、アレルゲン曝露のリスクをモニターするため及び診断目的に有用である。

【0003】

大量飼育培養物及び環境サンプルにおけるダニ種の同定は、従来、例えばSpieksma(1990)に記載されるような、形態学的同定に基づくものであった。この方法は、信頼できるが、成虫段階のインタクトなダニのサンプルについてのみ実施可能であり、高い熟練度を要する。形態学的同定は時間がかかり、産業化には費用が増大し、製造プロセス下流の精製ダニ画分には適用できない。存在するインタクトなダニの数が相当少ないか又は全く存在しないこともあるので、環境サンプル中のダニ種の形態学的同定は、困難であり得る。

系統発生の類縁関係を、微生物、真菌、ダニ及びマダニの系統学による目の範囲内で分析するための種々の分子的方法が示唆されている。系統発生の研究を行なうためには、1又はそれより多い適切な分子マーカーを同定しなければならない。Cruickshank 2002は、概説論文で分子マーカーの適切な性質を記載し、ミトコンドリア遺伝子(mtDNA)及び核リボソーム遺伝子(rDNA)の中から主に選択された9つの可能性のある分子マーカーを示唆する。したがって、リボソームDNAの高度保存領域(18S rDNA、5.8S rDNA及び28S rDNA)、ミトコンドリア遺伝子(シトクロムオキシダーゼ、12S及び16S rDNA)及びrDNAの内部転写スペーサー領域(ITS1及びITS2)が系統発生の研究について提案されている。

【0004】

Navajas 1999は、フィトセイダエ科[カブリダニ科; Phytoseiidae]の中のダニ種の系統発生的分析及び同定について、分子マーカー rDNAのITS1、ITS2及び5.8S遺伝子の有用性を評価した。ITS1-5.8S-ITS2領域全体を、rDNAの18S及び28S領域から作製したユニバーサルプライマーを用いるPCR(ポリメラーゼ連鎖反応)で増幅させた。各PCR産物を配列決定し、整列させて系統発生の類縁関係を決定した。Navajasは、新たな群内のDNA変動レベルは予想不可能であり、したがって種又は一群の種に適切な分子マーカーを同定するには予備的評価が必要であると結論付けた。フィトセイダエ科ダニに関しては、ITS1はITS2より長く、より多くの配列変動を有していた。ITS2は分類学的研究で何らかの価値を有するには短すぎると考えられており、ITS1は変動しすぎると考えられており、5.8Sは、ITS2との組合せでは、当該群の中で妥当な特異性をもたらすとは考えられていなかった。

Noge 2005は、rDNAのITS2領域を分子マーカーとして使用して、73のダニ種の系統発生的分析を行なった。PCR増幅用プライマーは、ITS2領域に隣接する高度保存領域(1つは5.8S領域中、1つは28S領域中)から作製した。各PCR産物の3つのクローンを配列決定し、整列させて、系統発生の類縁関係を決定した。

【0005】

Suarez-Martinez 2005は、ミトコンドリア12S rRNAを分子マーカーとして使用して、4つの代表的なコナダニ亜目ダニたるダーマトファゴイデス プテロニシヌス[ヤケヒョウダニ; Dermatophagoides pteronyssinus]、グリシファグス プリバツス[チリニクダニ; Glycyphagus privatus]、アレウログリフス オバツス[ムギコナダニ; Aleuroglyphus ovatus]及びプロミア トロピカリス[ネッタイタマニクダニ; Blomia tropicalis]を同定した。全ての種を、rRNA 12Sマーカーから作製した1つのユニバーサルフォワードプライマー及び1つのユニバーサルリバースプライマーを用いて増幅させた。各PCR産物を配列決定し、整列させて、系統発生の類縁関係を決定し、変異型を同定した。

環境サンプル中のダニ種の分子同定のために幾つかの技法、例えば、PCR法((制限フラグメント長多形(RFLP)、増幅フラグメント長多形(AFLP)、マルチプレックスPCR))及びアレイが提案されている。

Wong 2011は、rDNAのITS2領域をRFLP PCRにおける分子マーカーとして用いて、ハウスダスト中のダーマトファゴイデス プテロニシヌス、ダーマトファゴイデス ファリナエ[コナヒョウダニ; Dermatophagoides farinae]、プロミア トロピカリス、チロファグス プトレセンチアエ[ケナガコナダニ; Tyrophagus putrescentiae]、アレウログリフス オ

バツス及びグリシコメツス マライシエンシス[Glycycometus malaysiensis]の同定に成功した。プライマーは、ITS2領域に隣接する高度保存領域(1つは5.8S領域中、1つは28S領域中)から作製した。増幅後、同定すべきダニに特異的な制限酵素の組合せでPCR産物を消化し、SDS-PAGEで制限フラグメントを分離することにより同定を行なった。制限フラグメントのサイズパターンを利用して、問題のダニ種を同定した。Wongは、同一ダストサンプルに幾つかの異なるダニが存在する場合には、単一のダニの単離を示唆している。

【0006】

JP2007-202462、JP2008-35773及びJP2009-171986はいずれも、同一発明の種々の観点を開示する。この発明は、ハウスダストサンプル中のダニ及び真菌の検出又は弁別のための核酸ハイブリダイゼーションに基づくアレイシステム並びに該マイクロアレイに使用するための核酸プローブに関する。簡潔には、ダニ及び真菌のITS1-5.8S-ITS2領域全体を、いずれもrDNAの18S及び28S領域から作製したダニ-特異的プライマー(配列番号56及び57)及び真菌-特異的プライマー(配列番号58及び59)を用いてダストサンプルから増幅させた。ダニ及び真菌の増幅は、同一チューブにダニ-特異的プライマー及び真菌-特異的プライマーの両方を加える「1チューブPCR」で行ない得る。検出すべき各々のダニ及び真菌について、核酸プローブを、ITS1の各末端部又はITS2の各末端部から作製したプライマーを用いて、問題のダニ又は真菌の純粋サンプルから増幅させた。よって、得られる当該発明のプローブは、問題の種のITS1若しくはITS2又はそのフラグメント又はそれらの相補体に相当する。このマイクロアレイでは、各ウェルが1つの種のITS1領域又はその種のITS2領域又はそれらの相補体を同定するので、1つの種の検出に4つのウェルを使用する。

Thet-em 2012は、ITS2及びCox 1を分子マーカーとして用いるマルチプレックスPCRを設計して、ハウスダスト中のダーマトファゴイデス プテロニシヌス、ダーマトファゴイデス ファリナエ及びプロミア トロピカリスを同定した。ダーマトファゴイデス プテロニシヌス及びダーマトファゴイデス ファリナエについての種特異的プライマーは、rDNAのITS2領域から作製した。プロミア トロピカリスについての種特異的プライマーは、ミトコンドリアDNAのCox 1遺伝子から作製した。

【0007】

これら方法はいずれも、ITS1領域に基づいて設計されたダニ種同定用プライマーを利用しない。更に、これら方法は全て、増幅に、DNA配列あたり1セットのプライマーを必要とする。アンプリコンが大きい場合、アンプリコンの分子サイズで正確な種を同定するためには、アンプリコンを種々の制限酵素消化に供し、得られたフラグメントのサイズ分布のパターン結果を分析する必要がある。これら方法のほとんどは、サンプル中の単一種の同定にのみ適切である。したがって、これら方法を用いてサンプル中の幾つかの種を同定するためには、かなり大量のサンプルが依然として必要である。最後に、これら方法のほとんどには、ダニ特異的プライマーを用いる非特異的増幅の第1工程及び種の同定を可能とするアンプリコンの相当複雑な処理(RFLP-PCRにおける制限酵素消化、配列決定又はアレイでのプローブへの結合)の第2工程が含まれる。

Kumarら 1999は、rDNA ITS-1配列の種特異的な相違を利用してケキドフィオブシス属[Cecidophyopsis]ダニを同定するためのPCRマルチプレックス技法を開発した。ITS-1由来の4つのPCRプライマーを、種間変動単純配列反復[interspecifically variable simple sequence repeat : vSSR]の同時増幅(マルチプレックスPCR)に使用した。プライマーは、ITS1のそれぞれ18S(M1)及び最初の保存領域(M3)に設計した2つのフォワードプライマー並びにITS1のそれぞれ5.8S(M4)及び2番目の保存領域(M2)に設計した2つのリバースプライマーからなる。いずれのプライマーも種特異的ではない。これらは全て、ダニ特異的(又は全てのダニに共通)であり、全てのダニ種においてアンプリコンS1、S2及びS3を増幅する。ダニ種間の弁別は、S1 + S2 + S3のパターンを既知のダニ種パターンと比較することにより行なう。幾つかのアンプリコンは1 bpだけ異なるので、ポリアクリルアミドゲルを使用する必要がある。ダニは、PCR産物を、既知のダニ種のITSコピーを含むプラスミドから得られたPCR産物と並行してポリアクリルアミドゲルで電気泳動することで同定された。同文献は、「このパターンはアガロースゲルでは識別可能ではなかった」と述べている。

【発明の概要】

【発明が解決しようとする課題】

【0008】

診断、予防及び治療目的のアレルゲン抽出物の製造用ダニ培養物における及びハウスダストにおける1又はそれより多いダニ種のより単純で強力な同定方法に関する必要性が依然として存在する。

【課題を解決するための手段】

【0009】

発明の目的

本発明の発明者らは、大量飼育ダニ培養物若しくはその精製ダニ画分又は環境サンプル中のダニ種の同定又は証明/保証を容易とする分子マーカーに基づく方法を考案した。DNAマーカーは、形態学的分析のための所定の発生段階の個体もインタクトな個体も必要とせず、スタッフの特別な訓練も必要としないという利点を有する。更に、本方法は、多数のサンプルのダニ種の同定又は証明/保証をルーチンで行なうことに関して有利である。なぜならば、本方法は、サンプルの質及び量についての要件が緩く、本発明により、形態学的同定に比してダニ種同定の実施に必要な時間及び技術が低減されるからである。アレルゲン抽出物の製造におけるダニ種の証明/保証に適切なDNAマーカーは、全ダニ培養物又はダニ虫体若しくはダニ糞便の精製画分のいずれかでダニ種を同定すべきである。

【0010】

本発明者らは、ダーマトファゴイデス属[ヒョウダニ属]、ユーログリフス属、アカルス属[コナダニ属]、チロファグス属[ケナガコナダニ属]、グリシファグス属、レピドグリフス属及びプロミア属(フィログリフィダエ科[チリダニ科]、アカリダエ科[コナダニ科]、グリシファギダエ科[ニクダニ科]及びエキモピディダエ科[Echymopididae])に属する13のコナダニ亜目の種からrDNAの全長ITS1、5.8Sサブユニット及びITS2配列を見出した。得られた配列に基づいて、シングルプレックス-PCR法及びマルチプレックス-PCR法を開発して、重要な呼吸器アレルギー原因物質として認識される種のうち10種を同定した。ITS1領域における多形性及び高変動性にもかかわらず、本発明者らは、コナダニ亜目のダニ種のITS1領域に基づいて設計したプライマーを用いるシングルプレックス又はマルチプレックスPCR法が単純で強力な信頼性のあるコナダニ亜目ダニ種の同定法を提供することを示した。マルチプレックスPCR法では、複数のコナダニ亜目ダニ種の同時同定のためにプライマーを組み合わせてもよい。このシステムは、アレルゲン抽出物の工業的生産に使用するダニ培養物及びその精製画分(虫体及び糞便)におけるダニ種の証明/保証に使用することが可能である。最後に、このシステムは、任意工程である予備増幅工程を導入することにより、環境サンプル中のコナダニ亜目のダニ種の検出に最適化される。

【0011】

ダニ種の同定又は証明/保証のための新たな分子マーカー及び1又はそれより多い異なるコナダニ亜目ダニ種の同定、検出、識別又は弁別方法を提供するために、特定のコナダニ亜目の種について全長ITS1、5.8Sサブユニット及びITS2配列の配列情報を提供することが本発明の1つの目的である。当該配列情報を用いて、特定の種に独特である(種特異的)プライマーを設計こと及び全てのコナダニ亜目のダニ種に特異的である(ダニ特異的)プライマーを設計することもまた本発明の1つの目的である。実施が単純であり、強力であり、その上高度に正確であるシングルプレックス法及びマルチプレックス法を提供することも本発明の1つの更なる目的である。

【0012】

発明の概要

本発明者らは、コナダニ亜目の特定のダニ種に由来するrDNAの全長ITS1、5.8Sサブユニット及びITS2配列を、当該特定のダニ種の同定、検出又は識別に使用し得ることを見出した。

よって、第1の観点において、本発明は、サンプル中の1又はそれより多い異なるコナダニ亜目ダニ種の同定方法に関し、当該方法は、以下の工程：

10

20

30

40

50

a) 該サンプルからDNAを取得する工程；

b) 以下のプライマー；

i. 各プライマーが同定すべきダニ種の各々のrDNAのITS1配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする、1又はそれより多い、例えば1、2、3、4、5、6、7、8、9又は10の第1のプライマー、及び

ii. 同定すべきダニ種のrDNAの18S、5.8S若しくは28S配列のいずれかから選択される配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする1又はそれより多い、例えば1つの第2のプライマー

を用いて、例えばPCRにより、同定すべきダニ種の各々のrDNAの領域を増幅して、同定すべきダニ種に特異的なアンプリコンを生成する工程、及び；

c) アンプリコンの特徴を評価することによりダニ種を同定する工程を含んでなる。

【0013】

b)i.において、「各(第1の)プライマーが同定すべきダニ種の各々のrDNAのITS1配列に特異的にハイブリダイズする」とは、各(第1の)プライマーが同定すべき特定のコナダニ亜目ダニ種の1つの配列にのみハイブリダイズすることを意味すると理解すべきである。したがって、サンプル中に異なる種が存在する場合には、各第1のプライマーは1つの特定種にのみハイブリダイズし、その他にはハイブリダイズしない。1つの特定の実施形態において、第1のプライマーは、同定すべき異なるコナダニ亜目ダニ種の1つにのみハイブリダイズすることに加えて、他のいかなる既知のコナダニ亜目ダニ種のITS1にもハイブリダイズしないように設計される。したがって、第1のプライマーは、特定の1つの既知のコナダニ亜目ダニ種のITS1にのみハイブリダイズし、サンプルに存在するか又はそんざいしない他のいかなる既知のコナダニ亜目ダニ種ともハイブリダイズして同定することができない。

c)においては、数種のダニ種が存在するときには、各々が特定の1つの同定すべきダニ種に特異的である数種の異なるアンプリコンが生成されることを理解すべきである。

サンプルは、任意のコナダニ亜目ダニ含有サンプル、例えば大量飼育ダニ培養物のサンプル、その精製画分又は環境サンプルであり得る。具体的には、本方法により、大量飼育ダニ培養物の精製画分におけるダニ種の同定が可能になる。

サンプルからのDNAの取得は、当該分野において公知の方法(例えば、実施例に記載されるもの)に従う、後の増幅工程に適切な形態のDNAの抽出として理解されるべきである。

第1のプライマーはフォワードプライマーであり、第2のプライマーはリバースプライマーであってもよく、その逆でもあってもよい。

【0014】

本方法は、高感度で、実施が単純で、強力であり、サンプル中のダニ種同定において高度な正確性を提供する。

ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)は、DNA片の単一又は数個のコピーを大幅に増幅させて特定のDNA配列の数千～数百万のコピーを生じさせる、分子生物学における生化学的技術である。この技術は当業者に周知である。

簡潔には、PCR方法は、DNA融解及び酵素的DNA複製反応の加温・冷却反復サイクルからなる温度サイクルに依拠する。標的領域に相補的な配列を含むプライマー(短いDNAフラグメント)及びDNAポリメラーゼ(この酵素に因んでPCR法と名付けられた)が、選択的な反復増幅を可能にする鍵となる成分である。PCRが進行するにつれ、生成したDNA自体が複製用テンプレートとして使用され、連鎖反応が生じ、DNAテンプレートが指数関数的に増幅する。PCRは、多様な遺伝子操作を実行するために広範に改変することが可能である。

【0015】

ほとんど全てのPCR適用例では、熱安定DNAポリメラーゼ、例えばTaqポリメラーゼ(細菌 *Thermus aquaticus* から最初に単離された酵素)が用いられる。このDNAポリメラーゼは、テンプレートとしての一本鎖DNA及び(DNA合成の開始に必要である)DNAオリゴヌクレオチド(DNAプライマーとも呼ぶ)を用いることにより、DNA構築ブロック(ヌクレオチド)から新

10

20

30

40

50

たDNA鎖を酵素反応により組み立てる。大多数のPCR法は、温度サイクル、すなわち、規定された一連の温度ステップによるPCRサンプルの交互の加温及び冷却を利用する。第1の工程では、DNA二重螺旋の2つの鎖が、高温にて、DNA融解と呼ばれるプロセスで物理的に分離する。第2の工程では、温度が下げられ、2つのDNA鎖がDNAポリメラーゼのテンプレートとなって標的DNAが選択的に増幅する。PCRの選択性は、特定の温度サイクル条件下での、増幅の標的とされたDNA領域に相補的なプライマーの使用により達成される。

プライマーの設計及びPCR条件の最適化は、当業者が理解するように、PCRの特異性及び効率の鍵となる要因である。PCRの温度は、プライマーの融解温度(T_m 、プライマーとその相補配列とのハイブリダイゼーションにより形成される二重鎖の安定性の尺度)に従って最適化されるべきである。

標的DNAについての理論的プライマーを提案する種々のソフトウェアツールが利用可能である。教科書のガイドラインに従ってもよい。プライマーの組成は、該プライマーの融解温度及び該プライマーが標的DNAにハイブリダイズする能力に影響する。特に、プライマーの3'末端は、標的DNAに対して正確な相補性を有するべきである。

【0016】

1つの実施形態において、1つの(又は2若しくはそれより多い)第1のプライマーは、種特異的プライマーである。1つの更なる実施形態において、1つの(又は2若しくはそれより多い)第2のプライマーは、コナダニ亜目のダニに特異的な1つの共通プライマーである。1つの好適な実施形態において、1つの(又は2若しくはそれより多い)第1のプライマーは種特異的であり、1つの(又は2若しくはそれより多い)第2のプライマーはコナダニ亜目ダニに特異的な1つの共通プライマーである。このような実施形態は、単一アッセイ(例えば、マルチプレックス-PCR)において数種のコナダニ亜目ダニ種を同定すべき場合に、使用する異なるプライマーの数を低減させ得るという利点を有する。更に、第2のプライマーが同定すべき数種のコナダニ種に共通する1つのプライマーであり、その結果、生成するアンプリコンが1つの共通の出発点又は終点を有するときには、他端のプライマーは、各々の種について顕著に異なるサイズのアンプリコンを生じるように設計することがより単純である。顕著に異なるとは、サイズが少なくとも15bpは異なることを意味する。このサイズ差により、アガロースゲルを用いて電気泳動によりアンプリコンを分離することが確実に可能になる。アガロースゲルは、アンプリコンの配列により影響されず、したがってアンプリコン内の多形性に対して非感受性であるという利点を有する。アガロースゲルは、bpサイズによってのみアンプリコンを区別する。これに対して、ポリアクリルアミドゲルは、配列変動、例えば(ポリアクリルアミドゲル上での電気泳動の分解能に影響を与え得る)多形性に対して感受性である。よって、ポリアクリルアミドゲルでの分離は、配列の性質及び長さの両方に依存する。

マルチプレックス-PCRは、サンプル中、例えば環境サンプル中の異なるコナダニ亜目ダニ種の存在を同定すること、並びに単一種の培養物において純度及び交差汚染なしを証明/保証することにおいて有用であり得る。

幾つかの実施形態において、予備増幅工程が本方法に先行してもよい。サンプル、例えば環境サンプルのrDNA含量が低い場合に有利である。

【0017】

第2の観点において、本発明は、配列番号1~100若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列からなるリストより選択される核酸配列に少なくとも約80%同一である単離された核酸分子に関する。

幾つかの実施形態において、核酸分子はポリヌクレオチドである。

これら配列は、サンプル中の異なるダニ種の同定、検出、識別又は弁別用の新たなプライマー又はプローブの設計に有用である新たな配列情報を提供する。また、提供する配列情報により、同定されたコナダニ亜目ダニの系統発生学的類縁関係が確認される。

本明細書で、幾つかの実施形態に使用する場合、句「~に少なくとも約80%同一である」とは、配列番号1~100からなるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約81%同一である、例えば少なくとも約82%同一

10

20

30

40

50

である、例えば少なくとも約83%同一である、例えば少なくとも約84%同一である、例えば少なくとも約85%同一である、例えば少なくとも約86%同一である、例えば少なくとも約87%同一である、例えば少なくとも約88%同一である、例えば少なくとも約89%同一である、例えば少なくとも約90%同一である、例えば少なくとも約91%同一である、例えば少なくとも約92%同一である、例えば少なくとも約93%同一である、例えば少なくとも約94%同一である、例えば少なくとも約95%同一である、例えば少なくとも約96%同一である、例えば少なくとも約97%同一である、例えば少なくとも約98%同一である、例えば少なくとも約99%同一である、例えば約100%同一である配列をいう。

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号1～100からなるリストより選択される核酸配列又はそのフラグメントに少なくとも約80%同一である。

10

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号1～100からなるリストより選択される核酸配列又はそのフラグメントの相補鎖に少なくとも約80%同一である。

【0018】

1つの更なる観点において、本発明は、コナダニ亜目の1又はそれより多い、例えば1、2、3、4、5、6、7、8、9又は10の異なる種の核酸分子を含んでなる組成物に関し、当該核酸分子は、配列番号1～100からなるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である。

幾つかの実施形態において、本発明に従う組成物は、配列番号1～100からなるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である、コナダニ亜目の少なくとも2、例えば少なくとも3、例えば少なくとも4、例えば少なくとも5、例えば少なくとも6、例えば少なくとも7、例えば少なくとも8、例えば少なくとも9、例えば10の異なる種の核酸配列を含んでなる。

20

幾つかの実施形態において、本発明に従う組成物は、チロファグス ファネツハンゴルム [*Tyrophagus fanetzhangorum*]、レピドグリフス デストルクター [サヤアシニクダニ; *Lepidoglyphus destructor*]、グリシファグス ドメスティクス [イエニクダニ; *Glycyphagus domesticus*]、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ [*Euroglyphus maynei*]、ダーマトファゴイデス ミクロセラス [*Dermatophagoides microceras*]、アカルス シロ [アシプトコナダニ; *Acarus siro*] 及びダーマトファゴイデス ファリナエからなるリストより選択される2又はそれより多い、例えば2、3、4、5、6、7、8、9又は10の異なる種を検出、識別又は同定するための配列を含んでなる。

30

【0019】

幾つかの実施形態において、本発明に従う組成物は、配列番号1～100のいずれか1つ選択される配列中の5.8S若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約80%同一である核酸分子、例えばRast5.8(例えば、配列番号111により特定される核酸配列)又はその相補配列を更に含んでなる。

したがって、組成物は、1つの実施形態において、同定すべきコナダニ亜目ダニ種のITS1配列に基づいて設計された第1及び第2のプライマーを含んでなってもよい。1つの特定の実施形態において、第1のプライマーはITS1配列に基づいて設計され、第2のプライマーは5.8S配列に基づいて設計される。このような組成物は、単一アッセイにおいて数種のコナダニ亜目ダニ種を同定すべき場合に、使用する異なるプライマーの数を低減させ得るという利点を有する。当業者に明らかなように、フォワードプライマーの総量は リバースプライマーの総量と等しくなければならない。

40

【0020】

1つの更なる観点において、本発明は、コナダニ亜目の1又はそれより多い、例えば1、2、3、4、5、6、7、8、9又は10の異なる特定種の検出、識別又は同定のための、配列番号1～111からなるリストより独立して選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である1又はそれより多い核酸分子の使用に関する。幾つかの実施形態において、1又はそれより多い核酸分子は本発明に従う核酸分子である。幾つかの実施形態において、核酸分子は本明細書で規定するとおり

50

であるか、又は本発明に従う組成物の一部である。

幾つかの実施形態において、使用は、ITS1を含んでなる本明細書で規定するとおりの単離された核酸分子の、特定のコナダニ亜目ダニ種に独特であるプライマーを設計するための使用である。幾つかの実施形態において、使用は、5.8S又は18Sを含んでなる本明細書で規定するとおりの単離された核酸分子の、チロファグス ファネツハンゴルム、レビドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ及びダーマトファゴイデス ファリナエのコナダニ亜目ダニ種のrDNAのいずれかに特異的にハイブリダイズするプライマーを設計するための使用である。

10

【0021】

種の同定に有用である、ITS1の配列に基づく種特異的プライマーを設計するためには、以下の工程を行なってもよい：

1．コナダニ亜目ダニ種由来の既知のITS1配列を全て整列させる。個体内及び種内多形性を考慮して、天然の多形性を代表し得る各々の種に由来する1より多い配列を分析に含めることが推奨される。

2．上記整列から以下の2つの要件を満たす領域を選択する：高い種内保存性及び低い種間保存性(この領域を「種特異的」と規定することができる)

3．プライマー設計のための標準的役割(例えば、A/Tに対して、40%を超えるG/Cを含む18~32の連続ヌクレオチド；自己相補性がない など)に従って、上記2の領域の中からプライマーの設計に適切であり得る配列を含むものを選択する。

20

4．(例えば、「塩基スタッキング法」を用いて)比較的高いTm(Tmは52~56であり得る)を有し、18~30bp(18~23が推奨される)であり、GC組成、複雑性(ポリX及びトリプレット反復)、3'安定性及び自己二量体を考慮した良質のプライマーを設計する(プライマー設計には、ソフトウェアAmplifX v1.4.4([Nicolas Jullien 2001-2007]又は任意の他のソフトウェアを使用してもよい)。

5．プライマーの設計後、他の生物の既知配列に対して(主に3'末端で)高度類似性を示さないプライマーを選択する(この分析は公開データベースに対してBLASTNにより行なってもよい)。この時点で選択されたプライマーはPCRに関して良好な候補であるが、PCRに適切であり得るプライマーを選択するためには、選択を続けなければならない。

30

【0022】

種特異的な直接センスプライマーは、適切なリバーセンスプライマーと組み合わせられるべきであり、rDNAの保存領域に基づいているべきである。好ましくは、コナダニ亜目に特異的なプライマーであるべきである。よって、プライマーは、

i．PCR反応において使用されるリバーセンスプライマーと相補性を示さない

ii．マルチプレックスPCRにおいて使用される他のプライマーと相補性を示さないように選択すべきである。

最後に、PCRにおけるフォワード-リバーセンスプライマーの組合せは、異なる種のDNAを増幅するときに、異なるサイズのアンプリコンが得られるように設計すべきである。

【0023】

40

1つの更なる観点において、本発明は、本発明に従う方法により得られたアンプリコンに関する。

1つの更なる観点において、本発明は、本発明に従う方法により得られる1又はそれより多いアンプリコンに対応する(塩基対での)サイズの1又はそれより多いポリヌクレオチド(例えば、DNA)を含んでなる、本発明に従う方法における使用のための分子サイズマーカー組成物に関する。アンプリコンのサイズに対応するサイズは、アンプリコンの正確なサイズ ± 30 、20又は10塩基対を意味する。

このような組成物は、検出すべきダニのアンプリコンのサイズを分子マーカーと比較するときに有用であり得る。参照ヌクレオチドが評価すべきアンプリコンとほぼ同じサイズを有しているときには、肉眼で比較し、種を同定することがより容易である。

50

【 0 0 2 4 】

1つの更なる観点において、本発明は、サンプル中の1又はそれより多い異なるコナダニ亜目ダニ種の同定方法に関し、この方法は、以下の工程：

a) サンプルからDNAを取得する工程；

b) 以下のプライマー：

i. 各プライマーが同定すべきダニ種の各々のrDNAのITS1配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする第1のプライマー、及び

ii. 同定すべきダニ種のrDNAの18S、5.8S及び28S配列から選択される配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする第2のプライマー

を用いて、同定すべきダニ種の各々のrDNAの領域を増幅して、同定すべきダニ種に特異的なアンプリコンを生成する工程；及び

c) アンプリコンの分子サイズを評価することによりダニ種を同定する工程を含んでなる。

【 0 0 2 5 】

幾つかの実施形態において、本発明に従う方法は、1セット又はそれより多いフォワードプライマー及びリバープライマーセットを用いて実施され、ここで、1つのプライマーセットの少なくとも一方が前記種に特異的であり、配列番号1～100からなるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である配列と同一である。

幾つかの実施形態において、本発明に従う方法は、本発明に従う組成物のプライマーを用いて実施される。

幾つかの実施形態において、本発明に従う方法は、工程a)の後に、(例えば、18S、5.8S又は28S配列に特異的なプライマー対を使用する)前記サンプル中の任意のrDNA成分の(例えば、PCRによる)増幅工程を更に含んでなる。

このような予備増幅は、サンプルの同定すべきrDNA材料の含量が低い場合、例えば僅か2、3匹のダニ更には僅か1匹のダニが(例えば、環境サンプル中に)存在するときに有用であり得る。

【 0 0 2 6 】

1つの更なる観点において、本発明は、

a) 本発明に従う組成物；及び

b) 分子サイズマーカー、例えば本明細書に規定されたとりの分子サイズマーカー組成物を含んでなるキットに関する。

幾つかの実施形態において、本キットは、サンプル中の任意のrDNA成分の(例えば、PCRによる)増幅に適切な18S、5.8S又は28S配列に特異的な一对のプライマーを含んでなる。

幾つかの実施形態において、本キットは、抽出溶液及び/又は指示マニュアルを更に含んでなる。

【 0 0 2 7 】

1つの更なる観点において、本発明は、コナダニ亜目ダニ培養物又はその精製画分の保証標本[certified specimen]であって、該サンプル中の1又はそれより多い特定のコナダニ亜目ダニ種の正体が既知である保証標本の製造方法に関し、当該方法は、以下の工程：

a) 培養物又は精製画分のサンプルからDNAを取得する工程；

b) 前記種に特異的な核酸分子を検出する工程であって、前記配列が配列番号1～100からなるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約80%同一である核酸配列と同一である、工程；

c) 前記種に特異的な核酸分子の検出に基づいてコナダニ亜目の前記特定種を同定する工程；

d) 前記標本を取得する工程であって、該標本中のコナダニ亜目の1又はそれより多い特定種の正体が工程c)から既知である、工程を含んでなる。

10

20

30

40

50

【 0 0 2 8 】

幾つかの実施形態において、工程 b) は、1 セット又はそれより多いセットのフォワード及びリバースプライマーを用いる rDNA に対する PCR を利用して行ない、ここで、1 つのプライマーセットの少なくとも一方が前記種に特異的であり、配列番号 1 ~ 100 からなるリストより選択される核酸配列若しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約 80 % 同一である配列と同一である。

幾つかの実施形態において、PCR は、本明細書に規定されるとおりの組成物のプライマーを用いて実施される。

幾つかの実施形態において、(例えば、PCR による) 予備増幅工程が工程 b) に先行し、該予備増幅工程では、サンプル中の全てのコナダニ亜目ダニ種の rDNA が、rDNA の 18S 配列に特異的にハイブリダイズする第 1 のプライマー及び rDNA の 5.8S 又は 28S 配列から選択される配列に特異的にハイブリダイズする第 2 のプライマーを用いて増幅される。

幾つかの実施形態において、コナダニ亜目の 1 又はそれより多い特定種は、チロファグス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ及びダーマトファゴイデス ファリナエからなるリストより選択される。

【 0 0 2 9 】

1 つの更なる観点において、本発明は、本方法に従って製造されたダニ培養物又は精製画分、例えば、保証ダニ培養物又は保証精製画分の調製物に関する。

工程 b) i. において種-特異的 ITS1 由来の第 1 のプライマーを用いることに代えてか又は加えて、上記第 1 のプライマーと同じハイブリダイゼーション特性を有する(すなわち、コナダニ亜目の単一種の ITS1 配列の一部(又はその相補配列)と特異的にハイブリダイズする)検出可能なプローブを含む分子増幅を行なうことも同様に可能である；自明なことであるが、プローブは、得られるアンプリコンの一部と適合する核酸配列を有さなければならない。このようなプローブは、(当該分野において周知のように、各増幅サイクルの終了後に、特異的プローブからのシグナルを検出/記録することができる) qPCR 又はリアルタイム PCR の実施形態において特に有用である。このようなプローブは、例えば、蛍光プローブ及び適合するクエンチャーを備える核酸配列の形態であることができる(クエンチャーは、DNA ポリメラーゼによりプローブがアンプリコンに組み込まれたときに放出される)。したがって、アンプリコン中に最終的に存在するプローブのみが蛍光を発し、当該分野において周知の方法により、各サイクルのアンプリコン量の正確な量的尺度が提供される。第 1 のプライマー及びこのプローブの両方が本明細書に規定された第 1 のプライマーについてのハイブリダイゼーション要件を満たす場合には、特に高い特異性を得ることができるが、上記のように、特異的プローブが含まれている場合には、第 1 のプライマーとしてより一般的なプライマーを使用することができる。決定されるべき種が数種である実施形態において、各々の種を検出するために使用する蛍光プローブは、各々が異なる波長の蛍光を発するように独自に標識可能である；したがって、マルチプレックス増幅において、該当する波長の相対的蛍光強度に相関させることにより、異なるアンプリコンの相対量を決定することができる。

【 図面の簡単な説明 】

【 0 0 3 0 】

【 図 1 】 ALK-ABELLO から提供されたダニ培養物から抽出した DNA の 1 ステップマルチプレックス-PCR 分析。各レーンは、左から、M. (100bp DNA Ladder (Promega))、Ma (アレルギーを引き起こすダニの同定に採用したマーカー)、T. ファネツハンゴルム (Tf)、レピドグリフス デストルクター (Ld)、グリシファグス ドメスティクス (Gd)、D. プテロニシヌス (Dp)、チロファグス プトレセンチアエ (Tp)、Ma、プロミア トロピカリス (Bt)、ユーログリフス マイネイ (Em)、ダーマトファゴイデス ミクロセラス (Dm)、アカルス シロ (As)、D. ファリナエ (Df)、Ma 及び M. である (実施例 4 を参照)。

【 図 2 】 ALK-ABELLO から提供されたダニ培養物から抽出した DNA の 2 ステップマルチプレ

ックス-PCR分析。各レーンは、左から、M.(100bp DNA Ladder (Promega))、Ma(アレルギーを引き起こすダニの同定に適応したマーカー)、T.ファネツハンゴルム(Tf)、レピドグリフス デストルクター(Ld)、グリシファグスドメスティクス(Gd)、D.プテロニシヌス(Dp)、チロファグス プトレセンチアエ(Tp)、Ma、プロミア トロピカリス(Bt)、ユーログリフス マイネイ(Em)、ダーマトファゴイデス ミクロセラス(Dm)、アカルス シロ(As)、D.ファリナエ(Df)、Ma及びM.である(実施例4を参照)。

【図3】Maマーカー。チロファグス ファネツハンゴルム(Tf)、レピドグリフス デストルクター(Ld)、グリシファグス ドメスティクス(Gd)、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス(Dp)、チロファグス プトレセンチアエ(Tp)、プロミア トロピカリス(Bt)、ユーログリフス マイネイ(Em)、ダーマトファゴイデス ミクロセラス(Dm)、アカルス シロ(As)、ダーマトファゴイデス ファリナエ(Df)について実施例2で生成したアンプリコンに対応するbpサイズのヌクレオチドから調製したDNAラダー。

【図4】実施例2及び実施例3の工程3のプライマーの説明。

【図5】実施例3の工程2(予備増幅)のプライマーの説明。

【図6】ALK-ABELLOから提供されたダニ培養物から抽出したDNAの1ステップマルチプレックス-PCR分析。各レーンは、左から、100bp DNA Ladder(Promega)、T.ファネツハンゴルム(Tf)、レピドグリフス デストルクター(Ld)、グリシファグスドメスティクス(Gd)、D.プテロニシヌス(Dp)、チロファグス プトレセンチアエ(Tp)、プロミア トロピカリス(Bt)、ユーログリフス マイネイ(Em)、ダーマトファゴイデス ミクロセラス(Dm)、アカルス シロ(As)、D.ファリナエ(Df)、及び100bp DNA Ladder(Promega)である。

【発明を実施するための形態】

【0031】

発明の詳細な開示

定義

本開示で使用する場合、「1(つ)」は、特に示さない限り、「少なくとも1つ」又は「1又はそれより多い」を意味する。更に、用語「含んでなる」は「含む」を意味するものとし、よって明示されたもの以外のその他の構成要素、特徴、条件又は工程の存在を許容する。

用語 大量飼育培養物の「精製画分」とは、ダニ起源、例えばダニ虫体(虫体画分)又はダニ糞便(糞便画分)である培養物の画分をいう。精製画分は、ダニ培養物から、任意の分画法により、例えばサンプルの篩い分け又はその他の分離法により取得し得る。精製画分の主要な含有物は、培養物の他の構成成分(例えば、栄養素及び消費物)とは対照的な、1又はそれより多い特定のダニ種の虫体又は糞便である。

用語「同定」とは、本明細書で使用する場合、サンプル中の1又はそれより多い特定のコナダニ亜目ダニ種の存在の単なる検出又は決定、特定のコナダニ亜目ダニ種の同定、及びサンプル中の1又はそれより多い異なる特定のコナダニ亜目ダニ種を識別する能力をいう。例えば、ダニ種の同定とは、個々のダニがどの系統発生的な属、種又は亜種に属するかを決定することをいうことがある。

【0032】

用語「リボソームDNA」又は「rDNA」とは、本明細書で使用する場合、リボソームRNA(例えば、コナダニ亜目ダニ種のリボソームRNA)をコードするDNA配列をいう。リボソームは、タンパク質と、mRNA分子を翻訳してタンパク質を産生するrRNA分子との組立体である。ダニを含む真核生物のrDNAは、エレメント18S、ITS1、5.8S、ITS2及び28Sを含む単位セグメント(オペロン)の縦列反復からなる。

用語「内部転写スペーサー1(ITS1)」又はITS1とは、本明細書で使用する場合、構造的リボソームRNAである18S rRNA及び5.8S rRNAをコードする核酸配列間に位置する(例えば、配列番号1~100のいずれか1つの中の)核酸配列をいう。したがって、ITS1は、18S及び5.8Sとの境界(それぞれ、5' AGGATCATTA 3'及び5' CTGYAGTGG 3')を有することにより規定される。

用語「内部転写スペーサー2(ITS2)」又はITS2とは、本明細書で使用する場合、構造的

リボソームRNAである5.8S rRNA及び28S rRNAをコードする核酸配列間に位置する(例えば、配列番号1~100のいずれか1つの中の)核酸配列をいう。したがって、ITS2は、5.8S及び28Sとの境界(それぞれ、5' TGAGCGTCGT 3' 及び5' CGACCTCAG 3')を有することにより規定される。

用語「5.8S」とは、本明細書で使用する場合、ITS1とITS2との間に位置する(例えば、配列番号1~100のいずれか1つの中の)核酸配列(例えば、配列番号1~100の、境界5' CTGYYAGTGG 3' 及び5' TGAGCGTCGT 3')を有する構造的リボソームRNAをコードする核酸配列)をいう。

用語「28S」とは、本明細書で使用する場合、配列番号1~100の、境界(5' CGACCTCAG 3')を有する、ITS2の直ぐ下流の構造的リボソーム28S RNAをコードする核酸配列をいう。

用語「18S」とは、本明細書で使用する場合、配列番号1~100の、境界(5' AGGATCATTA 3')を有する、ITS1の直ぐ上流の構造的リボソーム18S RNAをコードする核酸配列をいう。

【0033】

本明細書で使用する場合、用語「第1のプライマー」とは、rDNAフラグメントの(例えば、PCRによる)増幅において使用するプライマーセット中のプライマーをいう。第1のプライマーは、「第2のプライマー」との関係で、フォワードプライマーであってもよいし、又はリバースプライマーであってもよい。また、用語「第2のプライマー」とは、リボソームDNAの(例えば、PCRによる)増幅において使用するプライマーセット中のプライマーをいう。

「単離(された)」分子は、当該分子が見出される組成物中で、当該分子が属する分子クラスに関して優勢な種である分子である(すなわち、該分子は、当該組成物中で分子タイプの少なくとも約50%を構成し、代表的には当該組成物中の分子種(例えば、ヌクレオチド又はペプチド)の少なくとも約70%、少なくとも約80%、少なくとも約85%、少なくとも約90%、少なくとも約95%又はそれより多くを構成する)。通常、核酸分子の組成物は、該組成物中に存在する全ての核酸種との関連では、核酸分子に関して、又は提案される使用との関連では、少なくとも実質的に活性な核酸種に関して、98%~99%の同質性を示す。

【0034】

用語「~に特異的にハイブリダイズする」とは、適切な条件下で、該当する核酸と特異的にハイブリダイズするプライマー又はプローブをいう。前記適切な条件は、好ましくは、下記のとおりストリンジェントなハイブリダイゼーション条件である。1つの好適な実施形態において、プローブは、或る1つの核酸(例えば、特定の1つのダニ種クローンのrDNA)とのみハイブリダイズする。例えば、ITS1配列に「特異的にハイブリダイズする」プライマー又は「特異的プライマー」とは、複数のダニ種のサンプル中の1つのダニ種にのみハイブリダイズするプライマーをいう。同様に、所定のダニ種に「特異的な」アンプリコンとは、複数のダニ種を含んでなるサンプル中の1つの同定すべきダニ種にのみ存在する(又は該ダニ種のみから増幅される)アンプリコンをいう。或いは、プローブは、同じタイプのダニ種の数種の核酸クローンとハイブリダイズすることが好ましい。

【0035】

「ストリンジェントなハイブリダイゼーション条件」として、例えば、以下を含む条件が挙げられる：4×SSC(600mM塩化ナトリウム、60mMクエン酸ナトリウム)中65℃で一晩のインキュベーション、続いて0.1×SSC中65℃で1時間の洗浄工程。或いは、50%ホルムアミド、5×SSC(750mM塩化ナトリウム、75mMクエン酸ナトリウム)、50mMリン酸ナトリウム(pH7.6)、5×デンハート溶液、10%リン酸デキストラン及び20µg/mlサケ精子由来変性切断DNAを含む溶液中42℃でのインキュベーション、続いて0.1×SSC中約65℃で5~20分間の洗浄工程も可能である。これらハイブリダイゼーション条件は、高度にストリンジェントなハイブリダイゼーション条件として当業者に公知である。特に断らない限り、ヌクレオチドについて、用語「配列同一性」とは、本明細書で使用する場合、 $100 - (n_{ref} - n_{dif}) \times 100 / n_{ref}$ (式中、 n_{dif} は、2つの配列を整列させたときに、非同一であるヌクレオ

10

20

30

40

50

チドの総数であり、 n_{ref} は一方の配列の残基数である)として算出される配列同一性をいう。

特に断らない限り、残基数 n_{ref} は最も短い配列のものであり、整列は最も短い配列の長さに対してのみ行なう。したがって、短いプライマーをより長いDNA配列と比較する場合には、重複部分又はその対応領域の配列のみを比較する。よって、核酸配列GCATACCGTGTGAAGCAGGは、配列AAATACCGTGTGAAGCAAAと80%の配列同一性を有する($n_{diff} = 4$ 、 $n_{ref} = 20$)。整列は正順方向に行なってもよいし、又は逆方向に行なってもよい。最大の類似性を示す整列を用いるべきである。

【0036】

幾つかの実施形態において、配列同一性は、伝統的な方法、例えば、Smith and Waterman(1981, Adv. Appl. Math. 2:482)により、Pearson & Lipman(1988, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:2444)の類似性についての検索方法により、Thompsonら(1994, Nucleic Acids Res 22:467380)のCLUSTAL Wアルゴリズムを用いて、これらアルゴリズムのコンピュータ実行(Wisconsin Genetics Software Package[Genetics Computer Group]のBLASTN、BLASTX及びTBLASTX、GAP、BESTFIT、FASTA及びTFASTA)により決定される。また、National Center for Biotechnology Information (www.ncbi.nlm.nih.gov/)よりソフトウェアが得られるBLASTアルゴリズム(Altschulら, 1990, Mol. Biol. 215:403-10)を用いてもよい。前記アルゴリズムのいずれかを用いる場合には、「ウィンドー」長、ギャップペナルティなどについてデフォルトパラメータを用いる。

配列同一性分析にはデータベース検索及び整列が含まれる。公開データベースの例としては、DNA Database of Japan (DDBJ)(ウェブサイトddbj.nig.ac.jp/) ; Genebank(ウェブサイトncbi.nlm.nih.gov/Web/Search/Index.html) ; 及びEuropean Molecular Biology Laboratory Nucleic Acid Sequence Database(EMBL)(ウェブサイトebi.ac.uk/ebi_docs/embl_db/embl-db.html)が挙げられる。他の適切なデータベースとしては、dbEST(ウェブサイトncbi.nlm.nih.gov/dbEST/index.html)、Swissprot(ウェブサイトebi.ac.uk/ebi_docs/swisprot_db/swisshome.html)、PIR(ウェブサイトnbrt.georgetown.edu/pir/)及びThe Institute for Genome Research(ウェブサイトtigr.org/tdb/tdb.html)が挙げられる。

【0037】

幾つかの異なる検索アルゴリズムが開発されており、その一例がBLASTプログラムと呼ばれる一式のプログラム群である。BLASTには5種の実行形態が存在し、3つはヌクレオチド配列クエリー用であり(BLASTN、BLASTX及びTBLASTX)、2つはタンパク質配列クエリー用(BLASTP及びTBLASTN)である(Coulson, Trends in Biotechnology 12:76-80 (1994) ; Birrenら, Genome Analysis 1, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. 543-559 (1997))。

BLASTNは、ヌクレオチド配列(クエリー配列)及びその逆相補鎖を受け取り、それらをヌクレオチド配列データベースに対して検索する。BLASTNは最大感度のためではなく、速度のために設計されたので、遠縁のコーディング配列を見出し得ないこともある。BLASTXは、ヌクレオチド配列を受け取り、3つのフォワードリーディングフレーム及び3つの逆相補リーディングフレームで翻訳し、6つの翻訳物をタンパク質配列データベースと比較する。BLASTXは、予備的な(シングルパス)配列データの高感度分析に有用であり、シーケンシングエラーに対して寛容である(Gish and States, Nature Genetics 3:266-272 (1993) ; この全体が引用により本明細書に組み込まれる)。BLASTN及びBLASTXはESTデータの分析と一緒に使用され得る(Coulson, Trends in Biotechnology 12:76-80 (1994) ; Birrenら, Genome Analysis 1:543-559 (1997))。

【0038】

コーディングヌクレオチド配列及びそれがコードするタンパク質が与えられたならば、タンパク質をクエリー配列として用いてデータベースを検索することが好ましいことが多い。なぜならば、より微かな類縁関係を検出する感度が極めて高いからである。これは、核酸配列の文字(4塩基 ; 偶然による一致が遥かに容易い)と比較してタンパク質の文字(20アミノ酸)が多いことに起因する。加えて、ヌクレオチドの整列では一致(プラススコア)

か不一致(マイナススコア)しか得られないが、タンパク質では保存的アミノ酸置換の存在を考慮することができる。よって、不一致は、非同一の残基がそれと置き換わった残基に類似する物理的/化学的特性を有する場合には、プラススコアを与え得る。全ての可能なアミノ酸対の置換スコアを提供するための種々の採点マトリクスを用いる。一般的な目的の採点システムはBLOSUM62マトリクスであり(Henikoff and Henikoff, Proteins 17:49-61 (1993); この全体が引用により本明細書に組み込まれる)、これは、現在、BLASTプログラムのデフォルトの選択肢である。BLOSUM62は、中程度の多様化配列の整列のために作成されたものであり、よって全ての条件下で最良の結果を得ることはできない。Altschul(J. Mol. Biol. 36:290-300 (1993); この全体が引用により本明細書に組み込まれる)は、全ての偶発性(contingency)をカバーする3つのマトリクスの組合せを記載する。これは、感度を向上させ得るが、検索速度は遅い。実際には、BLOSUM62マトリクスを単独で用いることが多いが、更なる分析が必要な場合にはその他のもの(PAM40及びPAM250)を試みてもよい。低PAMマトリクスは、非常に強力であるが限局された配列類似性の検出を指向するものである一方、高PAMマトリクスは、非常に遠縁の配列同士の長い弱い整列の検出を指向するものである。

10

20

30

【0039】

比較配列分析に使用することができる他の生物のホモログが利用可能である。複数の整列を行い、関連配列群における類似性及び相違性を調べる。CLUSTAL Wは、Feng and Doolittle(J. Mol. Evol. 25:351-360 (1987); この全体が引用により本明細書に組み込まれる)の方法に基づいて順繰り複数配列整列を行なう複数配列整列パッケージである。配列の各対を整列させ、各対間の距離を算出する; この距離マトリクスから、ガイドツリー(guide tree)を算出し、このツリーに基づいて全ての配列を順繰りに整列させる。このプログラムの1つの特徴は、整列に対するギャップの影響に対する感度である; 構造化領域の中央に代えて推定のループ領域へのギャップ挿入を推奨するように、ギャップペナルティーを変化させる。ユーザは、2つ一組の整列及び複数整列の両方について、ギャップペナルティーを指定し、或る数の採点マトリクスから選択し、又は独自の採点マトリクスを提供することができる。UNIX及びVMSシステム用のCLUSTAL Wは、ftb.ebi.ac.ukから入手可能である。別の1つのプログラムはMACAW(Schulerら, Proteins Struct. Func. Genet. 9:180-190 (1991); この全体が引用により本明細書に組み込まれる)であり、Macintoshバージョン及びMicrosoft Windowsバージョンの両方が入手可能である。MACAWはグラフィカルインターフェースを利用し、数種の整列アルゴリズムの選択を提供し、ncbi.nlm.nih.gov(directory/pub/macaw)から匿名FTPにより入手可能である。

【0040】

発明の具体的実施形態

上記のとおり、本発明は、サンプル中の1又はそれより多い異なるコナダニ亜目ダニ種の同定方法に関し、当該方法は、以下の工程:

a) 該サンプルからDNAを取得する工程;

b) 以下のプライマー:

i. 同定すべきダニ種のrDNAのITS1配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする1又はそれより多い、例えば1、2、3、4、5、6、7、8、9又は10の第1のプライマー、及び

ii. 同定すべきダニ種のrDNAの18S、5.8S若しくは28S配列のいずれかから選択される配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズする1又はそれより多い、例えば1つの第2のプライマー

を用いて、例えばPCRにより、同定すべきダニ種の各々のrDNAの領域を増幅して、同定すべきダニ種に特異的なアンプリコンを作成する工程、及び;

c) アンプリコンの特徴を評価することによりダニ種を同定する工程を含んでなる。

【0041】

幾つかの実施形態において、工程b)では、生成したアンプリコンは同定すべき特定の

40

50

ダニ種に特徴的な分子サイズを有する。

幾つかの実施形態において、工程 c) では、ダニ種は、同定すべきダニ種に特徴的であるアンプリコンの分子サイズを評価することにより特定される。

しかし、アンプリコンは、アンプリコンを配列決定し、配列番号 1 ~ 100 と比較してダニ種を特定することにより特徴付けてもよい。

幾つかの実施形態において、13未満、例えば10、例えば8、例えば6、例えば5、例えば3つの異なるコナダニ亜目ダニが同定される。

幾つかの実施形態において、工程 b) では、同定すべきダニ種に特異的な2又はそれより多いアンプリコンが生成され、該アンプリコンは、長さが、少なくとも15bp、例えば16、17、18、19、20、21、22、23、24、25、26、27、28、29又は30bp異なる。

幾つかの実施形態において、第2のプライマーは、同定すべきコナダニ亜目ダニ種のいずれかの前記配列の少なくとも15の連続ヌクレオチドに90%、例えば91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である。

【0042】

幾つかの実施形態において、工程 b) i. で使用する1又はそれより多い第1のプライマーは、3'末端に、同定すべきダニ種のいずれかのITS1配列に対して正確な相補性を有する少なくとも3、例えば4、5又は6の連続ヌクレオチドを含む。

幾つかの実施形態において、工程 b) i. で使用する1又はそれより多い第1のプライマーは、同定すべきダニ種のITS1配列のいずれかの対応部分又はその相補部分の配列に少なくとも約70%、例えば76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99%同一である。

幾つかの実施形態において、本方法は、サンプル中の少なくとも2、3、4、5、6、7、8、9、10、11若しくは12又はそれより多くの異なるコナダニ亜目ダニ種の同定のための方法である。

幾つかの実施形態において、工程 c) は、アンプリコンの分子サイズを、分子マーカー組成物の参照ヌクレオチドの分子サイズと比較することにより行なわれ、ここで、該参照ヌクレオチドのサイズは該当する塩基対間隔にわたるサイズである。

【0043】

参照ヌクレオチド組成物は商業的に入手可能である。一例は、Thermo Scientific Gene Ruler 100bp DNA Ladderである。これは、1000、900、800、700、600、500、400、300、200、100bpの参照ヌクレオチドを含む。これは、アガロースゲル及びポリアクリルアミドゲルの両方に適切である。別のDNAラダーはPromegaから入手可能である。このラダーは緩衝液に溶解されており、分析されるべきDNAサンプルとともに電気泳動される。このような古典的なDNAラダーを用いてアンプリコンサイズを読み取るときには、アンプリコンサイズは、従来、アンプリコンが移動した距離と、ラダーの(100bpごと増えるサイズを有する)参照ヌクレオチドが移動した距離とを肉眼で比較することにより評価される。

幾つかの実施形態において、参照ヌクレオチドのサイズは、同定すべきダニ種に特徴的なアンプリコンのサイズに相当する。同定すべきアンプリコンのサイズの参照ヌクレオチドを用いる利点は、アンプリコンのサイズと参照ヌクレオチドのサイズとの(特に、肉眼による)比較がより容易になるということである。

参照ヌクレオチド組成物をサンプルと共にゲル上で電気泳動することで、サンプルの結果を参照ヌクレオチド組成物と比較することにより、電気泳動の結果から直接、サンプル中に存在する各コナダニ亜目ダニ種の同定が可能になる。同定工程は必要ない。例えば、同定すべきダニ種につき、アンプリコンを配列決定することも、複数のアンプリコンのバンドパターンを評価することも必要ない。

【0044】

幾つかの実施形態において、(例えば、PCRによる)予備増幅工程が工程 b) に先行する。該予備増幅工程において、サンプル中の全てのコナダニ亜目ダニ種のITS1領域を含むrDNAは、該rDNAの18S配列に特異的にハイブリダイズする第1のプライマー及び該rDNAの5.8S及び28S配列から選択される配列に特異的にハイブリダイズする第2のプライマーを用い

て増幅される。

幾つかの実施形態において、サンプルは環境サンプルである。

幾つかの実施形態において、サンプルは大量飼育培養物又はその精製画分に由来する。

幾つかの実施形態において、サンプルは大量飼育培養物又はその精製画分に由来し、請求項10に記載の予備増幅工程は行なわれない。

【0045】

幾つかの実施形態において、各プライマーが同定すべき1つのダニ種のITS1配列又はその相補配列に特異的にハイブリダイズし、同定すべき他のダニ種にはハイブリダイズしない2又はそれより多い第1のプライマーが使用される。

幾つかの実施形態において、第1のプライマーは、配列番号1～10、配列番号11～20、配列番号21～30、配列番号31～40、配列番号41～50、配列番号51～60、配列番号61～70、配列番号71～80、配列番号81～90及び配列番号91～100のいずれか1つにより特定される2群又はそれより多い、例えば2、3、4、5、6、7、8、9又は10群の配列に基づいて設計される。

10

幾つかの実施形態において、b)i.で言及される第1のプライマーは、配列番号1～100のいずれか1つから選択される配列のITS1若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である配列を含んでなる。

幾つかの実施形態において、第1のプライマーは、少なくとも約6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24又は25の連続ヌクレオチド長である。

20

幾つかの実施形態において、第1のプライマーは、せいぜい約70、60、50、40、30、25、23、20の連続ヌクレオチド長である。

【0046】

幾つかの実施形態において、第1のプライマーは、配列番号101、102、103、104、105、106、107、108、109、110、122、123及び124からなるリストより選択される核酸配列若しくはその相補配列又はそのフラグメント若しくは該フラグメントの相補配列に少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である配列を含んでなる。

30

幾つかの実施形態において、第1のプライマーは、配列番号101、102、103、104、105、106、107、108、109、110、122、123及び124からなるリストより選択される核酸配列若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である配列からなる。

【0047】

幾つかの実施形態において、第2のプライマーは、配列番号1～100のいずれか1つより選択される配列中の5.8Sのフラグメント又はその相補配列に少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である核酸配列、例えばRast5.8(例えば、配列番号111により特定される核酸配列)若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントを含んでなる。

40

幾つかの実施形態において、第2のプライマーは、配列番号1～100の1つより選択される配列中の18Sのフラグメント又はその相補配列に少なくとも約70%、例えば71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100%同一である核酸配列、例えばFRibNav(例えば、配列番号121により規定される核酸配列)若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントを含んでなる。

幾つかの実施形態において、コナダニ亜目の1又はそれより多い異なる種は、チロファ

50

グス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメステ
イクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロ
ミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、
アカルス シロ及びダーマトファゴイデス ファリナエからなる群より選択される。

【 0 0 4 8 】

上記のとおり、本発明は、配列番号 1 ~ 100 からなるリストより選択される核酸配列若
しくはそのフラグメント又はそれらの相補配列に少なくとも約 80 % 同一である単離された
核酸分子に関する。

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、少なくとも約 6、7、8、9、10
、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24 又は 25 の連続ヌクレオチド
長である。

10

【 0 0 4 9 】

幾つかの実施形態において、本発明に従う単離された核酸分子は、少なくとも 7、例え
ば少なくとも 8、例えば少なくとも 9、例えば少なくとも 10、例えば少なくとも 11、例え
ば少なくとも 12、例えば少なくとも 13、例えば少なくとも 14、例えば少なくとも 15、例え
ば少なくとも 16、例えば少なくとも 17、例えば少なくとも 18、例えば少なくとも 19、例え
ば少なくとも 20、例えば少なくとも 21、例えば少なくとも 22、例えば少なくとも 23、例え
ば少なくとも 24、例えば少なくとも 25、例えば少なくとも 26、例えば少なくとも 27、例え
ば少なくとも 28、例えば少なくとも 29、例えば少なくとも 30、例えば少なくとも 31、例え
ば少なくとも 32、例えば少なくとも 33、例えば少なくとも 34、例えば少なくとも 35、例え
ば少なくとも 36、例えば少なくとも 37、例えば少なくとも 38、例えば少なくとも 39、例え
ば少なくとも 40、例えば少なくとも 41、例えば少なくとも 42、例えば少なくとも 43、例え
ば少なくとも 44、例えば少なくとも 45、例えば少なくとも 46、例えば少なくとも 47、例え
ば少なくとも 48、例えば少なくとも 49、例えば少なくとも 50、例えば少なくとも 51、例え
ば少なくとも 52、例えば少なくとも 53、例えば少なくとも 54、例えば少なくとも 55、例え
ば少なくとも 56、例えば少なくとも 57、例えば少なくとも 58、例えば少なくとも 59、例え
ば少なくとも 60、例えば少なくとも 61、例えば少なくとも 62、例えば少なくとも 63、例え
ば少なくとも 64、例えば少なくとも 65、例えば少なくとも 66、例えば少なくとも 67、例え
ば少なくとも 68、例えば少なくとも 69、例えば少なくとも 70、例えば少なくとも 71、例え
ば少なくとも 72、例えば少なくとも 73、例えば少なくとも 74、例えば少なくとも 75、例え
ば少なくとも 76、例えば少なくとも 77、例えば少なくとも 78、例えば少なくとも 79、例え
ば少なくとも 80、例えば少なくとも 81、例えば少なくとも 82、例えば少なくとも 83、例え
ば少なくとも 84、例えば少なくとも 85、例えば少なくとも 86、例えば少なくとも 87、例え
ば少なくとも 88、例えば少なくとも 89、例えば少なくとも 90、例えば少なくとも 91、例え
ば少なくとも 92、例えば少なくとも 93、例えば少なくとも 94、例えば少なくとも 95、例え
ば少なくとも 96、例えば少なくとも 97、例えば少なくとも 98、例えば少なくとも 99、例え
ば少なくとも 100、例えば少なくとも 101、例えば少なくとも 102、例えば少なくとも 103、
例えば少なくとも 104、例えば少なくとも 105、例えば少なくとも 106、例えば少なくとも 1
07、例えば少なくとも 108、例えば少なくとも 109、例えば少なくとも 110、例えば少なく
とも 111、例えば少なくとも 112、例えば少なくとも 113、例えば少なくとも 114、例え
ば少なくとも 115、例えば少なくとも 116、例えば少なくとも 117、例えば少なくとも 118、例え
ば少なくとも 119、例えば少なくとも 120、例えば少なくとも 121、例えば少なくとも 122、
例えば少なくとも 123、例えば少なくとも 124、例えば少なくとも 125、例えば少なくとも 1
26、例えば少なくとも 127、例えば少なくとも 128、例えば少なくとも 129、例えば少なく
とも 130、例えば少なくとも 131、例えば少なくとも 132、例えば少なくとも 133、例え
ば少なくとも 134、例えば少なくとも 135、例えば少なくとも 136、例えば少なくとも 137、例え
ば少なくとも 138、例えば少なくとも 139、例えば少なくとも 140、例えば少なくとも 141、
例えば少なくとも 142、例えば少なくとも 143、例えば少なくとも 144、例えば少なくとも 1
45、例えば少なくとも 146、例えば少なくとも 147、例えば少なくとも 148、例えば少なく
とも 149、例えば少なくとも 150、例えば少なくとも 151、例えば少なくとも 152、例え
ば少

20

30

40

50

[illegible]

[illegible]

なくとも496、例えば少なくとも497、例えば少なくとも498、例えば少なくとも499、例えば少なくとも500、例えば少なくとも501、例えば少なくとも502、例えば少なくとも503、例えば少なくとも504、例えば少なくとも505、例えば少なくとも506、例えば少なくとも507、例えば少なくとも508、例えば少なくとも509、例えば少なくとも510、例えば少なくとも511、例えば少なくとも512、例えば少なくとも513、例えば少なくとも514、例えば少なくとも515、例えば少なくとも516、例えば少なくとも517、例えば少なくとも518、例えば少なくとも519、例えば少なくとも520、例えば少なくとも521、例えば少なくとも522、例えば少なくとも523、例えば少なくとも524、例えば少なくとも525、例えば少なくとも526、例えば少なくとも527、例えば少なくとも528、例えば少なくとも529、例えば少なく

[illegible]

[illegible]

[illegible]

0
20
40
60

い28、例えばせいぜい27、例えばせいぜい26、例えばせいぜい25の連続ヌクレオチド長である。

【 0 0 5 1 】

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、せいぜい約1200、1100、1000、900、800、700、600、500、400、300、200、100、90、80、70、60、50、40、30、又は20の連続ヌクレオチド長である。

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はチロファグス ファネツハンゴルムに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はレピドグリフス デストルクターに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はグリシファグス ドメスティクスに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はダーマトファゴイデス プテロニシヌスに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はチロファグス プトレセンチアエに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はプロミア トロピカリスに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はユーログリフス マイネイに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はダーマトファゴイデス ミクロセラスに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はアカルス シロに特異的である。幾つかの実施形態において、単離された核酸分子はダーマトファゴイデス ファリナエに特異的である。

10

【 0 0 5 2 】

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号 1 ~ 100のいずれか 1 つから選択される配列の内部転写スペーサー 1 (ITS1)若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約80%同一である配列を含んでなる。

20

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号 1 ~ 100のいずれか 1 つから選択される配列の内部転写スペーサー 2 (ITS2)若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約80%同一である配列を含んでなる。

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号 1 ~ 100のいずれか 1 つから選択される同じ配列の内部転写スペーサー 1 (ITS1)及び内部転写スペーサー 2 (ITS2)若しくはそれらの相補配列又はそれらのフラグメントに少なくとも約80%同一である配列を含んでなる。

30

【 0 0 5 3 】

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号101、102、103、104、105、106、107、108、109、110、122、123及び124からなるリストより選択される核酸配列若しくはその相補配列又はそれらのフラグメント若しくは該フラグメントの相補配列に少なくとも約80%同一である配列を含んでなる。

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号101、102、103、104、105、106、107、108、109、110、122、123及び124からなるリストより選択される核酸配列若しくはその相補配列又はそれらのフラグメント若しくは該フラグメントの相補配列に少なくとも約80%同一である配列からなる。

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号 1 ~ 100のいずれか 1 つから選択される配列中の5.8S又はその相補配列に少なくとも約80%同一である核酸配列、例えばRast5.8(例えば、配列番号111により規定される核酸配列)若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントを含んでなる。

40

幾つかの実施形態において、単離された核酸分子は、配列番号 1 ~ 100のいずれか 1 つから選択される配列中の18S又はその相補配列に少なくとも約80%同一である核酸配列、例えばFRibNav(例えば、配列番号121により規定される核酸配列)若しくはその相補配列又はそれらのフラグメントを含んでなる。

【 0 0 5 4 】

配列：

Clon_DM1 (配列番号 1)

Clon_DM21 (配列番号 2)

50

Clon_DM6 (配列番号 3)	
Clon_DM20 (配列番号 4)	
Clon_DM9 (配列番号 5)	
Clon_DM12 (配列番号 6)	
Clon_DM7 (配列番号 7)	
Clon_DM11 (配列番号 8)	
Clon_DM14 (配列番号 8)	
Clon_DMA (配列番号10)	
Clon_DF1 (配列番号11)	
Clon_DF6 (配列番号12)	10
Clon_DF4 (配列番号13)	
Clon_DF26 (配列番号14)	
Clon_DF4_50 (配列番号15)	
Clon_DF19 (配列番号16)	
Clon_DF3 (配列番号17)	
Clon_DF5 (配列番号18)	
Clon_DF2 (配列番号19)	
Clon_DF7 (配列番号20)	
Clon_AS15 (配列番号21)	
Clon_AS14 (配列番号22)	20
Clon_AS20 (配列番号23)	
Clon_AS13 (配列番号24)	
Clon_AS10 (配列番号25)	
Clon_AS11 (配列番号26)	
Clon_AS2 (配列番号27)	
Clon_AS12 (配列番号28)	
Clon_AS1 (配列番号29)	
Clon_AS16 (配列番号30)	
Clon_BT8 (配列番号31)	
Clon_BT9 (配列番号32)	30
Clon_BT16 (配列番号33)	
Clon_BT3 (配列番号34)	
Clon_BT14 (配列番号35)	
Clon_BT17 (配列番号36)	
Clon_BT13 (配列番号37)	
Clon_BT1 (配列番号38)	
Clon_BT10 (配列番号39)	
Clon_BT15 (配列番号40)	
Clon_TPA1_20 (配列番号41)	
Clon_TPA1_22 (配列番号42)	40
Clon_TPA1_29 (配列番号43)	
Clon_TPA1_28 (配列番号44)	
Clon_TPA1_26 (配列番号45)	
Clon_TPA1_21 (配列番号46)	
Clon_TPA1_36 (配列番号47)	
Clon_TPA1_27 (配列番号48)	
Clon_TPA1_23 (配列番号49)	
Clon_TPA1_1 (配列番号50)	
Clon_TF22 (配列番号51)	
Clon_TF24 (配列番号52)	50

Clon_TF3 (配列番号53)	
Clon_TF2 (配列番号54)	
Clon_TF23 (配列番号55)	
Clon_TF1 (配列番号56)	
Clon_TF4 (配列番号57)	
Clon_TF7 (配列番号58)	
Clon_TF15 (配列番号59)	
Clon_TF14 (配列番号60)	
Clon_DP8 (配列番号61)	
Clon_DP1 (配列番号62)	10
Clon_DP7 (配列番号63)	
Clon_DP3 (配列番号64)	
Clon_DP6 (配列番号65)	
Clon_DP9 (配列番号66)	
Clon_DP2 (配列番号67)	
Clon_DP4 (配列番号68)	
Clon_DP10 (配列番号69)	
Clon_DP5 (配列番号70)	
Clon_EM4 (配列番号71)	
Clon_EM21 (配列番号72)	20
Clon_EM2 (配列番号73)	
Clon_EM23 (配列番号74)	
Clon_EM3 (配列番号75)	
Clon_EM24 (配列番号76)	
Clon_EM22 (配列番号77)	
Clon_EM1 (配列番号78)	
Clon_EM6 (配列番号79)	
Clon_EM5 (配列番号80)	
Clon_GD1 (配列番号81)	
Clon_GD10 (配列番号82)	30
Clon_GD2 (配列番号83)	
Clon_GD5 (配列番号84)	
Clon_GD3 (配列番号85)	
Clon_GD12 (配列番号86)	
Clon_GD7 (配列番号87)	
Clon_GD9 (配列番号88)	
Clon_GD8 (配列番号89)	
Clon_GD13 (配列番号90)	
Clon_LD5 (配列番号91)	
Clon_LD13 (配列番号92)	40
Clon_LD14 (配列番号93)	
Clon_LD1 (配列番号94)	
Clon_LD11 (配列番号95)	
Clon_LD3 (配列番号96)	
Clon_LD2 (配列番号97)	
Clon_LD12 (配列番号98)	
Clon_LD8 (配列番号99)	
Clon_LD15 (配列番号100)	
【 0 0 5 5 】	
プライマー配列(5'-3') :	50

フォワード(第1)プライマー:

F1Tf_824 (配列番号101) GACAGAAGCTGAAAAGCCGT (チロファグス ファネツハンゴルム)

F1Ld_608 (配列番号102) GATGTTCGAATCAATTGCTAGTG (レピドグリフス デストルクター)

F1Gd_567 (配列番号103) GCATACCGTGTGGAAGCAGG (グリシファグス ドメスティクス)

F1Dp_501 (配列番号104) GATCGACTGGCAATTGTTGAC (ダーマトファゴイデス プテロニシス)

F1Tp_474 (配列番号105) CGCCATTTGACACAGTACC (チロファグス プトレセンチアエ)

F1Bt_419 (配列番号106) TGTGTGTGGGGGATTTTGC (プロミア トロピカリス)

F1Em_384 (配列番号107) GAGCCTGACAATTATCAATGTGC (ユーログリフス マイネイ)

F1Dm_304 (配列番号108) CGGGATGAACGTGTGGATG (ダーマトファゴイデス ミクロセラス)

F1As_234 (配列番号109) GTCGGTTACGGTCAAAACG (アカルス シロ)

F1Df_159 (配列番号110) GAAACAATTGAATTGTGATTCTGC (ダーマトファゴイデス ファリナエ)

10

【0056】

リバーユニバーサル(第2)プライマー:

RAst5.8S (配列番号111) 5'-TGCGTTCGAAGTCGAGT-3', W= T 又は A

フォワードユニバーサル(第2)プライマー:

FRibNav (配列番号121) 5'- AGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAG -3'

リバー(第1)プライマー:

R1Dp_181 (配列番号122) GCTTTCAATAACCTCATCAGTGTC (ダーマトファゴイデス プテロニシス)

20

R1Bt_347 (配列番号123) CCATCACTAAAGGACAGAACCGC (プロミア トロピカリス)

R1Df_419 (配列番号124) CTCCAGCAATCGAATTATGCTC (ダーマトファゴイデス ファリナエ)

【0057】

配列及びCLUSTAL W 2.1複数配列の整列

ITS1及びITS2は、本明細書においては、ITS1及びITS2と18s(太字)、5.8s(太字での2番目の配列)及び28s(太字での3番目の配列)の保存配列との境界によって規定される。したがって、ITS1は、ITS1の5'末端に18sの配列5'-AGGATCATTA-3'を、ITS1の3'末端に5.8sの配列5'-CTGYYAGTGG-3'を有する配列により規定される(18s及び5.8sの配列は含まれない)。ITS2は、ITS2の5'末端に5.8sの配列5' TGAGCGTCGT 3'を、ITS2の3'末端に28sの配列5' CGACCTCAG 3'を有する配列により規定される(5.8s及び28sの配列は含まれない)。ITS1は18Sサブユニットの下流であり、ITS2は5.8Sサブユニットの下流である。

30

【0058】

【表 1 - 1】

Clon_DM1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DM21	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DM6	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DM20	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DM9	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DM12	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DM7	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DM11	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DM14	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DMA	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF6	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF4	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF26	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF4_50	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF19	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF3	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF5	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF2	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_DF7	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGG--TGTT-----	
Clon_AS15	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS14	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS20	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS13	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS10	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS11	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS2	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS12	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_AS16	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATAGTTGCTTTGCT-TGCA----	
Clon_BT8	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT9	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT16	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT3	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT14	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT17	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT13	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT10	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_BT15	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGGATA-TTATTTTGGTGTG-----	
Clon_TPA1_20	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TPA1_22	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TPA1_29	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TPA1_28	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TPA1_26	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TPA1_21	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TPA1_36	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TPA1_27	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	

10

20

30

【表 1 - 2】

Clon_TPA1_23	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TPA1_1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GAAGCGAAGGA-	
Clon_TF22	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF24	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF3	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF2	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF23	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF4	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF7	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF15	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_TF14	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	10
Clon_DP8	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP7	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP3	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP6	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP9	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP2	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP4	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP10	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_DP5	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM4	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM21	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM2	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM23	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	20
Clon_EM3	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM24	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM22	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM6	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_EM5	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD10	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD2	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD5	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD3	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD12	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD7	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD9	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	30
Clon_GD8	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_GD13	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD5	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD13	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD14	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD1	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD11	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD3	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD2	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD12	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD8	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	
Clon_LD15	GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAACGGATCGACAGAA-GC--TGAAAGCC	

Clon_DM1	-----TTTTTT-----	40
Clon_DM21	-----TTTTTT-----	
Clon_DM6	-----TTTGTT-----	
Clon_DM20	-----TTTGTT-----	
Clon_DM9	-----TTTTTT-----	
Clon_DM12	-----TTTTTT-----	
Clon_DM7	-----TTTGTT-----	
Clon_DM11	-----TTTTTT-----	
Clon_DM14	-----TTTTTT-----	
Clon_DMA	-----TTTTTT-----	
Clon_DF1	-----TTT--T-----	
Clon_DF6	-----TTT--T-----	

【表 1 - 3】

Clon_DF4	-----TTTGTT-----	
Clon_DF26	-----TTTGTT-----	
Clon_DF4_50	-----TTT--T-----	
Clon_DF19	-----TTT--T-----	
Clon_DF3	-----TTTGTT-----	
Clon_DF5	-----TTTGTT-----	
Clon_DF2	-----TTTGTT-----	
Clon_DF7	-----TTTGTT-----	
Clon_AS15	-TTTGT-----TTGCTT-----	
Clon_AS14	-TTTGT-----TTGCTT-----	
Clon_AS20	-TTTGT-----TTGCTT-----	
Clon_AS13	-TTTGT-----TTGCTT-----	10
Clon_AS10	-TTTGT-----TTGCTT-----	
Clon_AS11	-TTTACC-----TTGCTT-----	
Clon_AS2	-TTTAC-----TTGCTT-----	
Clon_AS12	-TTTACC-----TTGCTT-----	
Clon_AS1	-TTTAC-----TTGCTT-----	
Clon_AS16	-TTTAC-----TTGCTT-----	
Clon_BT8	-----TGATT-----	
Clon_BT9	-----TGATT-----	
Clon_BT16	-----TGATT-----	
Clon_BT3	-----TGATT-----	
Clon_BT14	-----TGATT-----	
Clon_BT17	-----TGATT-----	
Clon_BT13	-----TGATT-----	
Clon_BT1	-----TGATT-----	20
Clon_BT10	-----TGATT-----	
Clon_BT15	-----TGATT-----	
Clon_TPA1_20	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_22	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_29	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_28	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_26	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_21	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_36	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_27	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_23	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TPA1_1	GTTCA----G-----CTCTTTCACT-----	
Clon_TF22	GTCTGCTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATCACTTTCACT-----	
Clon_TF24	GTCTGCTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATCACTTTCACT-----	
Clon_TF3	GTCTGCTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATCACTTTCACT-----	30
Clon_TF2	GTCTGCTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATCACTTTCACT-----	
Clon_TF23	GTCTGCTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATCACTTTCACT-----	
Clon_TF1	GTCTGTTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATTATCACTTTCACT-----	
Clon_TF4	GTCTGTTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATTATCACTTTCACT-----	
Clon_TF7	GTCTGTTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATTATCACTTTCACT-----	
Clon_TF15	GTCTGCTGTTGTGCTCTTGCGAGTGCATCATCATCACTTTCACT-----	
Clon_TF14	GTTTGTTGTTGTGCTCTTGCGGTGCATCATCATTATCACTTTCACT-----	
Clon_DP8	-----TTCATTT-----	
Clon_DP1	-----TTCATTT-----	
Clon_DP7	-----TTCATTT-----	
Clon_DP3	-----TTTATTT-----	
Clon_DP6	-----TTTATTT-----	
Clon_DP9	-----TTTATTT-----	
Clon_DP2	-----TTTATTT-----	40
Clon_DP4	-----TTTATTT-----	
Clon_DP10	-----TTCATTT-----	
Clon_DP5	-----TTTATTT-----	
Clon_EM4	-----TTCATTT-----	
Clon_EM21	-----TTCATTT-----	
Clon_EM2	-----TTCATTT-----	
Clon_EM23	-----TTCATTT-----	
Clon_EM3	-----TTCATTT-----	
Clon_EM24	-----TTCATTT-----	
Clon_EM22	-----TTCATTT-----	
Clon_EM1	-----GT--TT-----	

【表 1 - 4】

Clon_EM6	-----TTCATTT-----	
Clon_EM5	-----GT--TTT-----	
Clon_GD1	-----TTAATTTTGGCAAT--TTAC--	
Clon_GD10	-----TTGATTTT--CAAT--TTATC	
Clon_GD2	-----TTGATTTT--CAAT--TTATC	
Clon_GD5	-----TTGATTTT--CAAT--TTATC	
Clon_GD3	-----TTGATTTT--CAAT--TTATC	
Clon_GD12	-----TTGATTTT--CAAT--TTATC	
Clon_GD7	-----TTGATTTT--CAAT--TTATC	
Clon_GD9	-----TTGATTTT--CAAT--TTATC	
Clon_GD8	-----TTGATTTA--CAACGTTACA	
Clon_GD13	-----TTGATTTA--CAACGTTACA	
Clon_LD5	-----TTCATTGC---ATTTCACA	10
Clon_LD13	-----TTCATTGC---ATTTCACA	
Clon_LD14	-----TTCATTGC---ATTTCACA	
Clon_LD1	-----TTCATTGC---ATTTCACA	
Clon_LD11	-----TTCATTGC---ATTTCACA	
Clon_LD3	-----TTCATTGC---ATTTCACA	
Clon_LD2	-----TTCATTGC---ATTTCACA	
Clon_LD12	-----TTCATTGC---ATTTCACA	
Clon_LD8	-----TTCATTGC---ATTTCACA	
Clon_LD15	-----TTCATTGC---ATTTCACA--	
	* *	
Clon_DM1	---G-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DM21	---G-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	20
Clon_DM6	---G-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DM20	---G-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DM9	--TG-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DM12	--TG-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DM7	---G-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DM11	--TG-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DM14	--TG-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DMA	---G-----CACTTGA---TT--CTTAAATCGAACGAA	
Clon_DF1	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--CTCAATTGGAACGAT	
Clon_DF6	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--CTCAATTGGAACGAT	
Clon_DF4	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--ATCAATTGGAACGAT	
Clon_DF26	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--ATCAATTGGAACGAT	
Clon_DF4_50	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--CTCAATTGGAACGAT	
Clon_DF19	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--CTCAATTGGAACGAT	30
Clon_DF3	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--CTCAATTGGAACGAT	
Clon_DF5	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--CTCAATTGGAACGAT	
Clon_DF2	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--CTCAATTGGAACGAT	
Clon_DF7	--TGAA----CAATGAA-----ACACTTGA---TT--CTCAATTGGAACGAT	
Clon_AS15	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCA--CTTGAACGC-	
Clon_AS14	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCA--CTTGAACGC-	
Clon_AS20	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCA--CTTGAACGC-	
Clon_AS13	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCA--CTTGAACGC-	
Clon_AS10	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCA--CTTGAACGC-	
Clon_AS11	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCT--CTTGAACGC-	
Clon_AS2	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCT--CTTGAACGC-	
Clon_AS12	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCA--CTTGAACGC-	
Clon_AS1	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCA--CTTGAACGC-	
Clon_AS16	GCTAAAGAAACAATCA-----ATATCCAAACCTTT--ACCT--CTTGAACGC-	
Clon_BT8	ATTCA-----TCA-----TCATGCTAAATTTT--ATC----TAAA----	40
Clon_BT9	ATTCA-----TCC-----TCATGCTAAATTTT--ATC----TAAA----	
Clon_BT16	ATTCA-----TCA-----TCATGCTAAATTTT--ATC----TAAA----	
Clon_BT3	ATTCA-----TCA-----TCATGCTAAATTTT--ATC----TAAA----	
Clon_BT14	ATTCA-----TCA-----T---GCTAAATTTT--ATC----TAAA----	
Clon_BT17	ATTCA-----TCA-----TCATGCTAAATTTT--ATC----TAAA----	
Clon_BT13	ATTCA-----TCA-----T---GCTAAATTTT--ATC----TAAA----	
Clon_BT1	ATTCA-----TCA-----TCATGCTAA--TCAT--ATC----TAAA----	
Clon_BT10	ATTCA-----TCA-----TCATGCTAAATTTT--ATC----TAAA----	
Clon_BT15	ATTCA-----TCA-----TCATGCTAAATTTT--ATC----TAAA----	
Clon_TPA1_20	GCCAC-----TGTCACT-----GTATCCAAACCTTT---TTG--CTTGAACGC-	
Clon_TPA1_22	GCCAC-----TGTCACT-----GTATCCAAACCTTT---TTG--CTTGAACGC-	

【表 1 - 5】

Clon_TPA1_29	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TPA1_28	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TPA1_26	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TPA1_21	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TPA1_36	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TPA1_27	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TPA1_23	ACCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TPA1_1	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF22	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF24	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF3	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF2	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	10
Clon_TF23	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF1	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF4	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF7	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF15	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_TF14	GCCAC-----TGTCAC-----GTATCCAAACCTTT---TTG-CTTGAACGC-	
Clon_DP8	GCTTAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_DP1	GCTTAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_DP7	GCTTAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_DP3	GCTTAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_DP6	GCTTAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_DP9	GCTTAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_DP2	GCCCAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_DP4	GCCCAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	20
Clon_DP10	GCCCAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_DP5	GCCCAA-----AAGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM4	GCT-GT-----CGGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM21	GCT-GT-----CGGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM2	GCT-GT-----CGGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM23	GCT-GT-----CGGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM3	GCT-GT-----CGGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM24	GCT-GT-----CGGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM22	GCT-GT-----CGGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM1	GCT-GA-----CGAAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM6	GCT-GT-----CGGAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_EM5	GCT-GA-----CGAAA-----ACATTCGA---TT--ATCAATTGGAACGAA	
Clon_GD1	-TTGTAA-----TATTAAA-ACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_GD10	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	30
Clon_GD2	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_GD5	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_GD3	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_GD12	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_GD7	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_GD9	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_GD8	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_GD13	ATTGTT-----TATCATACACGAGCATCAATATCCGAACCTTTCAAAAAAATCGAACGA-	
Clon_LD5	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
Clon_LD13	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
Clon_LD14	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
Clon_LD1	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
Clon_LD11	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
Clon_LD3	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
Clon_LD2	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	40
Clon_LD12	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
Clon_LD8	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
Clon_LD15	--TGCA-----TGTTGGAACAAAGCAAAAAATATCCGAACCTTTCAAACAAATCGAACGA-	
	* * *	
Clon_DM1	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DM21	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DM6	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DM20	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DM9	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DM12	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	

【表 1 - 6】

Clon_DM7	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DM11	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DM14	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DMA	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF1	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF6	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF4	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF26	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF4_50	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF19	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF3	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF5	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	10
Clon_DF2	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DF7	GTGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_AS15	CTATTGCCCGTTAGCATACCCCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_AS14	CTATTGCCCGTTAGCATACCCCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_AS20	CTATTGCCCGTTAGCATACCCCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_AS13	CTATTGCCCGTTAGCATACCCCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_AS10	CTATTGCCCGTTAGCATACCCCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTTTCT	
Clon_AS11	CTATTGCCCGTTAGCATATCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_AS2	CTATTGCCCGTTAGCATACCCCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_AS12	CTATTGCCCGTTAGCATACCCCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_AS1	CTATTGCCCGTTAGCATATCC-----ATGCTAATGAGCTGACCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_AS16	CTATTGCCCGTTAGCATATCC-----ATGCTAATGAGCTGATCATGCGTTGGTT-CT	
Clon_BT8	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAAGCCAT-----TT---	
Clon_BT9	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAAGCCAT-----TT---	20
Clon_BT16	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAAGCAAT-----TT---	
Clon_BT3	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAAGCCAT-----TT---	
Clon_BT14	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAA-TATT-----TT---	
Clon_BT17	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAA-TATT-----TT---	
Clon_BT13	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAAGCAAT-----TT---	
Clon_BT1	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAAGCAAT-----TT---	
Clon_BT10	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAA-TATT-----TT---	
Clon_BT15	---TTTGTGTTTTTCGGAC-----ACGAA-TATT-----TT---	
Clon_TPA1_20	AAATTGCCCGTTACCA-GAAGTA-----ACCAAAA-TGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TPA1_22	AAATTGCCCGTTACCA-GAAGTA-----ACCAAAA-TGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TPA1_29	AAATTGCCCGTTACCA-GAAGTA-----ACCAAAA-TGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TPA1_28	AAATTGCCCGTTACCA-GAAGTA-----ACCAAAA-TGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TPA1_26	AAATTGCCCGTTACCA-AATGTA-----ACCAAAA-TGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TPA1_21	AAATTGCCCGTTACCA-AATGTA-----ACCAAAA-TGGGCTTATCATG-----TT---	30
Clon_TPA1_36	AAATTGCCCGTTACCA-AATGTA-----ACCAAAA-TGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TPA1_27	AAATTGCCCGTTACCA-AATGTA-----ATCAAAA-TGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TPA1_23	AAATTGCCCGTTACCA-AATGTA-----ACCAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TPA1_1	AAATTGCCCGTTACCA-AATGTA-----ACCAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF22	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF24	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF3	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF2	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF23	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF1	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF4	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF7	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF15	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_TF14	AAATTGCCCGTTACCAAAA-----GCTAAAAATGGGCTTATCATG-----TT---	
Clon_DP8	TCGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	40
Clon_DP1	TCGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DP7	TCGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATTGAC-----T---	
Clon_DP3	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ATGGATCGAC-----T---	
Clon_DP6	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ATGGATCGAC-----T---	
Clon_DP9	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ATGGATCGAC-----T---	
Clon_DP2	TCGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DP4	TCGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DP10	TCGTTGCCCGTTATCACAA-----ACGGATCGAC-----T---	
Clon_DP5	AAGTTGCCCGTTATCACAA-----ATGGGTCGAC-----T---	
Clon_EM4	CAGTTGCCCGTTATCACAA-----ATGGAACGAC-----T---	
Clon_EM21	CAGTTGCCCGTTATCACAA-----ATGGAACGAC-----T---	

Clon_EM2
Clon_EM23
Clon_EM3
Clon_EM24
Clon_EM22
Clon_EM1
Clon_EM6
Clon_EM5
Clon_GD1
Clon_GD10
Clon_GD2
Clon_GD5
Clon_GD3
Clon_GD12
Clon_GD7
Clon_GD9
Clon_GD8
Clon_GD13
Clon_LD5
Clon_LD13
Clon_LD14
Clon_LD1
Clon_LD11
Clon_LD3
Clon_LD2
Clon_LD12
Clon_LD8
Clon_LD15

[illegible]

Clon_DM1
Clon_DM21
Clon_DM6
Clon_DM20
Clon_DM9
Clon_DM12
Clon_DM7
Clon_DM11
Clon_DM14
Clon_DMA
Clon_DF1
Clon_DF6
Clon_DF4
Clon_DF26
Clon_DF4_50
Clon_DF19
Clon_DF3
Clon_DF5
Clon_DF2
Clon_DF7
Clon_AS15
Clon_AS14
Clon_AS20
Clon_AS13
Clon_AS10
Clon_AS11
Clon_AS2
Clon_AS12
Clon_AS1
Clon_AS16
Clon_BT8
Clon_BT9
Clon_BT16
Clon_BT3
Clon_BT14
Clon_BT17

-GACTTG---TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTTG---TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTTG---TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTTG---TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTTG---TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTTG---TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTT----TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTTG---TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTTG---TGTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATTGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATTGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATTGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATTGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATCGG
 -GACTT----GTGTTGCG-----ATCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCAACCCTT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCAACCCTT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCAACCCTT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCAACCCTT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCATCCCTT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCA---CCT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCA---CCT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCAACCCTT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCA-CCCT-----TACTCGG
 ACATGTC---AGTGTGACCCAGAGAAAAGGCTACCAACCCTT-----TACTCGG
 ---CGTT---AGT-TGATC-----ATTGAG
 ---CGTT---AGT-TGATC-----ATTGAG
 ---CGTT---TGT-TGATC-----ATTGAG
 ---CGTT---AGT-TGATC-----ATTGAG
 ---TGCT---AGT-TGATC-----ATTGAG
 ---TGCT---AGT-TGATC-----ATTGAG

【表 1 - 8】

Clon_BT13	---CGTT---AGT-TGATC-----ATTGAG	
Clon_BT1	---CGTT---AGT-TGATC-----ATTGAG	
Clon_BT10	---TGCT---AGT-TGATC-----ATTGAG	
Clon_BT15	---TGCT---AGT-TGATC-----ATTGGG	
Clon_TPA1_20	AGGC--G---AGT-TGTGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TPA1_22	AGGC--G---AGT-TGTGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TPA1_29	AGGC--G---AGT-TGTGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TPA1_28	AGGC--G---AGT-TGTGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TPA1_26	AGGCC-G---AGT-TGTGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TPA1_21	AGGCC-G---AGT-TGTGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TPA1_36	AGGCC-G---AGT-TGTGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TPA1_27	AGGC--G---AGA-TGTGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TPA1_23	AGGC--G---AGT-TGTGTCC-----GCGTGTG	10
Clon_TPA1_1	AGGC--G---AGT-TATGTCC-----GTGTGTG	
Clon_TF22	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF24	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF3	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF2	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF23	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF1	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF4	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF7	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF15	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_TF14	AGGCGAG---AGT---TGT-----GCGTG	
Clon_DP8	-GGCAAT---TGT-----TGACAG	
Clon_DP1	-GGCAAT---TGT-----TGACAG	20
Clon_DP7	-GGCAAT---TGT-----TGACAT	
Clon_DP3	-GGCAAT---TGT-----TGACAC	
Clon_DP6	-GGCAAT---TGT-----TGACAC	
Clon_DP9	-GGCAAT---TGT-----TGACAC	
Clon_DP2	-GGCAAT---TGT-----TGACAT	
Clon_DP4	-GGCAAT---TGT-----TGACAT	
Clon_DP10	-GGCAAT---TGT-----TGACAC	
Clon_DP5	-GGCAAT---TGT-----TGACAT	
Clon_EM4	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_EM21	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_EM2	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_EM23	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_EM3	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_EM24	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	30
Clon_EM22	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_EM1	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_EM6	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_EM5	-GGCAAT---TGT-----TGTGAT	
Clon_GD1	GAGCGAT-TATGAT-----TGT-A-----ATCTAA	
Clon_GD10	GAGCGAT-TATGAT-----TGT-A-----ATCTAA	
Clon_GD2	GAGCGAT-C--GAT-----TATGA-----ATCGAG	
Clon_GD5	GAGCGAT-C--GAT-----TATGA-----ATCGAG	
Clon_GD3	GAGCGAT-C--GAT-----TATGA-----ATCGAG	
Clon_GD12	GAGCGAT-C--GAT-----TATGA-----ATCGAG	
Clon_GD7	GAGCGAT-C--GAT-----TATGA-----ATCGAG	
Clon_GD9	GAGCGAT-C--GAT-----TATGA-----ATCGAG	
Clon_GD8	GAGCGAT-C--GAT-----TATGA-----ATCGAG	
Clon_GD13	GAGCGAT-C--GAT-----TATGA-----ATCGAG	40
Clon_LD5	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD13	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD14	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD1	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD11	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD3	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD2	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD12	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD8	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	
Clon_LD15	GAACGATGTGCGATGTAACCGCGTGCATGCATGGT-----ATCGAG	

【表 1 - 9】

Clon_DM1	TGGTGT-CA-----CATTGAAAGTTCTGAAGT-----TAA-----	
Clon_DM21	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGTG-----TTAA-----	
Clon_DM6	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TAA-----	
Clon_DM20	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TAA-----	
Clon_DM9	TGGTGT-CA-----CATTGAAAGTTCTGAAGT-----TAA-----	
Clon_DM12	TGGTGT-CA-----CATTGAAAGTTCTGAAGT-----TAA-----	
Clon_DM7	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAT-----	
Clon_DM11	TGGTGT-CA-----CATTGAAAGTTCTGAAGT-----TAA-----	
Clon_DM14	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGTG-----TTAA-----	
Clon_DMA	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGTA-----TTAA-----	
Clon_DF1	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAA-----	
Clon_DF6	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAA-----	
Clon_DF4	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAA-----	
Clon_DF26	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAA-----	
Clon_DF4_50	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAA-----	
Clon_DF19	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAA-----	
Clon_DF3	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAA-----	
Clon_DF5	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAAT-----TGAA-----	
Clon_DF2	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAAT-----TGAA-----	
Clon_DF7	TGGTGT-CA-----TTGAAAGTTCTGAAGT-----TGAA-----	
Clon_AS15	TACAAC-----TTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS14	TACAAC-----TTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS20	TACAAC-----TTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS13	TACAAC-----TTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS10	TACAAC-----TTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS11	TACAACATC-----CTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS2	TACAACATC-----CTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS12	TACAACATC-----CTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS1	TACAACATC-----CTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_AS16	TACAACATC-----CTTTGAACGCTTGCCCTGT-----TTAACT-TGTCCTGT	
Clon_BT8	TAGCAT-----TCCTG--TGATTGTC-GT-----TTGA-----	
Clon_BT9	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTC-GT-----TTGA-----	
Clon_BT16	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTT-TT-----TTGA-----	
Clon_BT3	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTC-GT-----TTGA-----	
Clon_BT14	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTT-GT-----TTGA-----	
Clon_BT17	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTT-GT-----TTGA-----	
Clon_BT13	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTT-TT-----TTGA-----	
Clon_BT1	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTT-AT-----TTGA-----	
Clon_BT10	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTT-TT-----TTGA-----	
Clon_BT15	TAGCAT-----TCTTG--TGATTGTT-TT-----TTGA-----	
Clon_TPA1_20	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAG-AC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_22	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAG-AC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_29	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAG-AC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_28	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAG-AC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_26	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_21	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_36	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_27	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAG-AC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_23	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TPA1_1	TGGTACACC-----CGTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AA	
Clon_TF22	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF24	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF3	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF2	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF23	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF1	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF4	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF7	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF15	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_TF14	TGGTACACA-----CTTTGAACGCTTGAA-GC-----TAA---GC--AG	
Clon_DP8	TGATGAGGT-----TATTGAAAGCTC-----TGA-----	
Clon_DP1	TGATGAGGT-----TATTGAAAGCTC-----TGA-----	
Clon_DP7	TGATGAGGT-----TATTGAAAGCTC-----TGA-----	
Clon_DP3	TGATGAGGT-----TAATGAAAGCTC-----TGA-----	
Clon_DP6	TGATGAGGT-----TAATGAAAGCTC-----TGA-----	
Clon_DP9	TGATGAGGT-----TAATGAAAGCTC-----TGA-----	

10

20

30

40

【表 1 - 10】

Clon_DP2	TGATGAGGT-----TATTGAAAGCTC-----TGA-----
Clon_DP4	TGATGAGGT-----TATTGAAAGCTC-----TGA-----
Clon_DP10	TGATGAGGT-----TATTGAAAGCTC-----TGA-----
Clon_DP5	TGATTAGGT-----TATTGAAAGCTC-----TGA-----
Clon_EM4	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGA-----
Clon_EM21	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGA-----
Clon_EM2	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGA-----
Clon_EM23	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGA-----
Clon_EM3	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGG-----
Clon_EM24	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGG-----
Clon_EM22	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGG-----
Clon_EM1	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGA-----
Clon_EM6	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGA-----
Clon_EM5	TGAGGTTGT-----CATTGAATGCTC-----TGA-----
Clon_GD1	GGTGTAATA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAA
Clon_GD10	GGTGTAATA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAA
Clon_GD2	TGTTGTGGA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAC
Clon_GD5	TGTTGTGGA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAC
Clon_GD3	TGTTGTGAA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAC
Clon_GD12	TGTTGTGAA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAC
Clon_GD7	TGTTGTGAA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAC
Clon_GD9	TGTTGTGAA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAC
Clon_GD8	TGTTGTGAA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAC
Clon_GD13	TGTTGTGAA-----TGCATCGAAAGCTTAATGTT-----GCAATTGTGCATAA
Clon_LD5	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTGCTTG-AT
Clon_LD13	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTGCTTG-AT
Clon_LD14	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTGCTTG-AT
Clon_LD1	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTGCTTG-AT
Clon_LD11	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTGCTTG-AT
Clon_LD3	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTGCTTG-AT
Clon_LD2	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTGCTTG-AT
Clon_LD12	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTGCTTG-AT
Clon_LD8	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTACTTG-AT
Clon_LD15	AAATGTGAAAAGATGTGCAATGTATCGAAAGCTTGATGTT-----TTGCTTACTTG-AT

* * *

Clon_DM1	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DM21	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DM6	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DM20	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DM9	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DM12	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DM7	----GCTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DM11	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DM14	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DMA	----ACTTG-----GCTTT-----TATA-----T
Clon_DF1	----ACTTG-----GCTTT-----TT-----T
Clon_DF6	----ACTTG-----GCTTT-----TA-----T
Clon_DF4	----ACTTG-----GTTTT-----TA-----T
Clon_DF26	----ACTTG-----GTTTT-----TA-----T
Clon_DF4_50	----ACTTG-----GCTTT-----TA-----T
Clon_DF19	----ACTTG-----GCTTT-----TA-----T
Clon_DF3	----ACTTG-----GCTTT-----TA-----T
Clon_DF5	----ACTTG-----GCTTT-----TA-----T
Clon_DF2	----ACTTG-----GCTTT-----TA-----T
Clon_DF7	----ACTTG-----GCTTT-----TA-----T
Clon_AS15	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T
Clon_AS14	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T
Clon_AS20	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T
Clon_AS13	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T
Clon_AS10	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T
Clon_AS11	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T
Clon_AS2	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T
Clon_AS12	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T
Clon_AS1	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCCGTTTAGG-----T
Clon_AS16	GCACGCTT---TGCATACTGTCTCTACCACGCCAAATAAACCT-TTTAGG-----T

10

20

30

40

【表 1 - 1 1】

Clon_BT8	--ACGCTT---TGCA-----ACATTA-----TTTGA-----T	
Clon_BT9	--ACGCTT---TGCA-----ACATTA-----TTTGA-----T	
Clon_BT16	--ACGCTT---TGCA-----ACATTA-----TTTGA-----T	
Clon_BT3	--ACGCTT---TGCA-----ACATTA-----TTTGA-----T	
Clon_BT14	--ACGCTT---TGCA-----ACATTA-----TTTGA-----T	
Clon_BT17	--ACGCTT---TGCA-----ACATTA-----TTTGA-----T	
Clon_BT13	--ACGCTT---TGCA-----ACATTA-----TTTGA-----T	
Clon_BT1	--ACGCTT---TGCA-----ACATTA-----TTTGA-----T	
Clon_BT10	--ACGTTA---TGCA-----ACATT-----TATTGG-----T	
Clon_BT15	--ACGCTA---TGCA-----ACATT-----TATTGG-----T	
Clon_TPA1_20	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAG-----CAAC-----A	
Clon_TPA1_22	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAG-----CAAC-----A	
Clon_TPA1_29	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAG-----CAGC-----A	
Clon_TPA1_28	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAG-----CAAC-----A	
Clon_TPA1_26	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAG-----CAGC-----A	
Clon_TPA1_21	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGC-----CAGC-----A	
Clon_TPA1_36	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCTAG-----CAGC-----A	
Clon_TPA1_27	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAG-----CAGC-----A	
Clon_TPA1_23	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGC-----CAGC-----A	
Clon_TPA1_1	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGC-----CAGC-----A	
Clon_TF22	A---GTT---TACAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF24	A---GTT---TACAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF3	A---GTT---TACAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF2	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF23	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF1	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF4	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF7	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF15	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_TF14	A---GTT---TGCAA-GAGGCTG---GCGCCAA-----TAGC-----A	
Clon_DP8	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP1	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP7	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP3	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP6	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP9	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP2	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP4	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP10	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_DP5	---AATT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_EM4	---AGTT-----TTGTC-----CTGG-----T	
Clon_EM21	---AGTT-----TTGTC-----CTGG-----T	
Clon_EM2	---AGTT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_EM23	---AGTT-----GTATC-----CCGG-----T	
Clon_EM3	---AGTT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_EM24	---AGTT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_EM22	---AGTT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_EM1	---AGTT-----TTGTC-----CTGG-----T	
Clon_EM6	---AGTT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_EM5	---AGTT-----GTATC-----CTGG-----T	
Clon_GD1	TG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD10	TG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD2	CG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD5	CG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD3	CG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD12	CG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD7	CG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD9	CG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD8	CG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_GD13	CG-TGTTGAAG--CAGGTTAAATG--AACGTTTAT-----ATGA-----T	
Clon_LD5	TGCTGATGATGTTTCAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA---ATAAACAAGACATTT	
Clon_LD13	TGCTGATGATGTTTCAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA---ATAAACAAGACATTT	
Clon_LD14	TGCTGATGATGTTTCAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA---ATAAACAAGACATTT	
Clon_LD1	TGCTGATGATGTTTCAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA---ATAAACAAGACATTT	
Clon_LD11	TGCTGATGATGTTTCAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA---ATAAACAAGACATTT	
Clon_LD3	TGCTGATGATGTTTCAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA---ATAAACAAGACATTT	

10

20

30

40

【表 1 - 1 2】

Clon_LD2	TGCTGATGATGTTTCGAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA----
Clon_LD12	TGCTGATGATGTTTCGAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA----ATAACAAGACATTT
Clon_LD8	TGCTGATGATGTTTCGAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA----ATAACGAGACATTT
Clon_LD15	TGCTGATGATGTTTCGAATCAATTGC-TAGTGTTTGTGCAGA----ATAACGAGACATTT

Clon_DM1	T-----ATA-TCTGGGTAA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DM21	T-----ATA-TCTGGGTAA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DM6	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DM20	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DM9	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGTA-----	
Clon_DM12	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	10
Clon_DM7	T-----A---TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DM11	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DM14	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DMA	T-----A---TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF1	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF6	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF4	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF26	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF4_50	T-----ATA-TCAGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF19	T-----ATA-TCAGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF3	T-----ATA-TCTGGGTAA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF5	T-----ATA-TCTGGGTAA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF2	T-----ATA-TCTGGGTAA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	
Clon_DF7	T-----ATA-TCTGGGTGA-CAT-----GGAAAAAGCA-----	20
Clon_AS15	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAAAA-----AG	
Clon_AS14	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAAAA-----AG	
Clon_AS20	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAAAA-----AG	
Clon_AS13	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAAAA-----AG	
Clon_AS10	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAGAA-----AG	
Clon_AS11	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAGAA-----AG	
Clon_AS2	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAGAA-----AG	
Clon_AS12	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAGAA-----AG	
Clon_AS1	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAAAT-----AG	
Clon_AS16	TGATTCATT-T-TGGGCAATCATAT---GAAATG-AATCATTTCCTAGAA-----AG	
Clon_BT8	T--TT-GTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACA-----	
Clon_BT9	T--TT-GTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACA-----	
Clon_BT16	T--TT-GTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACA-----	
Clon_BT3	T--TT-GTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACA-----	30
Clon_BT14	T--TT-GTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACA-----	
Clon_BT17	T--TT-GTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACA-----	
Clon_BT13	T--TT-GTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACA-----	
Clon_BT1	T--TTTGTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACA-----	
Clon_BT10	T--TT-GTG-TGTGGGGGATT-----TGCACACAA-----	
Clon_BT15	T--TT-GTG-TGTGGGGGAATT-----TGCACACA-----	
Clon_TPA1_20	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	
Clon_TPA1_22	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	
Clon_TPA1_29	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	
Clon_TPA1_28	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	
Clon_TPA1_26	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	
Clon_TPA1_21	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAA-T---GGAATGTGTGCT-----	
Clon_TPA1_36	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	
Clon_TPA1_27	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	
Clon_TPA1_23	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	40
Clon_TPA1_1	GCAC-CATT-CATGGGCAATCAT-T---GGAATGTGTGCG-----	
Clon_TF22	TCAC-CATT-TGTGGGCAATCAT-T---GGAATGGTTGCA-----	
Clon_TF24	TCAC-CATT-TGTGGGCAATCAT-T---GGAATGGTTGCA-----	
Clon_TF3	TCAC-CATT-TGTGGGCAATCAT-T---GGAATGGTTGCA-----	
Clon_TF2	TCAC-CATT-CGTGGGCAATCAT-C---GGAATGGTTGCA-----	
Clon_TF23	TCAC-CATT-CGTGGGCAATCAT-C---GGAATGGTTGCA-----	
Clon_TF1	TCAC-CATT-CGTGGGCAATCAT-C---GGAATGGTTGCA-----	
Clon_TF4	TCAC-CATT-CGTGGGCAATCAT-C---GGAATGGTTGCA-----	
Clon_TF7	TCAC-CATT-CGTGGGCAATCAT-C---GGAATGGTTGCG-----	
Clon_TF15	TCAC-CATT-CGTGGGCAATCAT-C---GGAATGGTTGCA-----	
Clon_TF14	TCAC-CATT-CGTGGGCAATCAT-C---GGAATGGTTGCA-----	

【表 1 - 13】

Clon_DP8	T--TTCGTG-T-TGGGCGA-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP1	T--TTCGTG-T-TGGGCGA-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP7	T--TTCATG-T-TGGGCGG-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP3	T--TTCATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP6	T--TTCATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP9	T--TTCATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP2	T--TTCGTG-T-TGGGCGA-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP4	T--TTCGTG-T-TGGGCGA-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP10	T--TTCGTG-T-TGGGCGA-CAT-----GGATGAAAACA-----	
Clon_DP5	T--TTCATG-T-TGGGCGA-CAT-----GGATGAAAGCA-----	
Clon_EM4	C--TTTATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACG-----	
Clon_EM21	C--TTTATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACG-----	10
Clon_EM2	C--TTTATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACG-----	
Clon_EM23	C--TTTATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACA-----	
Clon_EM3	C--TTTACG-T-AGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACG-----	
Clon_EM24	C--TTTACG-T-AGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACG-----	
Clon_EM22	C--TTTACG-T-AGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACG-----	
Clon_EM1	C--TTTATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACA-----	
Clon_EM6	C--TTTATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACA-----	
Clon_EM5	C--TTTATG-T-TGGGCAA-CAT-----GGATAAAGACA-----	
Clon_GD1	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_GD10	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_GD2	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_GD5	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_GD3	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_GD12	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	20
Clon_GD7	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_GD9	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_GD8	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_GD13	CTGGGAATACTTTGGGCAACCAAAT---ACGAAGTATCCAATATTTTAAAGGATCCAAAC	
Clon_LD5	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD13	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD14	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD1	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD11	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD3	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD2	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD12	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD8	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	
Clon_LD15	TTGAGAATACTTTGGGCAACCGAATTATACGAAGTATTCAAT---CAAA-----AAT	30

Clon_DM1	-TTAG-----TTAGACTTCAT-----AACAATGG-----	
Clon_DM21	-TTAG-----TTAGACTTCAT-----AACAATGG-----	
Clon_DM6	-ATAG-----TTAGACTTCAT-----AACAATGG-----	
Clon_DM20	-ATAG-----TTAGACTTCAT-----AACAATGG-----	
Clon_DM9	-TTAG-----TTTGACTIONCAT-----AGCAATGG-----	
Clon_DM12	-TTAG-----TTTGACTIONCAT-----AGCAATGG-----	
Clon_DM7	-TTAG-----TTGGACTTCAT-----AATAATGG-----	
Clon_DM11	-TTAG-----TTTGACTIONCAT-----AGCAATGG-----	
Clon_DM14	-TTAG-----TTGGACTTCAT-----AATAATGG-----	
Clon_DMA	-GTAG-----TTAGACTTCAT-----AACAATGG-----	
Clon_DF1	-TTAG-----TTGGACTTCTTT---AAAGCAATGG-----	
Clon_DF6	-TTAG-----TTGGACTTCTTT---AAAGCAATGG-----	
Clon_DF4	-TTAG-----TTGGACTTCTTT---AAAGCAATGG-----	40
Clon_DF26	-TTAG-----TTGGACTTCTTT---AAAGCAATGG-----	
Clon_DF4_50	-TTAG-----TTCAACTTCAT-----AATAATGG-----	
Clon_DF19	-TTAG-----TTCAACTTCAT-----AATAATGG-----	
Clon_DF3	-TTAG-----TTCAACTTCAT-----AATAATGG-----	
Clon_DF5	-TTAG-----TTCAACTTCAT-----AATAATGG-----	
Clon_DF2	-TTAG-----TTCAACTTCAT-----AATAATGG-----	
Clon_DF7	-TTAG-----TTAGACTTCTAT---AAAGCAATGG-----	
Clon_AS15	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAAAGATAGCATACAGTGCTG-----TAAGCAGACT	
Clon_AS14	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAAAGATAGCATACAGTGCTG-----TAAGCAGACT	
Clon_AS20	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAAAGATAGCATACAGTGCTG-----TAAGCAGACT	
Clon_AS13	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAAAGATAGCATACAGTGCTG-----TAAGCAGACT	

【表 1 - 1 4】

Clon_AS10	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAGAGATAGCATACAGTGCT-----TAAGCAGACT	
Clon_AS11	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAGAGATAGCATACAGTGCAG-----TAAGCAGACT	
Clon_AS2	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAGAGATAGCATACAGTGCT-----TAAGCAGACT	
Clon_AS12	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAAAGATAGCATACAGTGCTG-----TAAGCAGACT	
Clon_AS1	GTGGC-----TGTTGGTTGAGAAAGATAGCATACAGTGCAG-----TAAGCAGACT	
Clon_AS16	GCGGC-----TGTTGGTTGAGAGAGATAGCATACAGTGCT-----TAAGCAGACT	
Clon_BT8	---GC-----AATCGATCTA-----ATGGTTTGCGGT-----CC	
Clon_BT9	---GC-----AATCGATCTA-----ATGGTTTGCGGT-----CC	
Clon_BT16	---GC-----AATCGATCTA-----ATGGTTTGCGGT-----CC	
Clon_BT3	---GC-----AATCGATCTA-----ATGGTTTGCGGT-----CC	
Clon_BT14	---GT-----AATCGATCTA-----ATGGTTTGCGGT-----CC	
Clon_BT17	---GC-----AATCGATTTA-----ATGGTTTGCGGT-----CC	10
Clon_BT13	---GC-----AATCGATCTA-----ATGGTTTGCGGT-----CC	
Clon_BT1	---GC-----AATCGATTTA-----ATGGATTGCGGT-----TC	
Clon_BT10	---GT-----AATTAGTACA-----ATGGTTTGCGGT-----TC	
Clon_BT15	---GC-----AATCGATTTA-----ATGGATTGCGGT-----TC	
Clon_TPA1_20	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_22	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_29	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_28	GTTGT-----GTGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_26	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_21	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_36	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_27	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_23	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	
Clon_TPA1_1	GTTGT-----GCGCAATTTA---AGGCCACTTGCATGAG-----TTGCTT	20
Clon_TF22	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCTAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF24	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCTAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF3	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCTAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF2	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCCAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF23	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCCAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF1	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCCAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF4	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCCAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF7	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCCAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF15	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCCAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_TF14	GTTGC-----GCGCATTTTA---AGGCCAATTGTATGAA-----TTGCTT	
Clon_DP8	-ATGG-----GAGAATTTTC-----TTAATTTAGG-----	
Clon_DP1	-ATGG-----GAGAATTTTC-----TTAATTTAGG-----	
Clon_DP7	-ATGG-----GAGAATTTTC-----TTAATTTAGG-----	
Clon_DP3	-ATGG-----GAGAATTTTC-----TTAATTTAGG-----	
Clon_DP6	-ATGG-----GAGAATTTTC-----TTAATTTAGG-----	30
Clon_DP9	-GTGG-----GAGAATTTTC-----TTAATTTAGG-----	
Clon_DP2	-ATGG-----GAAAATTTTC-----TTAATTTGGG-----	
Clon_DP4	-ATGG-----GAAAATTTTC-----TTAATTTGGG-----	
Clon_DP10	-ATGG-----GAGAATTTTC-----TTGATTTAGG-----	
Clon_DP5	-ATGG-----GACAATTTTC-----TTAATTAAGG-----	
Clon_EM4	-TCGG-----GTGAACTTC-----TTAATTT-GG-----	
Clon_EM21	-TCGG-----GTGAACTTC-----TTAATTT-GG-----	
Clon_EM2	-TCGG-----GTGAACTTC-----TCAATT-GG-----	
Clon_EM23	-CCGG-----GTGAACTTC-----TCAATTA-GG-----	
Clon_EM3	-TCGG-----GTGAACTTC-----TTAAATT-GG-----	
Clon_EM24	-TCGG-----GTGAACTTC-----TTAAATT-GG-----	
Clon_EM22	-TCGG-----GTGAACTTC-----TTAAATT-GG-----	
Clon_EM1	-TCGG-----GTGAACTTC-----TCAATTG-GG-----	
Clon_EM6	-TCGG-----GTGAACTTC-----TCAATTA-GG-----	40
Clon_EM5	-TCGG-----GTGAACTTC-----TCAATTA-GG-----	
Clon_GD1	GGTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD10	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD2	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD5	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD3	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD12	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD7	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD9	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD8	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	
Clon_GD13	GTTGCTGCTCG--GCC--AATCATGCAAATGTGTAATATTG-----ATTTGTTT	

【表 1 - 15】

Clon_LD5	GTTGCTGCTTAATGCTTGATTGATGAACGCGCATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD13	GTTGCTGCTTAATGCTTGATTGATGAACGCGCATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD14	GTTGCTGCTTAATGCTTGATTGATGAACGCGCATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD1	GTTGCTGCTTAATGCTTGATTGATGAACGCGCATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD11	GTTGCTGCTTAATGCTTGATTGATGAACGCGCATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD3	GTTGCTGCTTAATGCTTGATTGATGAACGCGCATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD2	GTTGCTGCTTAATGCTTGATTGATGAACGCGCATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD12	GTTGCTGCTTAATGCTTGATTGATGAACGCGCATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD8	GTTGCTGCCTAATGCTTGATTGATGAACGC--ATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_LD15	GTTGCTGCCTAATGCTTGATTGATGAACGC--ATCACATCACAGAAGTAGACATCGATTTC
Clon_DM1	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DM21	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DM6	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DM20	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DM9	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DM12	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DM7	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DM11	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DM14	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DMA	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGGTGT---
Clon_DF1	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF6	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF4	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF26	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF4_50	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF19	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF3	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF5	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF2	-----AA-----CTTGA-----CACTTA-----CCGATGT---
Clon_DF7	-----AA-----CTTGA-----CACTTG-----CTATGT---
Clon_AS15	AACCAAAGTGAAGCACCCGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----CCGCAC----
Clon_AS14	AACCAAAGTGAAGCACCCGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----CCGCAC----
Clon_AS20	AACCAAAGTGAAGCACCCGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----CCGCAC----
Clon_AS13	AACCAAAGTGAAGCACCTGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----CCGCAC----
Clon_AS10	AACCAAAGTGAAGCACCCGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----TCACAC----
Clon_AS11	AACCAAAGTGAAGCACCCGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----TCACAC----
Clon_AS2	AACCAAAGTGAAGCACCCGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----TCACAC----
Clon_AS12	AACCAAAGTGAAGCACCTGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----CCGCAC----
Clon_AS1	AACCAAAGTGAAGCACCCGTACCAGCAGTA--TACCAGCCAATTA-----CCGCAC----
Clon_AS16	AACCAAAGTGAAGCACCCGTACCAG--GTA--TACCAGCCAATTA-----CCGCAC----
Clon_BT8	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_BT9	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_BT16	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_BT3	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_BT14	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_BT17	A--CAAGTTAAAA---TGTA---TGATTG-----ACA-----
Clon_BT13	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_BT1	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_BT10	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_BT15	A--CAAGTTAAAA---TGTA---CGATTG-----ACA-----
Clon_TPA1_20	AG--AATT-----CTTCCACGAA-----GCAAGTA-----CCACCATTG
Clon_TPA1_22	AG--AATT-----CTTCCACGAA-----GCAAGTA-----CCACCATTG
Clon_TPA1_29	AG--AATT-----CTTCCACGAA-----GCAAGTA-----CCGCCATTG
Clon_TPA1_28	AG--AATT-----CTTCCACGAA-----GCAAGTA-----CCACCATTG
Clon_TPA1_26	AG--AATT-----TCTTTACAAA-----GCAAGTA-----CCACCATTG
Clon_TPA1_21	AG--AATT-----CTTCCACGAA-----GCAAGTA-----CCACCATTG
Clon_TPA1_36	AG--AATT-----CTTCTACGAA-----GCAAGTA-----CCACCATTG
Clon_TPA1_27	AG--AATT-----CTTCCACGAA-----GCAAGTA-----CCACCGCTG
Clon_TPA1_23	AG--AATT-----CTTCCACGAA-----GCAAGTA-----CCACCATTG
Clon_TPA1_1	AG--AATT-----CTTCCACGAA-----GCAAGTA-----CCACCATTG
Clon_TF22	AG--AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA
Clon_TF24	AG--AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA
Clon_TF3	AG--AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA
Clon_TF2	AG--AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA

10

20

30

40

【表 1 - 16】

Clon_TF23	AG---AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA	
Clon_TF1	AG---AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA	
Clon_TF4	AG---AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA	
Clon_TF7	AG---AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA	
Clon_TF15	AG---AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA	
Clon_TF14	AG---AA-----CTTCCTTGAAA-----AGCAGGTG-----T-ACTAACTA	
Clon_DP8	----AG-----CTAAAC-----CGA--A----TCA-TGT---	
Clon_DP1	----AG-----CTAAAC-----CGA--A----TCA-TGT---	
Clon_DP7	----AG-----CTGGAC-----CGA--A----TCA-TGT---	
Clon_DP3	----AG-----CTGGAT-----CGA--A----TCA-TCT---	
Clon_DP6	----AG-----CTGGAT-----CGA--A----TCA-TCT---	
Clon_DP9	----AG-----CTGGAT-----CGA--A----TCA-TCT---	
Clon_DP2	----AG-----CTGGAC-----CGA--A----TCA-TGT---	
Clon_DP4	----AG-----CTGGAC-----CGA--A----TCA-TGT---	
Clon_DP10	----GG-----TTGGAC-----CGA--A----TCA-TGT---	
Clon_DP5	----AG-----TAAGAC-----CGA--A----TCA-TGT---	
Clon_EM4	----AG-----CCTGA-----CAATTA-----TCAATGTG--	
Clon_EM21	----AG-----CCTGA-----CAATTA-----TCAATGTG--	
Clon_EM2	----AG-----CCTGA-----CAATCA-----TCAATGTG--	
Clon_EM23	----AG-----CCTGA-----CAATTA-----TCAATGTG--	
Clon_EM3	----AG-----CCTGA-----CAATTA-----TCAATGTG--	
Clon_EM24	----AG-----CCTGA-----CAATTA-----TCAATGTG--	
Clon_EM22	----AG-----CCTGA-----CAATTA-----TCAATGTG--	
Clon_EM1	----AG-----CCTGA-----CAATTA-----TCAATGTG--	
Clon_EM6	----AG-----CCTGA-----CGATTA-----TCAATGTG--	
Clon_EM5	----AG-----CCTGA-----CGATTA-----TCAATGTG--	
Clon_GD1	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD10	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD2	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD5	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD3	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD12	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD7	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD9	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD8	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATT--A-	
Clon_GD13	ATTCAAGTCGG---CTGGCATT-----TCACTTA---CCTTGATTGTA-	
Clon_LD5	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAATTCCTCAATTCCAT	
Clon_LD13	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAATTCCTCAATTCCAT	
Clon_LD14	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAATTCCTCAATTCCAT	
Clon_LD1	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAATTCCTCAATTCCAT	
Clon_LD11	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAATTCCTCAATTCCAT	
Clon_LD3	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAATTCCTCAATTCCAT	
Clon_LD2	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAATTCCTCAATTCCAT	
Clon_LD12	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAATTCCTCAATTCCAT	
Clon_LD8	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAA---CCTCAATTCCAT	
Clon_LD15	AATTGAATCGG---CTGGCATTGCTATGAC-----ATTCCATAA---CCTCAATTCCAT	
Clon_DM1	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DM21	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DM6	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DM20	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DM9	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DM12	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DM7	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DM11	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DM14	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DMA	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF1	-----ACAAC-----TTTGTTGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF6	-----ACAAC-----TTTGTTGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF4	-----ACAAC-----TTTGTTGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF26	-----ACAAC-----TTTGTTGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF4_50	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF19	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF3	-----ACAAC-----TTTGTCGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF5	-----ACAAC-----TTTGTTGGCGATTCTC---CTTGCT-ATCTG	

10

20

30

40

【表 1 - 17】

Clon_DF2	-----ACAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGCT-ATCTG	
Clon_DF7	-----ACAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGCT-ATCTG	
Clon_AS15	-----ACACCAAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS14	-----ACACCAAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS20	-----ACACCAAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS13	-----ACACCAAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS10	-----ACACCTAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS11	-----ACACCTAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS2	-----ACACCTAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS12	-----ACACCAAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS1	-----ACACCAAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	
Clon_AS16	-----ACACCAAATGACATGAACCTTCCATGAAAGCTCTCCTTGTATC-ATTTCG	10
Clon_BT8	-----ACACCA-----TTTATG-----CTTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT9	-----ACACCA-----TTTATG-----CTTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT16	-----ACACCA-----TTTATG-----CTTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT3	-----ACACCA-----TTTATG-----CTTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT14	-----ACACCA-----TTTATG-----CTTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT17	-----ACACTA-----TTCATG-----CTTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT13	-----ACACCA-----TTTATG-----CTTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT1	-----ACACCA-----TTTATG-----CATTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT10	-----ACACCA-----TTTATG-----CTTTGTACATC-GTT--	
Clon_BT15	-----ACACCA-----TTTATG-----CATTTGTACATC-GTT--	
Clon_TPA1_20	AC-----ACAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TPA1_22	AC-----ACAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TPA1_29	AC-----ACAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TPA1_28	AC-----ACAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	20
Clon_TPA1_26	AC-----ACAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TPA1_21	AC-----GCAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TPA1_36	AC-----GCAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TPA1_27	AC-----GCAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TPA1_23	AC-----ACAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TPA1_1	AC-----ACAGTACCTCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF22	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF24	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF3	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF2	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TTTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF23	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TTTATCTAAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF1	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF4	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF7	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_TF15	GCCA-----ACAGTGC-TCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	30
Clon_TF14	GCCA-----ACATTGC-TCG-----TCTATCTGAAAGCTCTC--CTTGTCATCTG	
Clon_DP8	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP1	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP7	-----TAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP3	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP6	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP9	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP2	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP4	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP10	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_DP5	-----CAAC-----TTTGTGCGCGATTCTC--CTTGAT-GCCTG	
Clon_EM4	-----TAAC-----TTTGCCGGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_EM21	-----CAAC-----TTTGCCGGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_EM2	-----CAAC-----TTTGCCGGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	40
Clon_EM23	-----CAAC-----TTTGTGCGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_EM3	-----CAAC-----TTTGCCGGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_EM24	-----CAAC-----TTTGCCGGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_EM22	-----CAAC-----TTTGTGCGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_EM1	-----CAAC-----TTTGCCGGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_EM6	-----CAAC-----TTTGCCGGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_EM5	-----CAAC-----TTTGCCGGCGTTTCTC--CTTGAC-GCCTG	
Clon_GD1	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG	
Clon_GD10	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG	
Clon_GD2	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG	
Clon_GD5	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG	

【表 1 - 18】

Clon_GD3	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_GD12	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_GD7	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_GD9	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_GD8	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_GD13	-----ATAATTG-TG-----TCGCTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD5	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD13	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD14	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD1	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD11	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD3	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD2	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD12	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD8	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG
Clon_LD15	CTTCATGCGATATGATTGGTGA-----TCGTTTGTTGGCAACTCTGCTCATATC---TTG

*

*

Clon_DM1	-T-TGGTGCCTAGTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DM21	-T-TGGTGCCTAGTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DM6	-T-TGGTGCCTAGTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DM20	-T-TGGTGCCTAGTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DM9	-T-TGGTGCCTAGTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DM12	-T-TGGTGCCTAGTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DM7	-T-TGGTGCCTACTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DM11	-T-TGGTGCCTAGTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DM14	-T-TGGTGCCTAGTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DMA	-T-TGGTGCCTACTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTGTGGATG
Clon_DF1	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGATAAACGTG--GATG
Clon_DF6	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTG--GATG
Clon_DF4	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGATGAACGTG--GATG
Clon_DF26	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGATGAACGTG--GATG
Clon_DF4_50	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGATAAACGTG--GATG
Clon_DF19	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGATAAACGTG--GATG
Clon_DF3	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGATAAACGTG--GATG
Clon_DF5	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTG--GATG
Clon_DF2	-T-TGGTGCCTATTCTACGGTTCCTGTTTA-----TCCTCGGGATGAACGTG--GATG
Clon_DF7	-T-TGGTGCCTATTCTACTGTTTCTGTTTG-----TCCTCGGGATAAACGTG--GATG
Clon_AS15	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS14	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS20	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS13	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS10	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS11	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS2	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS12	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS1	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_AS16	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCCA-----AATTTTTGGCGT-----TG--GATG
Clon_BT8	AT-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CTTTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT9	AT-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CTTTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT16	AT-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CACTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT3	AT-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CTTTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT14	AT-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CTTTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT17	AC-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CTTTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT13	AT-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CTTTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT1	AC-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CTTTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT10	AC-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CACTAGTGA-----TG--GATG
Clon_BT15	AC-CGGTGCCTAGTCTGCGGTTT-TGTC-----CTTTAGTGA-----TG--GATG
Clon_TPA1_20	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCC-----TCTTAACGGAGGCT-TG--GATG
Clon_TPA1_22	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCC-----TCTTAACGGAGGCT-TG--GATG
Clon_TPA1_29	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCC-----TCTTAACGGAGGCT-TG--GATG
Clon_TPA1_28	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCC-----TCTTAACGGAGGCT-TG--GATG
Clon_TPA1_26	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCC-----TCTTAACGGAGGCT-TG--GATG
Clon_TPA1_21	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCC-----TTCTAACAGAGGCT-TG--GATG
Clon_TPA1_36	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCC-----TCTTAACGGAGGCT-TG--GATG
Clon_TPA1_27	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGTTTCCTGCC-----TTCTAACAGAGGCT-TG--GATG

10

20

30

40

【表 1 - 19】

Clon_TPA1_23	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TCTTAACGGAGGCT-TG--GATG	
Clon_TPA1_1	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TCTTAACGGAGGCT-TG--GATG	
Clon_TF22	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF24	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF3	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF2	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF23	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF1	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF4	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF7	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF15	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_TF14	AT-TGGTGCCTAGTCTGCGCTTCCTGCC-----TTCTAACGACGGCT-TG--GATG	
Clon_DP8	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAGATGTG--GATG	10
Clon_DP1	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAGATGTG--GATG	
Clon_DP7	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAGATGTG--GATG	
Clon_DP3	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAGATGTG--GATG	
Clon_DP6	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAGATGTG--GATG	
Clon_DP9	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAGATGTG--GATG	
Clon_DP2	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAAATGTG--GATG	
Clon_DP4	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAAATGTG--GATG	
Clon_DP10	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAAATGTG--GATG	
Clon_DP5	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTTTG-----TCCTCGGGACAGATGTG--GATG	
Clon_EM4	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGTCGTG--GATG	
Clon_EM21	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGTCGTG--GATG	
Clon_EM2	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGTCGTG--GATG	
Clon_EM23	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGTCGTG--GATG	20
Clon_EM3	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGGCGTG--GATG	
Clon_EM24	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGGCGTG--GATG	
Clon_EM22	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGTCGTG--GATG	
Clon_EM1	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGGCGTG--GATG	
Clon_EM6	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGTCCA-----TCCTCGGGATGGGCGTG--GATG	
Clon_EM5	-T-TGGTGCCTAGCCTACAGTTCCTGCCCA-----TCCTCGGGATGGGCGTG--GATG	
Clon_GD1	TCCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_GD10	TCCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_GD2	TTCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_GD5	TTCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_GD3	TTCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_GD12	TTCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_GD7	TTCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_GD9	TTCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	30
Clon_GD8	TTCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_GD13	TCCTGGTGTCTAGTCCGCTATTCCCTAACAA-----AT-TAAAAACTTGTATG--GATG	
Clon_LD5	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD13	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD14	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD1	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD11	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD3	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD2	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD12	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD8	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
Clon_LD15	CT-TGGTGCCTAGTCCGCTGTTTCCTGCTTT-----CCGTAAGGATTGTCGTG--GATG	
	**** * * * * * * * * *	
Clon_DM1	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	40
Clon_DM21	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DM6	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DM20	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DM9	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DM12	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DM7	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DM11	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DM14	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DMA	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DF1	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	
Clon_DF6	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG	

【表 1 - 20】

Clon_DF4	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG
Clon_DF26	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG
Clon_DF4_50	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG
Clon_DF19	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG
Clon_DF3	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG
Clon_DF5	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG
Clon_DF2	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG
Clon_DF7	TAG-TGTGTCGCTTG-----TAATGAG-----TGCCGCTAGG
Clon_AS15	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS14	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS20	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS13	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS10	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS11	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS2	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS12	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS1	CAG-GGTGTCAGCCAGTTTTGCGACTCTTTTGGG---TTGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_AS16	CAG-GGTGTCAGCAA--CTAGCAACTCTTTTGGG---TAGCTTCTGCTGCTGCT---AGG
Clon_BT8	CAG-GGTATCA-----TTGTATAAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT9	CAG-GGTATCA-----TTGTATAAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT16	CAG-GGTATCA-----T--TATTAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT3	CAG-GGTATCA-----T--TATTAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT14	CAG-GGTATCA-----T--TATTAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT17	CAG-GGTATCA-----T--TATTAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT13	CAG-GGTATCA-----T--TATTAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT1	CAG-GGTATCA-----T--TATAAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT10	CAG-GGTATCA-----TT--ATTAGA---T-----GCT---AGG
Clon_BT15	CAG-GGTATCA-----TTGTATAAGA---T-----GCT---AGG
Clon_TPA1_20	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAA--CCCCTCTCCACGGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_22	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAA--CCCCTCTCCACGGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_29	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAA--CCCCTCTCCACGGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_28	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAA--CCCCTCTCCACGGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_26	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAA--CCCCTCTCCACGGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_21	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAG--CCCCTCTCCACGGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_36	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAA--CCCCGCTCGGCAGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_27	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAG--CCCCTCTCTACGGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_23	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAA--CCCCGCTCGGCAGCTGCTGCTAGG
Clon_TPA1_1	CAG-GGTGTCAGTTGTGTGAGTG-----GCTAAA--CCCCTCTCTACGGCTGCTGCTAGG
Clon_TF22	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCCACTGCTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF24	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCCACTGCTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF3	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCCACTGCTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF2	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCCACTGCTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF23	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCCACTGCTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF1	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCTACTACTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF4	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCTACTACTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF7	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCTACTACTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF15	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGCCTCTACTACTCAATTGCTGCTAGG
Clon_TF14	CAG-GGTGTCAGTTGAGTGTGTGTGGGTGTTAAAGTCTCCACTGCTCAATTGCTGCTAGG
Clon_DP8	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTT-----CTTGCAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP1	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTT-----CTTGCAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP7	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTT-----CTTGAAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP3	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTT-----CTTGAAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP6	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTT-----CTTGAAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP9	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTT-----CTTGAAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP2	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTTGTT-----TTTGCAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP4	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTTGTT-----TTTGCAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP10	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTTGTT-----TTTGCAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_DP5	TAG-TGTGTCGCTT-----TGTTGTT-----TTTGCAACAAGTGCCGCTAGG
Clon_EM4	TAG-TGTGTCGCTT-----CAACA-----AAGTGCCGCTAGG
Clon_EM21	TAG-TGTGTCGCTT-----CAACA-----AAGTGCCGCTAGG
Clon_EM2	TAG-TGTGTCGCTT-----TATCA-----AAGTGCCGCTAGG
Clon_EM23	TAG-TGTGTCGCTT-----CATCA-----AAGTGCCGCTAGG
Clon_EM3	TAG-TGTGTCGCTT-----CAACA-----AAGTGCCGCTAGG
Clon_EM24	TAG-TGTGTCGCTT-----CAACA-----AAGTGCCGCTAGG
Clon_EM22	TAG-TGTGTCGCTT-----CAACA-----AAGTGCCGCTAGG
Clon_EM1	TAG-TGTGTCGCTT-----CAACA-----AAGTGCCGCTAGG

10

20

30

40

【表 1 - 2 1】

Clon_EM6	TAG-TGTGTCGCTT-----TATCA-----AAGTGCCGCTAGG	
Clon_EM5	TAG-TGTGTCGCTT-----TATCA-----AAGTGCCGCTAGG	
Clon_GD1	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD10	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD2	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD5	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD3	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD12	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD7	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD9	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD8	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_GD13	CGG-TGTGTCAGTC-----TATTGTT-----GACTGTTGCTAGG	
Clon_LD5	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	10
Clon_LD13	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
Clon_LD14	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
Clon_LD1	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
Clon_LD11	CGGGTGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
Clon_LD3	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
Clon_LD2	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
Clon_LD12	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
Clon_LD8	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
Clon_LD15	CGG-TGTGTCAG-C-----TAT--AT-----G-CTGTTGCTAGG	
	* * * * *	
Clon_DM1	TTT-AAATACCAGATTT---GAATGTA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DM21	TTT-AAATACCAGATTT---GAATGTA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	20
Clon_DM6	TTT-AAATACCAGATTTCCAACAAATATATT---GTTTGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DM20	TTT-AAATACCAGATTTCCAACAAATATATT---GTTTGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DM9	TTT-AAATACCAGATTTCCAACAAATATATT---GTTTGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DM12	TTT-AAATACCAGATTTCCAACAAATATATT---GTTTGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DM7	TTT-AAATACCAGATTTCCAACAAATATATT---GTTTGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DM11	TTT-AAATACCAGATTTCCAACAAATATATT---GTTTGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DM14	TTT-AAATACCAGATTTCCAACAAATATATT---GTTTGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DMA	TTT-AAATACCAGATTC---GAATGTA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF1	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF6	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF4	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF26	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF4_50	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF19	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	30
Clon_DF3	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF5	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF2	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_DF7	TTT-AAATACCAGATTC---GAGCATA-----ATTCGATTGCTGGAGCCACAGGTAC	
Clon_AS15	CTTTAAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS14	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS20	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS13	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS10	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS11	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS2	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS12	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS1	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_AS16	CTT-AAATATC-----TACG-----CCAAGCGCCGAAGCCTCGAATGC	
Clon_BT8	CTT-AAATATC-----A-----TC--GT--GAAGCC--AAGTG-	40
Clon_BT9	CTT-AAATATC-----A-----TC--GT--GAAGCC--AAGTG-	
Clon_BT16	CTT-AAATATC-----A-----TTTTGT--GAAGCC--AAGTG-	
Clon_BT3	CTT-AAATATC-----A-----TTTTGT--GAAGCC--AAGTG-	
Clon_BT14	CTT-AAATATC-----A-----TC--AT--GAAGCC--AAGTG-	
Clon_BT17	CTT-AAATATC-----A-----TC--AT--GAAGCC--AAGTG-	
Clon_BT13	CTT-AAATATC-----A-----TTTTGT--GAAGCC--AAGTG-	
Clon_BT1	CTT-AAATATC-----A-----TC--AT--GAAGCC--AATTG-	
Clon_BT10	CTT-AAATATC-----A-----TC--GT--GAAGCC--AAGTG-	
Clon_BT15	CTT-AAATATC-----A-----TC--GT--GAAGCC--AAGTG-	
Clon_TPA1_20	CTT-AAATATCAGTGCCA----GTGCG-----CTGAGCGCCGAAGCCTCAGATGC	
Clon_TPA1_22	CTT-AAATATCAGTGCCA----GTGCG-----CTGAGCGCCGAAGCCTCAGATGC	

Clon_TPA1_29
Clon_TPA1_28
Clon_TPA1_26
Clon_TPA1_21
Clon_TPA1_36
Clon_TPA1_27
Clon_TPA1_23
Clon_TPA1_1
Clon_TF22
Clon_TF24
Clon_TF3
Clon_TF2
Clon_TF23
Clon_TF1
Clon_TF4
Clon_TF7
Clon_TF15
Clon_TF14
Clon_DP8
Clon_DP1
Clon_DP7
Clon_DP3
Clon_DP6
Clon_DP9
Clon_DP2
Clon_DP4
Clon_DP10
Clon_DP5
Clon_EM4
Clon_EM21
Clon_EM2
Clon_EM23
Clon_EM3
Clon_EM24
Clon_EM22
Clon_EM1
Clon_EM6
Clon_EM5
Clon_GD1
Clon_GD10
Clon_GD2
Clon_GD5
Clon_GD3
Clon_GD12
Clon_GD7
Clon_GD9
Clon_GD8
Clon_GD13
Clon_LD5
Clon_LD13
Clon_LD14
Clon_LD1
Clon_LD11
Clon_LD3
Clon_LD2
Clon_LD12
Clon_LD8
Clon_LD15

[illegible]

Clon_DM1
Clon_DM21
Clon_DM6
Clon_DM20
Clon_DM9
Clon_DM12

AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTAGAAACAA
AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTAAAAACAA
AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTAAAAACAA
AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTAAAAACAA

【表 1 - 2 3】

Clon_DM7	GAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTAAAAACAA
Clon_DM11	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DM14	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAGAACAA
Clon_DMA	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DF1	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DF6	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DF4	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DF26	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DF4_50	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAAGCAA
Clon_DF19	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAAGCAA
Clon_DF3	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DF5	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DF2	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_DF7	AAGGC-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCAAACAA
Clon_AS15	AAGGTT--CTCGCGTACAGTATAC-----CTAGTGTG--CAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS14	AAGGTT--CTCGCGTACAGTATAC-----CTAGTGTG--CAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS20	AAGGTT--CTCGCGTACAGTATAC-----CTAGTGTG--CAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS13	AAGGTT--CTCGCGTACAGCACACA-----CCCAGGTGTGAGCAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS10	AAGGTT--CTCGCGTACAGCACACA-----CCCAGGTGTGAGCAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS11	AAGGTT--CTCGCGTACAGCACACA-----CCCAGGTGTGAGCAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS2	AAGGTT--CTCGCGTACAGCACACA-----CCCAGGTGTGAGCAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS12	AAGGTT--CTCGCGTACAGCACACA-----CCTAG-TGTGAGCAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS1	AAGGTT--CTCGCGTACAGTATAC-----CTAGTGTG--CAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_AS16	AAGGTT--CTCGCGTACAGTATAC-----CTAGTGTG--CAGTACGTTGA-GTGAGA
Clon_BT8	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_BT9	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_BT16	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_BT3	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_BT14	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_BT17	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_BT13	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GAGAA-
Clon_BT1	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_BT10	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_BT15	-----ATGTACATTA-----GCTAA-GGGAA-
Clon_TPA1_20	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_22	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_29	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_28	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_26	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTTT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_21	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_36	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_27	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_23	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TPA1_1	AAGGTCGAGTAGTGTGCACTGTTGGGTAAC--CAGCTCT----GCACGCTGCTGTGAAA
Clon_TF22	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GTGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF24	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GTGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF3	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GTGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF2	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GTGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF23	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GTGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF1	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GCGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF4	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GCGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF7	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GCGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF15	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GCGCACTGCTGTGAAA
Clon_TF14	AAGGTCGAGTAGTGTGCA--GTTGAGCAAT--CAACG-----GCGCACTGCTGTGAAA
Clon_DP8	AAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_DP1	AAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_DP7	GAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTCTGAAAAA
Clon_DP3	AAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_DP6	AAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_DP9	AAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_DP2	AAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_DP4	AAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_DP10	AAGGT-----ATTTTCTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_DP5	AAGGT-----ATTTT-TTTTT-----CATTTAAGAAAAA
Clon_EM4	AAGGT-----ATCT-CTTTTT-----CATTTATGAAAAA
Clon_EM21	AAGGT-----ATCT-CTTTTT-----CATTTATGAAAAA

10

20

30

40

【表 1 - 2 4】

Clon_EM2	AAGGT-----ATTT-CTTTT-----CATTATGAAAAA
Clon_EM23	AAGGT-----ATTT-CTTTT-----CATTATGAAAAA
Clon_EM3	AAGGT-----ATTT-CTTTT-----CATTATGAAAAA
Clon_EM24	AAGGT-----ATTT-CTTTT-----CATTATGAAAAA
Clon_EM22	AAGGT-----ATTT-CTTTT-----CATTATGAAAAA
Clon_EM1	AAGGT-----ATTT-CTTTT-----CATTATGAAAAA
Clon_EM6	GAGGT-----ATTT-CTTTT-----CATTATGAAAAA
Clon_EM5	GAGGT-----ATTT-CTTTT-----CATTATGAAAAA
Clon_GD1	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD10	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD2	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD5	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD3	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD12	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD7	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD9	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD8	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_GD13	GGGGAA---A-CCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD5	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD13	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD14	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD1	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD11	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD3	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD2	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD12	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD8	GGGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA
Clon_LD15	GAGGAA---AACCTTTTCTTT-----ACTTAAACCAA

*

*

Clon_DM1	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCGTTT
Clon_DM21	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCGTTT
Clon_DM6	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCATT
Clon_DM20	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCATT
Clon_DM9	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCATT
Clon_DM12	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCATT
Clon_DM7	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCATT
Clon_DM11	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCGTTT
Clon_DM14	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCGTTT
Clon_DMA	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--ATCATT
Clon_DF1	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--AACAAGT
Clon_DF6	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--AACAATT
Clon_DF4	CATTGAGCCAGT-----ATCCATTGA--AACAATT
Clon_DF26	CATTGAGCCAGT-----ATCCATTGA--AACAATT
Clon_DF4_50	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--AACAATT
Clon_DF19	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--AACAATT
Clon_DF3	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--AACAATT
Clon_DF5	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--AACAATT
Clon_DF2	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--AACAATT
Clon_DF7	CATTGAGCCAGT-----ATC-ATTGA--AACAATT
Clon_AS15	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---AAAC-GTAGCC-ACCA---GACGTTT
Clon_AS14	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---AAAC-GTAGCC-ACCA---GACGTTT
Clon_AS20	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---AAAC-GTAGCC-ACCA---GACGTTT
Clon_AS13	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---ACAC-GTAACC-ACCACCAGACGTTT
Clon_AS10	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---ACAC-GTAACC-ACCACCAGACGTTT
Clon_AS11	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---ACAC-GTAACC-ACCACCAGACGTTT
Clon_AS2	CTGTCTCTGGTCGG-----TTGCGGTC---AAAC-GTAGCC-ACCA---GACGTTT
Clon_AS12	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---AAAC-GTAGCC-ACCA---GACGTTT
Clon_AS1	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---AAAC-GTAGCC-ACCA---GACGTTT
Clon_AS16	CTGTCTCTGGTCGG-----TTACGGTC---AAAC-GTAGCC-ACCA---GACGTTT
Clon_BT8	-----TGTTAAC-----CCCCGGCCCT---AAACCTCAATGCATTT-----CGATG
Clon_BT9	-----TGTTAAC-----CCCCGGCCCT---AAACCTCAATGCATTT-----CGACG
Clon_BT16	-----TGTTAAC-----CCCCGGCCCT---AAACCTCAATGCATTT-----CGGTG
Clon_BT3	-----TGTTAAC-----CCCCGGCCCT---AAACCTCAATGCATTT-----CGATG
Clon_BT14	-----TGTTAAC-----CCCCGGCCCT---AAACCTCAATGCATTT-----CGATG
Clon_BT17	-----TGTTAAC-----CCCCGGCCCT---AAACCTCAATGCATTT-----CGATG

10

20

30

40

【表 1 - 25】

Clon_BT13	-----TGTA AAC-----CCCCGGCCCT--AAACCTCAATGCATT--CGGTG	
Clon_BT1	-----TGTA AAC-----CCCCGGCCCT--AAACCTCAATGCATT--CGGTG	
Clon_BT10	-----TGTTAAC-----CCCCGGCCCT--AAACCTCAATGCATT--CGATG	
Clon_BT15	-----TGTTAAC-----CCCCGGCCCT--AAACCTCAATGCATT--CGATG	
Clon_TPA1_20	TATCCAGCGGCT-----CACGCCG----C-TTG	
Clon_TPA1_22	TATCCAGCGGCT-----CACGCCG----C-TTG	
Clon_TPA1_29	TATCCAGCGGCT-----CACGCCG----C-TTG	
Clon_TPA1_28	TATCCAGCGGCT-----CACGCCG----C-TTG	
Clon_TPA1_26	TATCCAGCGGCT-----CACGCCG----C-TTG	
Clon_TPA1_21	TATCCAGCGGCT-----CACGTCG----C-TTG	
Clon_TPA1_36	TATCCAGCGGCT-----CACGCCG----C-TTG	
Clon_TPA1_27	TATCCAGCGGCT-----CACGCCG----C-TTG	
Clon_TPA1_23	TATCCAGCGGCT-----CACGTCG----C-TTG	
Clon_TPA1_1	TATCCAGCGGTT-----CACGCCG----T-TTG	
Clon_TF22	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCCAAATTTT--TGGGTGGCGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF24	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCCAAATTTT--TGGGTGGCGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF3	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCCAAATTTT--TGTGTGGCGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF2	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCCAAATTTT--TGGGTGGCGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF23	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCCAAATTTT--TGGGTGGCGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF1	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCGAATTTT--CGGGTGGAGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF4	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCGAATTTT--CGGGTGGAGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF7	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCGAATTTT--CGGGTGGAGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF15	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCGAATTTT--CGGGTGGAGCACGCCG----TTTTG	
Clon_TF14	TATCCAGCGGATGCTGCTGCTTCCGAATTTT--CGGGTGGCGCACGCCG----TTTTG	
Clon_DP8	CTTCAAGCCAG-----AAACATTGT-TACAAAAC	
Clon_DP1	CTTCAAGCCAG-----AAACATTGT-TACAAAAC	
Clon_DP7	CATTAAGCCAG-----AAACATCGA-TACAAAGC	
Clon_DP3	CATTAAGCCAG-----AAACATTGA-TACAAAGC	
Clon_DP6	CATTAAGCCAG-----AAACATTGA-TACAAAGC	
Clon_DP9	CATTAAGCCAG-----AAACATTGA-TACAAAGC	
Clon_DP2	CATTAAGCCAG-----AAACATTGT-TACAAACC	
Clon_DP4	CATTAAGCCAG-----AAACATTGT-TACAAACC	
Clon_DP10	CATTAAGCCAG-----AAACATTGT-TACAAACC	
Clon_DP5	CTTAAAGCCAG-----AAACATTGT-TACAAAAC	
Clon_EM4	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTT	
Clon_EM21	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTT	
Clon_EM2	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTTG	
Clon_EM23	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTTG	
Clon_EM3	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTTG	
Clon_EM24	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTTG	
Clon_EM22	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTTG	
Clon_EM1	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTT	
Clon_EM6	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTTG	
Clon_EM5	CATTGAGCCAG-----AATCATTG--TATCATTTG	
Clon_GD1	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD10	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD2	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD5	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD3	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD12	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD7	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD9	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD8	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_GD13	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD5	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD13	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD14	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD1	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD11	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD3	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD2	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD12	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD8	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	
Clon_LD15	CTTTAAGCTAAT-----ACCATTAA-CATTTATG	

10

20

30

40

【表 1 - 26】

Clon_DM1	GAATTGTGATTCT-----GAAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DM21	GAATTGTGATTCT-----GAAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DM6	AAATTGTGATTCTCTATAAACGAAGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DM20	AAATTGTGATTCTCTATAAACGAAGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DM9	AAATTGTGATTCTCTATAAACGAAGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DM12	AAATTGTGATTCTCTATAAACGAGGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DM7	AAATTGTGATTCTCTATAAACGAAGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DM11	CAATTGTGATTAT-----GAAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DM14	GAATTGTGATTCT-----GAAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DMA	AAATTGTGATTCTCTATAAACGAAGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DF1	GAATTGTGATTCT-----GAAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DF6	GAATTGTGATTCT-----GCAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DF4	GAATTGTGATTCT-----GCAAAATGAATC-----GCATGAA-----
Clon_DF26	GAATTGTGATTCT-----GCAAAATGAATC-----GCATGAA-----
Clon_DF4_50	GAATTGTGATTCT-----GCAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DF19	GAATTGTGATTCT-----GCAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DF3	AAATTGTGATTCT-----GCAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DF5	GAATTGTGATTCT-----GCAAAATGGATC-----GCAAGAA-----
Clon_DF2	AAATTGTGATTCT-----GCAAAATGAATC-----GCAAGAA-----
Clon_DF7	GAATTGTGATTCT-----GCAAAATGGATC-----GCAAGAA-----
Clon_AS15	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS14	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS20	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS13	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS10	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS11	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS2	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS12	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS1	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_AS16	AGT-TTTCATTCTCT---AAACTCAACTT-----A--AGCCAAAATCAAACTGATTAA
Clon_BT8	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT9	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT16	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT3	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT14	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT17	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT13	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT1	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT10	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_BT15	CAT-TGTTGTATTAT---AACCAAAATTT-----A--AGCTAA---AAAATAAATAA
Clon_TPA1_20	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_22	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_29	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_28	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_26	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_21	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_36	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_27	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_23	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TPA1_1	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCACGA-TGATTTA
Clon_TF22	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF24	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF3	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF2	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF23	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF1	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF4	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF7	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF15	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_TF14	GGTACTTCATTCTCT---AACCCTCAACTT-----ACAAGCCAAAATCATGA-TGATTTA
Clon_DP8	AAATTGTGATTCTCG---AA--AGAATT-----GCAAGAA-----
Clon_DP1	AAATTGTGATTCTCG---AA--AGAATT-----GCAAGAA-----
Clon_DP7	AAATTGTGATTCTCG---AA--AGAATT-----GCAAGAA-----
Clon_DP3	AAATTGTGATTCTCG---AA--AGAATT-----GCAAGAA-----
Clon_DP6	AAATTGTGATTCTCG---AA--AGAATT-----GCAAGAA-----
Clon_DP9	AAATTGTGATTCTCG---AA--AGAATT-----GCAAGAA-----

10

20

30

40

【表 1 - 27】

Clon_DP2	AAATTGTGATTCTGC---AA--AGAATT-----GCAAAAA-----	
Clon_DP4	AAATTGTGGTTCTGC---AA--AGAATT-----GCAAAAA-----	
Clon_DP10	AAATTGTGATTCTAC---AA--AGAATT-----GCAAAAA-----	
Clon_DP5	AAGTTGTGATTCTCG---AA--AGAATT-----GCAATAA-----	
Clon_EM4	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM21	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM2	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM23	AATTTGTGATTCTCT---ACGCAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM3	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM24	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM22	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM1	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM6	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_EM5	AATTTGTGATTCTCT---ACGTAGAATT-----GCAAACA-----	
Clon_GD1	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACCTT---GTGCTGATGATAGAGATAC-----	
Clon_GD10	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACCTT---GTGCTGATGATAGAGATAC-----	
Clon_GD2	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACATTCTGTGCTGATAATAGAGATAC-----	
Clon_GD5	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACATTCTGTGCTGATAATAGAGATAC-----	
Clon_GD3	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACCTT---GTGCTGATAATAGAGATAC-----	
Clon_GD12	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACCTT---GTGCTGATAATAGAGATAC-----	
Clon_GD7	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACCTT---GTGCTGATAATAGAGATAC-----	
Clon_GD9	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACCTT---GTGCTGATAATAGAGATAC-----	
Clon_GD8	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACCTT---GTGCTGATAATAGAGATAC-----	
Clon_GD13	GAATTGT-ATTACCTAT-TGGATGCACCTT---GTGCTGATGATAGAGATAC-----	
Clon_LD5	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGCGATGC-----	
Clon_LD13	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGCGATGC-----	
Clon_LD14	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGCGATGC-----	
Clon_LD1	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGCGATGC-----	
Clon_LD11	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGCGATGC-----	
Clon_LD3	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGAGATGC-----	
Clon_LD2	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGCGATGC-----	
Clon_LD12	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGAGATGC-----	
Clon_LD8	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGCGATGC-----	
Clon_LD15	GAATTGT-ATTGTCT---TGAATAAATTTT---TAATTATTAAGCGATGC-----	

* *

Clon_DM1	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DM21	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DM6	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DM20	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DM9	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DM12	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DM7	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DM11	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DM14	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DMA	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF1	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF6	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF4	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF26	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF4_50	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF19	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF3	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF5	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF2	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_DF7	-----AGCAAAAA-----TT	
Clon_AS15	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS14	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS20	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS13	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS10	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS11	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS2	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS12	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS1	CC--TTAAATTGTACCCTTA-TGGGTCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	
Clon_AS16	CC--TTAAATTGA--CTTCA-TCG-TCAA-----TTTATAAAAAGAC--AATT	

10

20

30

40

【表 1 - 28】

Clon_BT8	-----CAAA-----ACAAAAAAAA-----T	
Clon_BT9	-----CAAA-----ACAAAAAAAA-----T	
Clon_BT16	-----CAAA-----ACAAAAAAAA--A--T	
Clon_BT3	-----CAAA-----ACAAAAAAAA-----T	
Clon_BT14	A---TCAAA-----ATAAAAAA-----T	
Clon_BT17	A---TCAAA-----ATAAAAAA-----T	
Clon_BT13	A---TCAAA-----ATATAAAA-----T	
Clon_BT1	-----CAAA-----ACAAAAAAAA-----T	
Clon_BT10	-----CAAA-----ACAAAAAAAA-----T	
Clon_BT15	-----AACA-----A-----AAAAA-----T	
Clon_TPA1_20	CCCTTTAAGT-GTTACCTAG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TPA1_22	CCCTTTAAGT-GTTACCTAG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	10
Clon_TPA1_29	CCCTTTAAGT-GTTACCTAG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TPA1_28	CCCTTTAAGT-GTTACCTAG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TPA1_26	CCCTTTAAGT-GTTACCTCG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TPA1_21	CCCTTTAAGT-GTTACCTCG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TPA1_36	CCCTTTAAGT-GTTACCTAG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TPA1_27	CCCTTTAAGT-GTTACCTCG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TPA1_23	CCCTTTAAGT-GTTACCTCG--TGT--AAA-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TPA1_1	CCCTTTAAGT-GTTACCTCG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TF22	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAAAATT	
Clon_TF24	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAAAATT	
Clon_TF3	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAAAATT	
Clon_TF2	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TF23	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TF1	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	20
Clon_TF4	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TF7	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TF15	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_TF14	CCCTTTAAGT-TTTACCTTG--TGT--AAG-----CTTAAACAATGACAGAATT	
Clon_DP8	-----ACAAAAA-----TA	
Clon_DP1	-----ACAAAAA-----TA	
Clon_DP7	-----ACAAAAA-----TA	
Clon_DP3	-----ACAAAAA-----TA	
Clon_DP6	-----ACAAAAA-----TA	
Clon_DP9	-----ACAAAAA-----TA	
Clon_DP2	-----ACAAAT-----TA	
Clon_DP4	-----ACAAAAA-----TA	
Clon_DP10	-----ACAAGAA-----TA	
Clon_DP5	-----ACAAATA-----TA	
Clon_EM4	-----AAAAAAA-----TA	30
Clon_EM21	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_EM2	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_EM23	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_EM3	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_EM24	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_EM22	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_EM1	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_EM6	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_EM5	-----AAAAAAA-----TA	
Clon_GD1	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_GD10	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_GD2	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_GD5	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_GD3	-----AAAAGAGAT--AAAT	40
Clon_GD12	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_GD7	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_GD9	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_GD8	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_GD13	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_LD5	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_LD13	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_LD14	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_LD1	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_LD11	-----AAAAGAGAT--AAAT	
Clon_LD3	-----AAAAGAGAT--AAAT	

```
Clon_LD2      -----AAAAGAGAT--AAAT
Clon_LD12     -----AAAAGAGAT--AAAT
Clon_LD8      -----AAAAGAGAT--AAAT
Clon_LD15     -----AAAAGAGAT--AAAT
```

*

[illegible]

10

20

30

40

0

2040

Clon_AS10
Clon_AS11
Clon_AS2
Clon_AS12
Clon_AS1
Clon_AS16
Clon_BT8
Clon_BT9
Clon_BT16
Clon_BT3
Clon_BT14
Clon_BT17
Clon_BT13
Clon_BT1
Clon_BT10
Clon_BT15
Clon_TPA1_20
Clon_TPA1_22
Clon_TPA1_29
Clon_TPA1_28
Clon_TPA1_26
Clon_TPA1_21
Clon_TPA1_36
Clon_TPA1_27
Clon_TPA1_23
Clon_TPA1_1
Clon_TF22
Clon_TF24
Clon_TF3
Clon_TF2
Clon_TF23
Clon_TF1
Clon_TF4
Clon_TF7
Clon_TF15
Clon_TF14
Clon_DP8
Clon_DP1
Clon_DP7
Clon_DP3
Clon_DP6
Clon_DP9
Clon_DP2
Clon_DP4
Clon_DP10
Clon_DP5
Clon_EM4
Clon_EM21
Clon_EM2
Clon_EM23
Clon_EM3
Clon_EM24
Clon_EM22
Clon_EM1
Clon_EM6
Clon_EM5
Clon_GD1
Clon_GD10
Clon_GD2
Clon_GD5
Clon_GD3
Clon_GD12
Clon_GD7
Clon_GD9
Clon_GD8
Clon_GD13

[illegible]

30

40

【表 1 - 3 2】

[illegible]

10

20

30

40

【表 1 - 3 3】

Clon_TF23	TAGGTTATACCTTGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AAT--ATG--CCAAACC--C
Clon_TF1	TAGGTTATACCTTGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AAT--ATG--CCAAACC--C
Clon_TF4	TAGGTTATACCTTGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AAT--ATG--CCAAACC--C
Clon_TF7	TAGGTTATACCTTGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AAT--ATG--CCAAACC--C
Clon_TF15	TAGGTTATACCTTGGCTTCATTTGTCTGAGCGTCGTT---AAT--ATG--CCAAACC--C
Clon_TF14	TAGGTTATACCTTGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AAT--ATG--CCAAACC--C
Clon_DP8	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP1	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP7	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP3	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP6	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP9	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP2	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP4	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP10	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTTTCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_DP5	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTATGA-CCAAACA--A
Clon_EM4	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM21	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM2	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM23	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM3	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM24	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM22	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM1	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM6	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_EM5	TTGGATAGCCGATGGCTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTTATCAAATTGTGA-C-AAATC--A
Clon_GD1	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD10	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD2	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD5	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD3	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD12	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD7	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD9	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD8	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_GD13	TGGGCCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTAATAA-TCAAACA---
Clon_LD5	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD13	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD14	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD1	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD11	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD3	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD2	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD12	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD8	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
Clon_LD15	TGGGTCATCCTATGACTTCGTTTGTCTGAGCGTCGTT---AATTATTAATCAAACA---
* * * * *	

10

20

30

Clon_DM1	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DM21	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DM6	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DM20	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DM9	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DM12	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DM7	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DM11	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DM14	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DMA	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DF1	AATGAAATAAATCTGTATC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DF6	AATGAAATAAATCTGTATC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DF4	AATGGAATAAATCTGTATC-----GTCGTT-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DF26	AATGGAATAAATCTGTATC-----GTCGTT-----ATTCAATTCGGCG-
Clon_DF4_50	AATGGAATAAATCCGTATC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGTG-
Clon_DF19	AATGGAATAAATCCGTATC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGTG-
Clon_DF3	AATGGAATAAATCCGTATC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGTG-
Clon_DF5	AATGGAATAAATCTGTATC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGTG-

40

【表 1 - 3 4】

Clon_DF2	AATGAAATAGATCTTTATC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGGTG-	
Clon_DF7	AATGAAATAGATCTGTATC-----GTCGCG-----ATTCAATTCGCG-	
Clon_AS15	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS14	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS20	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS13	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS10	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS11	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS2	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS12	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS1	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_AS16	TAT-CAAAAGGTCCGTTTCAC-----CTTCGTATCCTAACCTCTTGTCGGGTTGA	
Clon_BT8	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--TGAA--TTTGTTT--TTAA	
Clon_BT9	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--TGAA--TTTGTTT--TTAA	
Clon_BT16	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--TGAA--TTTGTTT--TTAA	
Clon_BT3	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--TGAA--TTTGTTT--TTAA	
Clon_BT14	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--TGAA--TTTGTTT--TTAA	
Clon_BT17	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--TGAA--TTTGTTT--TCAA	
Clon_BT13	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--TAAACTTTTGTTT--TTAA	
Clon_BT1	TATATGCAAGACTTGTTC-----TCGTGT--TAAACTTTTATTG--TTAA	
Clon_BT10	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--TGAA--TTTGTTT--TTAA	
Clon_BT15	TATATGCAAGACTCGTTTCA-----TCGTGT--CAAA--TTTGTTT--TTAA	
Clon_TPA1_20	CATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_22	CATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_29	TATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_28	CATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_26	CATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_21	CATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_36	TATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_27	CATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_23	CATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TPA1_1	CATGCA-AAGGCCTGTTCC-----CCATGTCGTGTC--GATCATTAGTCA-TCGA	
Clon_TF22	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF24	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF3	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF2	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF23	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF1	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF4	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF7	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF15	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_TF14	CATGCA-AAGGCCTGCTGCACTTGCGTGCACTGTCGTGTC--GACCATTAGTCG-TCGA	
Clon_DP8	AATGGGATAGATCTGTTTC-----GTCGTG-----CATA-----CG-	
Clon_DP1	AATGGGATAGATCTGTTTC-----GTCGTG-----CATA-----CG-	
Clon_DP7	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGTG-----CATA-----CG-	
Clon_DP3	AATGGGATAGATCTGTTTC-----GTCGTG-----CAAA-----CG-	
Clon_DP6	AATGGGATAGATCTGTTTC-----GTCGTG-----CAAA-----CG-	
Clon_DP9	AATGGGATAGATCTGTTTC-----GTCGTG-----CAAA-----CG-	
Clon_DP2	AATGGGATAGATTGTTTC-----GTCGTG-----CATA-----CG-	
Clon_DP4	AATGGGATAGATCTGTTTC-----GTCGTG-----CATA-----CG-	
Clon_DP10	AATGGGATAGATCTGTTTC-----GTCGTG-----TAAA-----CG-	
Clon_DP5	AATGGAATAGATCTGTGTC-----GTCGTG-----CATA-----CG-	
Clon_EM4	AATGCGGTAGGTCCGAATC-----GTCGTGAT----GTGTTAAATTG--CG-	
Clon_EM21	AATGCGGTAGGTCCGAATC-----GTCGTGAT----GTGTTAAATTG--CG-	
Clon_EM2	AATGCGGTAGGTCCGAATC-----GTCGTGAT----A--TTAAATTG--CG-	
Clon_EM23	AATGCGGTAGGTCCGAATC-----GTCGTGAT----GTGTTAAATTG--CG-	
Clon_EM3	AATGCGGTAGGTCCGAATC-----GTCGTGAT----G--TTAAATTG--CG-	
Clon_EM24	AATGCGGTAGGTCCGAATC-----GTCGTGAT----G--TTAAATTG--CG-	
Clon_EM22	AATGCGGTAGGTCCGAATC-----GTCGTGAT----G--TCAAATTG--CG-	
Clon_EM1	AATGCGGTAGGTCCGAATC-----GTCGTGAT----GTGTTAAATTG--CG-	
Clon_EM6	AATGCGGTAGGTCCGGATC-----GTCGTGAT-----TGAATTG--CG-	
Clon_EM5	AATGCGGTAGGTCCGGATC-----GTCGTGAT-----TGAATTG--CG-	
Clon_GD1	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA--CTTGAGAA	
Clon_GD10	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA--CTTGAGAA	
Clon_GD2	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA--CTTGAGAA	
Clon_GD5	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA--CTTGAGAA	

10

20

30

40

【表 1 - 35】

Clon_GD3	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA-CTTGAGAA
Clon_GD12	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA-CTTGAGAA
Clon_GD7	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA-CTTGAGAA
Clon_GD9	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA-CTTGAGAA
Clon_GD8	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA-CTTGAGAA
Clon_GD13	--T-CAAAAGACCTGTTTG-----TCGTATTCC--TCGATTA-CTTGAGAA
Clon_LD5	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD13	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD14	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD1	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD11	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD3	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD2	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD12	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD8	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA
Clon_LD15	--T-CAAAAGACCCGTT-----TCGTATCTTG-TCGTTTAATTCGATGA

10

Clon_DM1	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DM21	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DM6	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DM20	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DM9	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DM12	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DM7	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DM11	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DM14	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DMA	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF1	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF6	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF4	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF26	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF4_50	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF19	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF3	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF5	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF2	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_DF7	-TCGTGAGATTATTTCTAAACAT-----TTCGAA--TGCTGA-----
Clon_AS15	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS14	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS20	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS13	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS10	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS11	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS2	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS12	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS1	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_AS16	TTTCGTCGGGCCACCTTTAAACACTACTTTAAAATGTACTCTTGTC--TTTTAA-----
Clon_BT8	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT9	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT16	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT3	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT14	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT17	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT13	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT1	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT10	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_BT15	CTCGTCGAGTCGCATT-----AATGT----TTGCCA-----AA-----
Clon_TPA1_20	CTCGTCAGGCCAC--TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA---TTGAA-----
Clon_TPA1_22	CTCGTCAGGCCAC--TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA---TTGAA-----
Clon_TPA1_29	CTCGTCAGGCCAC--TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA---TTGAA-----
Clon_TPA1_28	CTCGTCAGGCCAC--TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA---TTGAA-----
Clon_TPA1_26	CTCGTCAGGCCAC--TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA---TTGAA-----
Clon_TPA1_21	CTCGTCAGGCCAC--TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA---TTGAA-----
Clon_TPA1_36	CTCGTCAGGCCAC--TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA---TTGAA-----
Clon_TPA1_27	CTCGTCAGGCCAC--TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA---TTGAA-----

20

30

40

Clon_TPA1_23	CTCGTCAGGCCAC-TTGTAACACTACTTTCAACT-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_TPA1_1	CTCGTCAGGCCAC-TTGTAACACTTCTTTCAACT-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_TF22	CTCGTCAGGCCAC-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TGTA-----
Clon_TF24	CTCGTCAGGCCAC-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TGTA-----
Clon_TF3	CTCGTCAGGCCAC-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_TF2	CTCGTCAGGCCAC-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TGCAA-----
Clon_TF23	CTCGTCAGGCCAC-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_TF1	CTCGTCAGGCCAT-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_TF4	CTCGTCAGGCCAT-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_TF7	CTCGTCAGGCCAT-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_TF15	CTCGTCAGGCCAT-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_TF14	CTCGTCAGGCCAC-TTGTAACACTACTTTCAACA-----TTGTTA--TTGAA-----
Clon_DP8	-TCGTCAGGTCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_DP1	-TCGTCAGGTCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_DP7	-TCGTCAGGTCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTAA-----
Clon_DP3	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_DP6	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTAA-----
Clon_DP9	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_DP2	-TCGTCAGGTCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_DP4	-TCGTCAGGTCATTTCCAAACAT-----TCGATA--TGCTGA-----
Clon_DP10	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_DP5	-TCGTCAGGTCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTAA-----
Clon_EM4	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM21	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM2	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM23	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM3	-TCGTCGAATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM24	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM22	-TCGTCGGATCATCTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM1	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM6	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_EM5	-TCGTCGGATCATTTCCAAACAT-----TTGATA--TGCTGA-----
Clon_GD1	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD10	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD2	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD5	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD3	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD12	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD7	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD9	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD8	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_GD13	TTCGTCAGGTTCAATTGATACAC-----TGATTGTCA-ATATTA-----T
Clon_LD5	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCACACACTACGAATGT
Clon_LD13	TTCGCCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCACACACTACGAATGT
Clon_LD14	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCACACACTACGAATGT
Clon_LD1	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCACACACTACGAATGT
Clon_LD11	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCACACACTACGAATGT
Clon_LD3	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCACACACTACGAATGT
Clon_LD2	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCACACACTACGAATGT
Clon_LD12	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCACACACTACGAATGT
Clon_LD8	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCGACACTACGAATGT
Clon_LD15	TTCGTCGGGTTTAATTGATACACGC-----TGATTGTCGACACTACGAATGT

*

40

【表 1 - 37】

Clon_DF4	--CTCCTTTGGTGATTATTTAATGG-----	
Clon_DF26	--CTCCTTTGGTGATTATTTAATGG-----	
Clon_DF4_50	--CTCCTTTGGTGATTATTTGATGG-----	
Clon_DF19	--CTCCTTTGGTGATTATTTGATGG-----	
Clon_DF3	--CTCCTTTGGTGATTATTTGATGG-----	
Clon_DF5	--CTCCTTTGGTGATTATTTGATGG-----	
Clon_DF2	--CTCCTTTGGTGATTATTTGATGG-----	
Clon_DF7	--TTCCTTTGGTGATTATTTGATGG-----	
Clon_AS15	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS14	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS20	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS13	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS10	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS11	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS2	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS12	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS1	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_AS16	-TGTGCCCATACGAGCGTAAAGACAG-----TTAACCA-----	
Clon_BT8	-----AAG---GAGACTTTT-----TTAAGAA-----	
Clon_BT9	-----AAG---GAGACTTTT-----TTA-AA-----	
Clon_BT16	-----AAG---GAGAC-----TTA-AA-----	
Clon_BT3	-----AAG---GAGAC-----TTA-AA-----	
Clon_BT14	-----AAG---GAGAC-----TTA-AA-----	
Clon_BT17	-----AAG---GAGAC-----TTA-AA-----	
Clon_BT13	-----AAG---GAGAC-----TTA-AA-----	
Clon_BT1	-----AAG---GAGACTTT-----TTAGAAA-----	
Clon_BT10	-----AAG---GAGAC-----TTA-AA-----	
Clon_BT15	-----AAG---GAGAC-----TTA-AA-----	
Clon_TPA1_20	--CTGCCCATACGAGCGTAGGGAGAGAG---CCTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_22	--CTGCCCATACGAGCGTAGGGAGAGAG---CCTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_29	--CTGCCCATACGAGCGTAAGGAGAGAG---CTTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_28	--CTGCCCATACGAGCGTAAGGAGAGAG---CTTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_26	--CTGCCCATACGAGCGTAAGGAGAGAG---CTTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_21	--CTGCCCATACGAGCGTAAGGAGAGAG---CCTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_36	--CTGCCCATACGAGCGTAAGGAGAGAG---CCTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_27	--CTGCCCATACGAGCGTAAGGAGAGAG---CTTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_23	--CTGCCCATACGAGCGTAAGGAGAGAG---CTTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TPA1_1	--CTGCCCATACGAGCGTAGGGAGAGAG---CCTA-CCAGTTTGCTGG-----	
Clon_TF22	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF24	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF3	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF2	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF23	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF1	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF4	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF7	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF15	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_TF14	--ATGCCCATACGAGCGTAAGAAGAGAGTTGCTTA-CCAGTTTGCCGG-----	
Clon_DP8	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP1	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP7	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP3	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP6	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP9	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP2	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP4	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP10	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_DP5	-----CTTTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_EM4	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_EM21	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_EM2	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_EM23	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_EM3	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_EM24	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_EM22	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----	
Clon_EM1	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----	

10

20

30

40

【表 1 - 38】

Clon_EM6	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----
Clon_EM5	-----CTCTTGTG---GTGAAGAAGG-----
Clon_GD1	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAAACATTAATTT
Clon_GD10	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAAACATTAATTT
Clon_GD2	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAA---TTAATTT
Clon_GD5	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAA---TTAATTT
Clon_GD3	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAAACATTAATTT
Clon_GD12	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAA---TTAATTT
Clon_GD7	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAAACATTAATTT
Clon_GD9	GTACGCCCCAAGAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAAACATTAATTT
Clon_GD8	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAAACATTAATTT
Clon_GD13	GTACGCCCCAAAAATGCGTATTGAAGCTGTTTC---GCATATTGCAACAAACATTAATTT
Clon_LD5	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAA--GCATATTGCATC-----
Clon_LD13	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAA--GCATATTGCATC-----
Clon_LD14	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAA--GCATATTGCATC-----
Clon_LD1	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAA--GCATATTGCATC-----
Clon_LD11	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAA--GCATATTGCATC-----
Clon_LD3	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAA--GCATATTGCATC-----
Clon_LD2	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAA--GCATATTGCATC-----
Clon_LD12	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAA--GCATATTGCATC-----
Clon_LD8	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAATTGCATATTGCATC-----
Clon_LD15	GTATGCCCCAAAATTTCGTATCGAAGCTTTATCAATTGCATATTGCATC-----

10

Clon_DM1	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DM21	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DM6	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DM20	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DM9	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DM12	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DM7	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DM11	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DM14	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DMA	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCA-----
Clon_DF1	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCAC-----
Clon_DF6	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCAC-----
Clon_DF4	-----CTTTGTA-GC--ACGTTTCATCAC-----
Clon_DF26	-----CTTTGTA-GC--ACGTTTCATCAC-----
Clon_DF4_50	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCAC-----
Clon_DF19	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCAC-----
Clon_DF3	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCAC-----
Clon_DF5	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCAC-----
Clon_DF2	-----CTTTGTA-GC--ACATTCATCAC-----
Clon_DF7	-----CTTTGTA-GC--ACATTTATCAC-----
Clon_AS15	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS14	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS20	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS13	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS10	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS11	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS2	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS12	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS1	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_AS16	-----TACTGATCTT---TTTTGCGTGCCAATACATGCCT-TCCCCTCACGGAGA
Clon_BT8	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT9	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT16	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT3	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT14	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT17	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT13	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT1	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT10	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_BT15	-----TAAG-----TTGTCCGTG---GTATGTAC-----A
Clon_TPA1_20	-----TACTCGATT---CACTTTGCGTGT---AGATTGCGGCA---CT-----TGCT
Clon_TPA1_22	-----TACTCGATT---CACTTTGCGTGT---AGATTGCGGCA---CT-----TGCT

20

30

40

【表 1 - 39】

Clon_TPA1_29	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCA--CT-----TGCT	
Clon_TPA1_28	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCA--CT-----TGTT	
Clon_TPA1_26	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCA--CT-----TGTT	
Clon_TPA1_21	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCA--CT-----TGCT	
Clon_TPA1_36	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCA--CT-----TGCT	
Clon_TPA1_27	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCA--CT-----TGTT	
Clon_TPA1_23	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCA--CT-----TGTT	
Clon_TPA1_1	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCA--CT-----TGCT	
Clon_TF22	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGACCA---ATTCT	
Clon_TF24	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGACCA---ATTCT	
Clon_TF3	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGACCA---ATTCT	
Clon_TF2	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGACCA---ATTCT	10
Clon_TF23	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGATCA---ATTCT	
Clon_TF1	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGACCA---ATTCT	
Clon_TF4	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGACCA---ATTCT	
Clon_TF7	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCTGCAGACCA---ATTCT	
Clon_TF15	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGACCA---ATTCT	
Clon_TF14	-----TACTCGATT--CACTTTGCGTGT--AGATTTGCCGCGAGATCA---ATTCT	
Clon_DP8	-----CTTTGTA-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_DP1	-----CTTTGTA-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_DP7	-----CTTTGTA-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_DP3	-----CTTTGTA-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_DP6	-----CTTTGTA-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_DP9	-----CTTTGTT-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_DP2	-----CTTTGTA-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_DP4	-----CTTTGTA-GC--ACGTTTCATT-----	20
Clon_DP10	-----CTTTGTA-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_DP5	-----CTTTGTA-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM4	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM21	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM2	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM23	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM3	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM24	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM22	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM1	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM6	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_EM5	-----CTTTGTC-GC--ACATTCACCT-----	
Clon_GD1	GCTTGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_GD10	GTTTGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_GD2	---TGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	30
Clon_GD5	---TGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_GD3	GTTTGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_GD12	---TGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_GD7	GTTTGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_GD9	GTTTGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_GD8	GTTTGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_GD13	GTTTGTTCAATGTTGTGATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD5	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD13	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD14	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD1	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD11	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD3	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD2	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	40
Clon_LD12	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD8	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
Clon_LD15	-----GATCGGGTTCTGTGCAC--GCGTTTAATT-----	
* *		
Clon_DM1	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DM21	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DM6	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DM20	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DM9	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DM12	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	

【表 1 - 40】

Clon_DM7	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DM11	-----TGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DM14	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DMA	-----GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF1	-----TAGAA-GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF6	-----TAGAA-GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF4	-----TAAAA-GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF26	-----TAAAA-GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF4_50	-----TAGAA-GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF19	-----TAGAA-GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF3	-----TAAAAAGGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF5	-----TAGAA-GGGTATTTAGCATTTTC-----CAGCT	
Clon_DF2	-----TAGAA-GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DF7	-----TAGAA-GGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_AS15	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS14	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS20	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS13	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS10	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS11	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS2	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS12	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS1	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_AS16	A-GGTATTTGGATGTAGG--GCTTTTGACACTACATGTCAA-----AATGCTT	
Clon_BT8	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_BT9	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_BT16	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_BT3	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_BT14	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_BT17	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_BT13	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATA	
Clon_BT1	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_BT10	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_BT15	A-----ACGTG-----CATTACA-----GATC	
Clon_TPA1_20	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTGCCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_22	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTGCCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_29	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTGCCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_28	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTGCCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_26	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTGCCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_21	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_36	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_27	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTGCCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_23	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTGCCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TPA1_1	GTGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTGCCTGTCAGT-----CAAGCACCT	
Clon_TF22	GCAGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_TF24	GCAGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTATCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_TF3	GCGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_TF2	GCGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_TF23	GCGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_TF1	GCGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCGCCT	
Clon_TF4	GCGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_TF7	GCGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_TF15	GCGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_TF14	GCGGTAGTCTAATGTAGGGGGCTTCTGACACTACCTGTCAGT-----TTAGCACCT	
Clon_DP8	-----CACAAAGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP1	-----CACAAAGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP7	-----CACAAAGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP3	-----CACAAAAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP6	-----CACAAAGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP9	-----CACAAAGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP2	-----CACAAAAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP4	-----CACAAAGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP10	-----CACAAAAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_DP5	-----CACAAAGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_EM4	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	
Clon_EM21	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT	

10

20

30

40

【表 1 - 4 1】

Clon_EM2	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT
Clon_EM23	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT
Clon_EM3	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT
Clon_EM24	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT
Clon_EM22	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT
Clon_EM1	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT
Clon_EM6	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT
Clon_EM5	-----C--AGGAGGTATTTAGCGTTTC-----CAGCT
Clon_GD1	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD10	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD2	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD5	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD3	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD12	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD7	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD9	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD8	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_GD13	-----ACGC--AGGGCTTTTGGCACATCATGTCAAT-TGCTTGAAATTGCACTA
Clon_LD5	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD13	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD14	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD1	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD11	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD3	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD2	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD12	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD8	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA
Clon_LD15	-----ACGCGCAGGGCTTATGGCACAACATGCCATTATGCCTGGA-TTGCAACA

10

20

*

Clon_DM1	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DM21	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DM6	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DM20	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DM9	AGACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DM12	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DM7	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DM11	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DM14	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DMA	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CTTG
Clon_DF1	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF6	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF4	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF26	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF4_50	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF19	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF3	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF5	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF2	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_DF7	AAACAACCCAG-----AATGTGTGC-----CATG
Clon_AS15	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCT-AGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS14	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCT-AGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS20	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCTTAGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS13	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCTTAGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS10	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCTTAGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS11	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCTTAGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS2	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCT-AGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS12	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCTTAGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS1	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCT-AGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_AS16	GAGCAATTAGATCGGGTACCATCTTCTTAGGTG-GAACCAATGTATGT-----TTGCCTT
Clon_BT8	GGACAATTGAA-----CATT-----ATGTATGT-----TCACTT-
Clon_BT9	GGACAATTGAA-----CATT-----ATGTATGT-----TCACTT-
Clon_BT16	GGACAATTGAA-----CATT-----ATGTATGT-----TCACTT-
Clon_BT3	GGACAATTGAA-----CATT-----ATGTATGT-----TCACTT-
Clon_BT14	GGACAATTGAA-----CATT-----ATGTATGT-----TCACTT-
Clon_BT17	GGACAATTGAA-----CATT-----ATGTATGT-----TCACTT-

30

40

【表 1 - 4 2】

Clon_BT13	GGACT-TTGAA-----CATT-----A---ATGT-----TCACCTT-	
Clon_BT1	GGACAATTGAA-----CATT-----ATGTATGT-----TCACCTT-	
Clon_BT10	GGACT-TTGAA-----CATT-----A---ATGT-----TCACCTT-	
Clon_BT15	GGACAATTGAA-----CATT-----ATGTATAT-----TCACCTT-	
Clon_TPA1_20	GAGCACTGTGT-CG--CATCGATGC--CAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TPA1_22	GAGCACTGTGT-CA--CATCGATGCACCAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TPA1_29	GAGCACTGTGT-CA--CATCGATGCACCAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TPA1_28	GAGCACTGTGT-CA--CATCGATGCACCAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TPA1_26	GAGCACTGTGT-CA--CATCGATGCACCAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TPA1_21	GAGCACTGTGT-CA--CATCGATGC--CAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TPA1_36	GAGCACTGTGT-CG--CATCGATGCACCAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CAAT	
Clon_TPA1_27	GAGCACTGTGT-CA--CATCGATGCACCAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TPA1_23	GAGCACTGTGT-CA--CATCGATGCACCAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TPA1_1	GAGCACTGTGT-CG--CATCGATGC--CAAGCGCTTAAAGCTGTGCGC--GTCTC-CA-T	
Clon_TF22	GAGCACTGTGT-CA--CATCGCTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF24	GAGCACTGTGT-CA--CATCGCTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF3	GAGCACTGTGT-CA--CATCGTTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF2	GAGCACTGTGT-CA--CATCGCTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF23	GAGCACTGTGT-CA--CATCGCTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF1	GAGCACTGTGT-CA--CATCGCTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF4	GAGCACTGTGT-CA--CATCGCTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF7	GAGCACTGTGT-CA--CATCGTTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF15	GAGCACTGTGT-CA--CATCGCTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_TF14	GAGCACTGTGT-CA--CATCGCTGC--TGCGCA-TCAAAACTGTGCAAATTTCTCACTAT	
Clon_DP8	AAACACCTCGA-----ATGTGTGC-----CTTG	10
Clon_DP1	AAACACCTCGA-----ATGTGTGC-----CTTG	
Clon_DP7	AAACACCTTGA-----ATGTGTGC-----CTTG	20
Clon_DP3	AAACACCTTGA-----ATGTGTGC-----CTTG	
Clon_DP6	AAACACCTTGA-----ATGTGTGC-----CTTG	
Clon_DP9	AAACACCTTGA-----ATGTGTGC-----CTTG	
Clon_DP2	AAACACCTTGA-----ATGTGTGC-----CTTG	
Clon_DP4	AAACACCTCGA-----ATGTGTGC-----CTTG	
Clon_DP10	TAACACCTTGA-----ATGTGTGC-----CTTG	
Clon_DP5	AAACACCTTGA-----ATGTGTGC-----CTTG	
Clon_EM4	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_EM21	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_EM2	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_EM23	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_EM3	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_EM24	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_EM22	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	30
Clon_EM1	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_EM6	AAACGCCCTGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_EM5	AAACGCCCGGA-----ATGTGTGC-----CTTT	
Clon_GD1	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD10	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD2	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD5	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD3	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD12	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD7	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD9	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD8	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_GD13	GAATATTCCAAACTG--ATCATACAAGTATGA----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD5	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	40
Clon_LD13	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD14	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD1	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD11	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD3	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD2	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD12	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD8	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	
Clon_LD15	GAATATTCCAAACCG--ATCAT--AACTGA-----CAATATGTGC-----TTCTGA	

*

【表 1 - 4 3】

Clon_DM1	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DM21	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DM6	TAT-A-----TCGC-----
Clon_DM20	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DM9	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DM12	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DM7	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DM11	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DM14	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DMA	TAT-A-----TTGC-----
Clon_DF1	TATGA-----TTAC-----
Clon_DF6	TATGA-----TTAC-----
Clon_DF4	TATGA-----TAAC-----
Clon_DF26	TATGA-----TAAC-----
Clon_DF4_50	TATGA-----TTAC-----
Clon_DF19	TATGA-----TTAC-----
Clon_DF3	TATGA-----TTAC-----
Clon_DF5	TATGA-----TTAC-----
Clon_DF2	TATGA-----TTAC-----
Clon_DF7	TATGA-----TTAC-----
Clon_AS15	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACC-TTTACT
Clon_AS14	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACC-TTTACT
Clon_AS20	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACA-TTTACT
Clon_AS13	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACA-TTTACT
Clon_AS10	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACA-TTTACT
Clon_AS11	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACC-TTTACT
Clon_AS2	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACC-TTTACT
Clon_AS12	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACA-TTTACT
Clon_AS1	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACC-TTTACT
Clon_AS16	TACATTT--CAGTCTCGAATGGTTAATGCAACA---TTTAA-TGCTTGTACA-TTTACT
Clon_BT8	-----A---TTGA-----
Clon_BT9	-----A---TTGA-----
Clon_BT16	-----A---TTGA-----
Clon_BT3	-----A---TTGA-----
Clon_BT14	-----A---TTGA-----
Clon_BT17	-----A---TTGA-----
Clon_BT13	-----A---TTGAG-----
Clon_BT1	-----A---TTGA-----
Clon_BT10	-----A---TTGAG-----
Clon_BT15	-----A---TTGAG-----
Clon_TPA1_20	TACAAT---CAGACTCGGATGA-----AGCC---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_22	TACAAT---CAGACTCGGATGA-----AGCC---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_29	TACAAT---CAGACTCGGATGA-----AGCC---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_28	TACAAT---CAGACTCAGATGA-----AGCA---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_26	TACAAT---CAGACTCAGATGA-----AGCA---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_21	TACAAT---CAGACTCAGATGA-----AGCA---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_36	TACAAT---CAGACTCGGATGA-----AGTA---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_27	TACAAT---CAGACTCAGATGA-----AGCA---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_23	TACAAT---CAGACTCGGATGA-----AGCC---CTCG---TAACGA-----
Clon_TPA1_1	TACAAT---CAGACTCAGATGA-----AGCA---CTCG---TAACGA-----
Clon_TF22	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_TF24	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_TF3	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_TF2	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTTG---TAACG-----
Clon_TF23	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_TF1	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_TF4	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_TF7	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_TF15	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_TF14	TACATT---CAGACTCGGATGA-----AGCA---CTCG---TAACG-----
Clon_DP8	CTTAA-----CCAA-----
Clon_DP1	CTTAA-----CCAA-----
Clon_DP7	CATAA-----CCAA-----
Clon_DP3	TATAA-----CCAA-----
Clon_DP6	CATAA-----CCAA-----
Clon_DP9	TATAA-----CCAGT-----

10

20

30

40

【表 1 - 4 4】

Clon_DP2	TATAA-----CCAAT-----	
Clon_DP4	TATAA-----CCGGT-----	
Clon_DP10	TATAA-----CCAA-----	
Clon_DP5	CATAA-----CCAA-----	
Clon_EM4	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM21	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM2	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM23	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM3	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM24	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM22	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM1	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM6	TGCTA-----CTT-----	
Clon_EM5	TGCTA-----CTT-----	
Clon_GD1	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----ATTCTCA-ATT	
Clon_GD10	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----ATTCTCA-ATT	
Clon_GD2	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----GCTAAAACAAT	
Clon_GD5	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----GCTAAAACAAT	
Clon_GD3	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----GCTAAAACAAT	
Clon_GD12	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----GCTAAAACAAT	
Clon_GD7	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----GCTAAAACAAT	
Clon_GD9	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----GCTAAAACAAT	
Clon_GD8	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----ATTCTCA-ATT	
Clon_GD13	TACGAT-----ACTTTGGTGAAA-----CATA-----GCTAAAACAAT	
Clon_LD5	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD13	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD14	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD1	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD11	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD3	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD2	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD12	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD8	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
Clon_LD15	TACATTT---GAAATTTGGTGGA-----TTTGTTCGTATGTTGTGTTCTT	
10		
20		
Clon_DM1	CAACAT---GGATG-----AGCATTGTAGAATGTATAACTTTAAATT	
Clon_DM21	CAACAT---GGATG-----AGCATTGTAGAATGTATAACTTTAAATT	
Clon_DM6	CAACAT---GGATT-----AGTATTGTAGAATTTGTAACCTTTAAATT	
Clon_DM20	CAACAT---GGATG-----AGCATTGTAGAATGTATAACTTTAAATT	
Clon_DM9	CAACAT---GGATT-----AGTATTGCG----TGTAATTGCAATT	
Clon_DM12	CAACAT---GGATT-----AGTATTGCG----TGTAATTGCAATT	
Clon_DM7	CAACAT---GGATT-----AGTATTGCG----TGTAATTGCAATT	
Clon_DM11	CAACAT---GGATG-----AGCATTGTAGAATGTATAACTTTAAATT	
Clon_DM14	CAACAT---GGATT-----AGCATTGTAGAATGTATAACTTTAAATT	
Clon_DMA	CAACAT---GGATT-----AGTATTGCG----TGTAATATCAATT	
Clon_DF1	CATCAT---GGATC-----AACATT-----CAAATTTCAATT	
Clon_DF6	CATCAT---GGATC-----AACATT-----CAAATTTCAATT	
Clon_DF4	CATCAT---GGATC-----AATATT-----CAAATTTCAATT	
Clon_DF26	CATCAT---GGATC-----AATATT-----CAAATTTCAATT	
Clon_DF4_50	CATGAT---GGATT-----AACATT-----CAAATTAGAATT	
Clon_DF19	CATGAT---GGATT-----AACATT-----CAAATTAGAATT	
Clon_DF3	CATCAT---GGATC-----AATATT-----CAAATTACAATT	
Clon_DF5	CATAAT---GGATC-----AATATT-----CAAATTTCAATT	
Clon_DF2	CATGAT---GGATT-----AACATT-----CAAATTAGAATT	
Clon_DF7	CATGAT---GGATC-----AATATT-----CAAATTACTATT	
Clon_AS15	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS14	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS20	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS13	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS10	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS11	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS2	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS12	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS1	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
Clon_AS16	TGAGAA---GTGTCA-CAATAGTTTAC-CCTTACTAGTAGAGA---CTTGACCGTAAAAC	
30		
40		

【表 1 - 4 5】

Clon_BT8	-AAAAA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT9	-AAAAA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT16	-AAGGA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT3	-GAAAA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT14	-GAAAA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT17	-AAAAA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT13	-AAAAA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT1	-GAAAA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT10	-AAAAA---AC-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_BT15	-AAAAA---C-TC--CAATA-----ACAA-----ACAACAAAA-	
Clon_TPA1_20	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_22	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_29	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_28	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_26	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_21	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_36	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_27	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_23	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TPA1_1	TGAACT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACTGCACATT	
Clon_TF22	TGAATT---GTGTT--TA-----CAC--GCTAAAACTTTG-----CATACT---TTG	
Clon_TF24	TGAATT---GTGTT--TA-----CAC--GCTAAAACTTTG-----CATACT---TTG	
Clon_TF3	TGAATT---GTGTT--TA-----CAC--GCTAAAACTTTG-----CATACT---TTG	
Clon_TF2	TGAATT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACT---TTG	
Clon_TF23	TGAATT---GTGTT--TA-----CG---CTAAAACTTTG-----CATACTAAACTG	
Clon_TF1	TGAATT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACT---TTG	
Clon_TF4	TGAATT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACT---TTG	
Clon_TF7	TGAATT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACT---TTG	
Clon_TF15	TGAATT---GTGTT--TA-----CA---CTAAAACTTTG-----CATACT---TTG	
Clon_TF14	TGAATT---GTGTT--TA-----CG---CTAAAACTTTG-----CATACTAAACTG	
Clon_DP8	--AATA---TAGTCG--CAA-----ATCATTGTC-----CAAAACAAAAC-	
Clon_DP1	--AATA---TAGTCG--CAA-----ATCATTGTC-----CAAAACAAAAC-	
Clon_DP7	--AGTA---TAGTTG--CAA-----ATCATTGTA-----CAAATCAAAAC-	
Clon_DP3	--AGTA---TAGTCG--CAA-----ATCATTGTC-----CAA--TAAAA-	
Clon_DP6	--AGTA---TAGTCG--CAA-----ATCATTGTA-----CAAATCAAAAC-	
Clon_DP9	-CAAAA---TGGTTGACAA-----ATAAT-GTA-----CCA---ATC-	
Clon_DP2	-CAAAA---TGGTTGACAA-----ATCAATGT-----CCAAT--AAAA-	
Clon_DP4	-CAAAA---TGGTTGACAA-----ATCAATGTA-----CCAAT-----C-	
Clon_DP10	--AGTA---TAGTCG--CAA-----ATCATTGT-----CCAAT--AAAA-	
Clon_DP5	--AGTA---TAGTCG--CAA-----ATCATTGTA-----CAAATCAAAAC-	
Clon_EM4	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----CCAAAACAAAT-	
Clon_EM21	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----CCAAAACAAAT-	
Clon_EM2	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----CCAAAACAAAT-	
Clon_EM23	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----CCAAAACAAAT-	
Clon_EM3	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----GCAAAACAAAT-	
Clon_EM24	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----GCAAAACAAAT-	
Clon_EM22	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----CCAAAACAAAT-	
Clon_EM1	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----CCAAAACAAAT-	
Clon_EM6	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----CCAAA--AAAT-	
Clon_EM5	----TC---AAGTCAACAG-----ATCATTGTT-----CCAAA--AAAT-	
Clon_GD1	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD10	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD2	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD5	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD3	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD12	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD7	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD9	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD8	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_GD13	CCAAGT---GTGT-ATGGG-----CT--AATTTTT-----TAG--CGCATATG	
Clon_LD5	TCATTT--TGTGTGATTGA-----TTGTAATTATT-----GTGATTACAATTG	
Clon_LD13	TCATTT--TGTGTGATTGA-----TTGTAATTATT-----GTGATTACAATTG	
Clon_LD14	TCATTT--TGTGTGATTGA-----TTGTAATTATT-----GTGATTACAATTG	
Clon_LD1	TCATTT--TGTGTGATTGA-----TTGTAATTATT-----GTGATTACAATTG	
Clon_LD11	TCATTT--TGTGTGATTGA-----TTGTAATTATT-----GTGATTACAATTG	
Clon_LD3	TCATTT--TGTGTGATTGA-----TTGTAATTATT-----GTGATTACAATTG	

10

20

30

40

【表 1 - 4 6】

Clon_LD2	TCATTTGTTGTGTAATTGA-----TTGTAATTATT-----GTGATTACAATTG
Clon_LD12	TCATCT--TGTGTGATTGA-----TTGTAATTATT-----GTGATTACAATTG
Clon_LD8	TCATTTGTTGTGTAATTGA-----TTGTAATTTTT-----TACAATTG
Clon_LD15	TCATTTGTTGTGTAATTGA-----TTGTAATTTTT-----TACAATTG

*

*

Clon_DM1	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DM21	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DM6	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DM20	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DM9	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DM12	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	10
Clon_DM7	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DM11	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DM14	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DMA	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF1	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF6	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF4	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF26	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF4_50	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF19	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF3	-----GTCTATATT CGATCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF5	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF2	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_DF7	-----GTCTATATT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	20
Clon_AS15	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS14	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS20	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS13	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS10	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS11	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS2	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS12	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS1	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_AS16	AG-TCAGTATCTTCTGGT-GTTAACCTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT8	---TCA---AAGTTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT9	---TCA---AAGTTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT16	---TCA---AAATTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT3	---TCA---AATTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	30
Clon_BT14	---TCA---AATTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT17	---TCA---AAGTTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT13	---TCA---AAGTTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT1	---TCA---AAGTTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT10	---TCA---TTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_BT15	---TCA---AAATTTT---GTCAAA-TT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_20	GATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_22	GATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_29	GATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_28	GATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_26	GATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_21	-ATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_36	-ATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_27	GATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TPA1_23	GATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	40
Clon_TPA1_1	GATTTGT---GCAGTTGTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF22	TG--CA----GATGT-GTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF24	TG--CA----GATGT-GTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF3	TGTGCA----GTTGT--TTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF2	TG--CA----GATGT-GTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF23	TG--CA----GTTGT--TTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF1	TG--CA----GATGT-GTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF4	TG--CA----GATGT-GTTGTTAACTTT CGACCTCAGGTCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF7	TG--CA----GATGT-GTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF15	TG--CA----GATGT-GTTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_TF14	TG--CA----GTTGT--TTGTTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	

【表 1 - 47】

Clon_DP8	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP1	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP7	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP3	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP6	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP9	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP2	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP4	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP10	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_DP5	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGAATA ---	
Clon_EM4	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_EM21	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	10
Clon_EM2	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_EM23	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_EM3	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_EM24	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_EM22	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_EM1	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_EM6	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_EM5	-----GTCTAATTT CGACCTCAGATCAAGCGAGACTA ---	
Clon_GD1	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_GD10	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_GD2	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_GD5	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_GD3	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_GD12	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	20
Clon_GD7	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_GD9	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_GD8	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_GD13	TTTTT-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD5	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD13	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD14	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD1	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD11	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD3	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD2	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD12	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD8	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	
Clon_LD15	ATATTG-----TTTGTAACTTT CGACCTCAGATCAAGCGAGATTA ---	30
** * ***** ** ***** **		

【実施例】

【0059】

実施例 1

単一個体からのDNA抽出：実体顕微鏡下に個体を昆虫針を用いて注意深く単離する。個体がエタノール中に保存したプールに由来する場合には、清浄なエタノール70%溶液中で1回洗浄する。各個体を氷上に配置した1.5mlマイクロチューブに入れる。

このプロトコルは、70%エタノール中の10~50の個体からのDNA抽出への適用にも成功している。この場合、遠心分離(14000 g、5 秒間)後にエタノールを除去する。

【0060】

1. 100 μ lの抽出緩衝液(Tris-HCl 10mM(pH8.0)、EDTA 25mM(pH8.0)及びNaCl 100mM)を加え、マイクロチューブに適合させたペレット乳棒(例えば、Pellet pestle, Sigma)を用いてホモジナイズする。良好な同質性が重要である。

2. 10 μ lのSDS 10%を加え(最終的に1%)、穏やかに混合する。

3. 10 μ lのプロテイナーゼ K (ストック：10mg/ml)を加え(最終的に1 mg/ml)、穏やかに混合し、37 で2時間インキュベートする。

4. 20 μ lのNaCl 5 Mを加え(最終的に約0.5M NaCl)、穏やかに混合する。

5. 15 μ lのセチルトリメチルアンモニウム ブロミド(CTAB)(ストック：NaCl 0.5 M 中CTAB 10%、62)を加え、62 で10分間インキュベートする。インキュベーションの間、数回穏やかに混合する。

40

50

6. 0.5容量の平衡化フェノール及び0.5容量のクロロホルム:イソアミルアルコール(24:1)を加える。2分間穏やかに混合し、11000gで3分間遠心分離する。

7. 約110 μ lの水相を注意深く取り出し、清浄なマイクロチューブに移す。0.5容量の蒸留水(～55 μ l)を加え、1容量のイソプロパノール(～170 μ l)を加え、穏やかに混合し、2分間待ち、18000gで15分間遠心分離する。

8. 遠心分離の直後にチューブを倒立させてイソプロパノールを除去する。700 μ lの70%エタノールを加えて、ペレット(一般には、視認不可)を洗浄し、18000gで15分間遠心分離する。

9. 遠心分離の直後にチューブを倒立させてエタノールを除去し、ペレットを含むチューブをベンチ上又は層流キャビネット内において乾燥させる(乾燥は1時間前に完了させるべきである)(必要以上に乾燥させない)。

10. 20 μ lのTE 0.1 \times (ストックTE 1 \times : Tris-HCl 10mM(pH8.0)及びEDTA 10 mM(pH8.0))を加える。

11. 定量する。

【0061】

ダニ培養物からのDNA抽出: 上記1、2、3、4、5、7、8において4 \times 容量を加え、上記10においてRNAase(0.1 μ g/ μ l)を加えること以外は同じプロトコルを、20mgの凍結ダニ培養物からのDNA抽出に適用する。

環境サンプル又は精製ダニ画分からのDNA抽出: 精製画分(虫体又は糞便、20mg)及び環境サンプル(50mg)からのトータルDNAの精製には、DNeasy Blood and Tissue Kit(Qiagen)を製造業者の指示に従って用いる。

【0062】

実施例 2

1又はそれより多い第1の(フォワード)プライマー及び5.8Sにハイブリダイズする単一の第2の(リバー)プライマーを用いる1ステップマルチプレックス-PCR

全ての種の培養物並びにダーマトファゴイデス プテロニシヌス及びD.ファリナエの精製画分における種の同定について試験した。

以下の種: チロファグス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ、ダーマトファゴイデス ファリナエのDNAを同定する。

【0063】

1. DNA抽出。実施例1を参照。

3. マルチプレックス-PCR

プライマー: 反応は以下の組合せを用いて行なってもよい:

a) 10のフォワード(第1)プライマー(表1を参照)とリバー(第2)プライマー-RAst5.8S(5'-TGCGTTCGAAGTCGAGT-3'; W = A又はT)との組合せセット

b) 2又はそれより多いプライマー(リバー(第2)プライマーはそのうちの1つ)の任意の組合せ。

PCR反応: 最終容量25 μ Lは以下のものを含む:

50～150ngのDNAテンプレート

1 \times PCR緩衝液II

200 μ MのdNTPミックス

0.6 μ Mのフォワードプライマーミックス[10全てを用いるこの場合、各0.06 μ M](表1)

0.6 μ Mのリバープライマー(RAst5.8S)

1.5mMのMgCl₂

0.6mg/mLの精製BSA(New England Biolabs, ref. B9001S)

1 UのAmpliTaq Gold DNAポリメラーゼ(Applied Biosystems)

PCRサイクル：95℃で10分間保持、40サイクル[30秒間、95℃；30秒間、58℃；2分間、72℃]、72℃で10分間保持。PCR産物を3%のアガロースゲル[NuSieve低融解アガロース(Lonza)：D-2アガロース(Pronadisa)、比率1:1]中で可視化する。得られた結果を図1に示す。

【0064】

表1. マルチプレックス-PCR用フォワードプライマー。リバープライマーRAst5.8Sとの組合せで各フォワードプライマーにより生成されたアンプリコンの凡そのサイズを、フォワードプライマーの名称中に示す。

10

プライマー配列(種)

F1Tf_824 GACAGAAGCTGAAAGCCGT (チロファグス ファネツハンゴルム)
 F1Ld_608 GATGTTCGAATCAATTGCTAGTG (レピドグリフス デストルクター)
 F1Gd_567 GCATACCGTGTGAAGCAGG (グリシファグス ドメスティクス)
 F1Dp_501 GATCGACTGGCAATTGTTGAC (ダーマトファゴイデス プテロニシヌス)
 F1Tp_474 CGCCATTTGACACAGTACC (チロファグス プトレセンチアエ)
 F1Bt_419 TGTGTGTGGGGGATTTTGC (プロミア トロピカリス)
 F1Em_384 GAGCCTGACAATTATCAATGTGC (ユーログリフス マイネイ)
 F1Dm_304 CGGGATGAACGTGTGGATG (ダーマトファゴイデス ミクロセラス)
 F1As_234 GTCGGTTACGGTCAAACG (アカルス シロ)
 F1Df_159 GAAACAATTGAATTGTGATTCTGC (ダーマトファゴイデス ファリナエ)

20

【0065】

実施例3

2ステップマルチプレックス-PCR

実施例2を行なった後にPCRにおいて低効率を示した環境サンプルの分析又は培養物の混入の分析に必要とされる。以下の種：チロファグス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ、ダーマトファゴイデス ファリナエのDNAを同定する。

30

【0066】

1. DNA抽出。(実施例1を参照)

2. ITS1-ITS2増幅。

プライマー：FNav(5'-AGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAG-3')及びRNav2(5'-ATATGCTTAAATTCAGCGG G-3')

PCR反応：最終容量25µLは以下のものを含む：

50～150ngのDNAテンプレート

1×PCR緩衝液II

200µMのdNTPミックス

0.4µMの各プライマー(FNav及びRNav2)

1.5mMのMgCl₂

1UのAmpliTaQ Gold DNAポリメラーゼ(Applied Biosystems)

40

PCRサイクル：95℃で10分間保持、40サイクル[30秒間、95℃；30秒間、58℃；2分間、72℃]、72℃で10分間の保持。PCR産物はゲル電気泳動後に可視化してはならない。

【0067】

3. マルチプレックス-PCR増幅。

プライマー：反応は以下の組合せを用いて行なってもよい：

a) 10のフォワードプライマー(表2を参照)とリバープライマーRAst5.8S(5'-TGCGTTCGA AWGTCGAGT-3'；W=T又はA)との組合せセット、

50

b) 2 又はそれより多いプライマー(リバー(第 2)プライマーはそのうちの 1 つ)の任意の組合せ。

PCR 反応：最終容量 25 μ L は以下のものを含む：

工程 2 で得られる PCR 産物 5 μ L (MQ 水中希釈率 1/500)

1 \times PCR 緩衝液 II

200 μ M の dNTP ミックス

0.6 μ M の フォワードプライマーミックス [各々 0.06 μ M] (表 2)

0.6 μ M の リバープライマー (RAst5.8S)

1.5mM の MgCl₂

0.6mg/mL の 精製 BSA (New England Biolabs, ref. B9001S)

1 U の AmpliTaq Gold DNA ポリメラーゼ (Applied Biosystems)

10

PCR サイクル：95 で 10 分間保持、35 サイクル [30 秒間、95 ; 60 秒間、62]、72 で 10 分間保持。PCR 産物を 3 % の アガロースゲル [NuSieve 低融解 アガロース (Lonza) : D-2 アガロース (Pronadisa)、比率 1:1] 中で可視化する。得られた結果を図 2 に示す。

【 0 0 6 8 】

表 2 . マルチプレックス-PCR 用 フォワードプライマー。リバープライマー RAst5.8S との組合せで各 フォワードプライマーにより生成された アンプリコンのサイズを、フォワードプライマーの名称中に示す。

20

プライマー配列 (括弧内は種)

F1Tf_824 GACAGAAGCTGAAAGCCGT (チロファグス ファネツハンゴルム)

F1Ld_608 GATGTTCTGAATCAATTGCTAGTG (レピドグリフス デストルクター)

F1Gd_567 GCATACCGTGTGAAGCAGG (グリシファグス ドメスティクス)

F1Dp_501 GATCGACTGGCAATTGTTGAC (ダーマトファゴイデス プテロニシヌス)

F1Tp_474 CGCCATTTGACACAGTACC (チロファグス プトレセンチアエ)

F1Bt_419 TGTGTGTGGGGATTTCG (プロミア トロピカリス)

F1Em_384 GAGCCTGACAATTATCAATGTGC (ユーログリフス マイネイ)

F1Dm_304 CGGGATGAACGTGTGGATG (ダーマトファゴイデス ミクロセラス)

F1As_234 GTCGGTTACGGTCAAACG (アカルス シロ)

F1Df_159 GAAACAATTGAATTGTGATTCTGC (ダーマトファゴイデス ファリナエ)

30

【 0 0 6 9 】

実施例 4

アレルギー原因ダニの同定用に適合させたマーカー (Ma マーカー)。

(Ma マーカー)

1 . マーカーバンドの PCR 増幅。

実施例 3 に従うが、PCR の総量を 100 μ L に増大させた (テンプレート及びポリメラーゼの単位を比例して増大させる) PCR 増幅により、各々の種の ITS1 マーカーバンドを得る。

PCR 産物の正確なサイズを検証するために、ゲル電気泳動を行なう。

40

2 . マーカーバンドミックス

a . 標準の市販キットを用いて PCR 産物を精製する。

b . 標準的方法により DNA を定量して濃度 (ng/ μ L) を得る。最小でも濃度 100ng/ μ L を得るべきである。

c . 濃度に基づいて、5 μ g の DNA を含有するであろう各 PCR 産物の容量 (μ L) を算出する。

d . 工程 c で算出した容量に、表 3 に示す対応する補正因子 (アンプリコンのサイズに基づいて容量を補正) を乗じ、得られた容量を清浄なマイクロチューブ中に導入する (各 PCR 産物につき 1 つのマイクロチューブ)。

e . 総容量 50 μ L まで MQ 水を各マイクロチューブに加え、ボルテックスにより混合する。

50

f . 全ての計算が正しいことを検証するために、アガロースゲルの異なるレーンに、工程 e で調製した各PCR産物を 1 μ l 負荷し、電気泳動させる。全てのPCR産物について類似する強度の正味バンドが観察されるべきである。

g . 全てのバンドが同じ強度を示す場合には、工程 h を行なう。

h . 幾つかのバンドの強度が低ければ、対応するマイクロチューブに 1 ~ 10 μ L の精製PCR産物を加えてDNA含量を増やす。再び、工程 f を行なう。

i . 工程 e で準備した10のマイクロチューブの内容物を単一容器内で混合し、50 μ L の標準10 x ブルーサンプル緩衝液を加える。

j . このマーカーをアガロースゲルに 5 ~ 10 μ L に負荷して使用する。

【 0 0 7 0 】

10

表 3 . 2 ステップマルチプレックス-PCRによる異なる種由来DNAの増幅によって得られたPCR産物の凡そのサイズ(実施例 3) 及びMaマーカーを製造するための補正因子。

種 PCR産物の凡そのサイズ(bp 補正因子(下線)

チロファグス ファネツハンゴルム (Tf) 824 ; 0.19

レピドグリフス デストルクター (Ld) 608 ; 0.26

グリシファグス ドメスティクス (Gd) 567 ; 0.28

ダーマトファゴイデス プテロニシヌス (Dp) 501 ; 0.32

チロファグス プトレセンチアエ (Tp) 474 ; 0.34

プロミア トロピカリス (Bt) 419 ; 0.38

ユーログリフス マイネイ (Em) 384 ; 0.41

ダーマトファゴイデス ミクロセラス (Dm) 304 ; 0.52

アカルス シロ (As) 234 ; 0.68

ダーマトファゴイデス ファリナエ (Df) 159 ; 1.00

【 0 0 7 1 】

20

実施例 5

1 又はそれより多い第 1 (リバー)プライマー及び18Sにハイブリダイズする 1 つの第 2 (フォワード)プライマーを用いる 1 ステップマルチプレックス-PCR

以下の10種：チロファグス ファネツハンゴルム、レピドグリフス デストルクター、グリシファグス ドメスティクス、ダーマトファゴイデス プテロニシヌス、チロファグス プトレセンチアエ、プロミア トロピカリス、ユーログリフス マイネイ、ダーマトファゴイデス ミクロセラス、アカルス シロ、ダーマトファゴイデス ファリナエの培養物中のD . テロニシヌス、D. ファリナエ及び/又はB. トロピカリスの種同定について試験した。

30

【 0 0 7 2 】

1 . DNA抽出。実施例 1 を参照。

3 . マルチプレックス-PCR。

プライマー：反応は以下の組合せを用いて行なってもよい：

a) 3 つのリバー(第 1)プライマー(下記表 4 を参照)とフォワード(第 2)プライマーFRibNav(5' -AGAGGAAGTAAAAAGTCGTAACAAG-3')との組合せセット、

b) 2 又はそれより多いプライマー(フォワード(第 2)プライマーはそのうちの 1 つ)の任意の組合せ。

40

PCR反応：最終容量25 μ Lは以下のものを含む：

50 ~ 150ngのDNAテンプレート

1 x PCR緩衝液II

200 μ MのdNTPミックス

0.6 μ Mのリバープライマーミックス[3 つ全てを用いるこの場合、各0.2 μ M](表 4)

0.6 μ Mのフォワードプライマー(FRibNav)

1.5mMのMgCl₂

0.6mg/mLの精製BSA(New England Biolabs, ref. B9001S)

50

1.5 U のAmpliAq Gold DNAポリメラーゼ(Applied Biosystems)

PCRサイクル：95℃で10分間保持、40サイクル[30秒間、95℃；30秒間、58℃；2分間、72℃]、72℃で7分間保持。PCR産物を3%のアガロースゲル[NuSieve低融解アガロース(Lonza)：D-2アガロース(Pronadisa)、比率1:1]中で可視化する。得られた結果を図6に示す。

【0073】

表4. マルチプレックス-PCR用のリバーシ(第1)プライマー。フォワードプライマーFRibNavとの組合せで各リバーシプライマーにより生成されたアンプリコンの凡そのサイズを、リバーシプライマーの名称中に示す。

10

プライマー配列(種)

R1Dp_181 GCTTTCAATAACCTCATCAGTGTC (ダーマトファゴイデス プテロニシヌス)

R1Bt_347 CCATCACTAAAGGACAGAACCGC (プロミア トロピカリス)

R1Df_419 CTCCAGCAATCGAATTATGCTC (ダーマトファゴイデス ファリナエ)

【0074】

参考文献

Cruickshank RH (2002) "Molecular markers for the phylogenetics of mites and ticks". System Appl Acarol 7:3-14.

Lava Kumar, P., Fenton, B., Jones, A. T. (1999) Identification of Cecidophyopsis mites (Acari: Eriophyidae) based on variable simple sequence repeats of ribosomal DNA internal transcribed spacer-1 sequences via multiplex PCR. Insect Molecular Biology. 1999;8(3);347-357

20

Navajas, M., Lagnel, J., Fauvel, G. & de Moraes, G. (1999) Sequence variation of ribosomal internal transcribed spacers (ITS) in commercially important Phytoseiidae mite. Experimental and Applied Acarology, 23, 851-859.

Noge K, Mori N, Tanaka C, Nishida R, Tsuda M, Kuwahara Y. Identification of astigmatid mites using the second internal transcribed spacer (ITS2) region and its application for phylogenetic study. Exp Appl Acarol. 2005;35:29-46.

Spieksma FTM, "Identification of house-dust mites", Aerobiologia 1990; 187-192

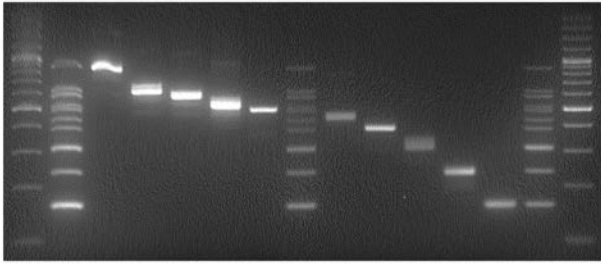
30

Suarez-Martinez EB, Montealegre F, Sierra-Montes JM. Molecular identification of pathogenic house dust mites using 12S rRNA sequences. Electrophoresis. 2005;26:2927-34.

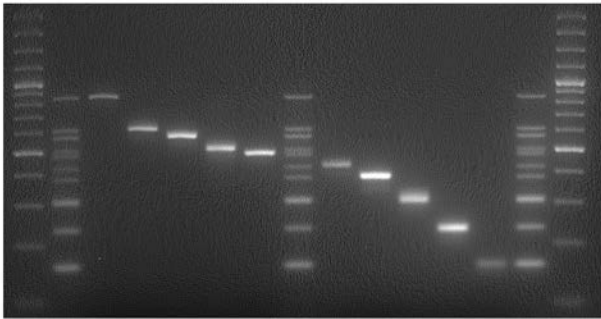
Thet-Em T, Tungtrongchitr A, Tiewcharoen S, Malainual N., "Multiplex PCR for identifying common dust mites species (D. pteronyssinus, D. farinae and B. tropicalis)", Asian Pac J Allergy Immunol 2012;30:224-30.

Wong SF, Chong AL, Mak JW, Tan J, Ling SJ, Ho TM. "Molecular identification of house dust mites and storage mites". Exp Appl Acarol. 2011;55:123-33.

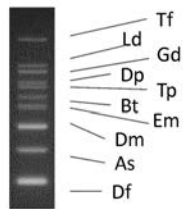
【 図 1 】



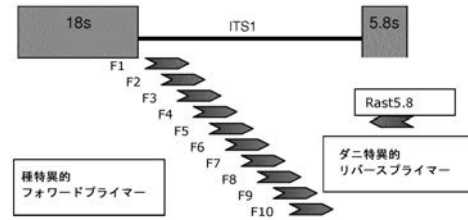
【 図 2 】



【 図 3 】



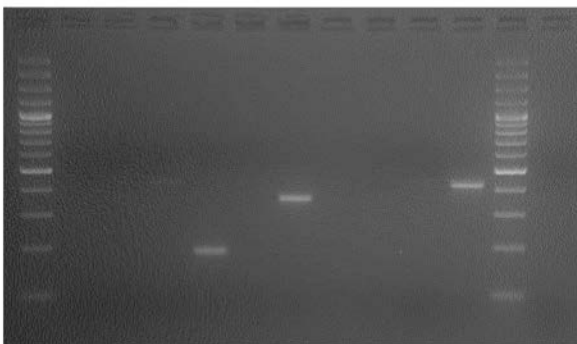
【 図 4 】



【 図 5 】



【 図 6 】



【配列表】

2016524906000001.app

【 国際調査報告 】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/EP2014/065276

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

INV. C12Q1/68

ADD.

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

EPO-Internal, BIOSIS, EMBASE, FSTA, WPI Data, Sequence Search

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>JP 2008 035773 A (TOYO KOHAN CO LTD; TOYO SEIKAN KAISHA LTD; UNIV KYUSHU) 21 February 2008 (2008-02-21) cited in the application sequences 1, 2, 3, 9, 10, 11, 17 example 1 figure 1</p> <p style="text-align: center;">----- -/--</p>	<p>1-41, 43-57</p>

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C.☒ See patent family annex.

* Special categories of cited documents :

A document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

E earlier application or patent but published on or after the international filing date

L document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

O document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

P document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

Y document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

& document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

12 January 2015

Date of mailing of the international search report

20/01/2015

Name and mailing address of the ISA/

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel: (+31-70) 340-2040,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Ripaud, Leslie

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/EP2014/065276

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>DATABASE EMBL [Online]</p> <p>22 March 2004 (2004-03-22), "Acarus siro clone 01G 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; and internal transcribed spacer 2, complete sequence.", XP055086081, retrieved from EBI accession no. EM_STD:AY525579 Database accession no. AY525579 the whole document</p> <p>-----</p>	26-30, 32-36
X	<p>DATABASE EMBL [Online]</p> <p>1 June 2007 (2007-06-01), "GDBE19 Glycyphagus domesticus cDNA library Glycyphagus domesticus cDNA, mRNA sequence.", XP055086168, retrieved from EBI accession no. EM_EST:C0437158 Database accession no. C0437158 the whole document</p> <p>-----</p>	26-30, 32-36
X	<p>DATABASE EMBL [Online]</p> <p>1 January 2006 (2006-01-01), "BT1407 Blomia tropicalis cDNA library Blomia tropicalis cDNA, mRNA sequence.", XP055086171, retrieved from EBI accession no. EM_EST:CB283136 Database accession no. CB283136 the whole document</p> <p>-----</p>	26-30, 32-36
X	<p>Anonymous: "Thermo Scientific GeneRuler 100 bp DNA Ladder", 2012, XP055086137, Retrieved from the Internet: URL:http://www.thermoscientificbio.com/uploadedFiles/Resources/SM024_TS_6.pdf [retrieved on 2013-10-30] the whole document</p> <p>-----</p>	42
X	<p>US 2010/024048 A1 (VAZQUEZ CARMEN ARTEAGA [ES] ET AL) 28 January 2010 (2010-01-28) paragraphs [0161] - [0183]</p> <p>-----</p> <p style="text-align: center;">-/--</p>	51

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/EP2014/065276

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	KOJI NOGE ET AL: "Identification of astigmatid mites using the second internal transcribed spacer (ITS2) region and its application for phylogenetic study", EXPERIMENTAL AND APPLIED ACAROLOGY, KLUWER ACADEMIC PUBLISHERS, DO, vol. 35, no. 1-2, 1 February 2005 (2005-02-01), pages 29-46, XP019229166, ISSN: 1572-9702, DOI: 10.1007/S10493-004-1953-0 page 37, paragraph 2nd full -----	40
X	Thatsanee Thet-Em ET AL: "Multiplex PCR for identifying common dust mites species (Dermatophagoides pteronyssinus, Dermatophagoides farinae and Blomia tropicalis)", Asian Pacific journal of allergy and immunology / launched by the Allergy and Immunology Society of Thailand, 1 September 2012 (2012-09-01), page 224, XP055086200, Thailand Retrieved from the Internet: URL:http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23156853 page 225, left-hand column, paragraph 4th full page 226, left-hand column, paragraph 1st-2nd table 1 -----	1-41, 43-57
X	DATABASE EMBL [Online] ----- 7 February 2013 (2013-02-07), "Sequence 57 from Patent EP2464729.", XP55141057, retrieved from EBI accession no. EM_PAT:JA889461 Database accession no. JA889461 the whole document -----	26-30, 32-36
X	DATABASE Geneseq [Online] ----- 28 April 2011 (2011-04-28), "First-stage assembly vector construction related PCR reverse primer #73.", XP55141066, retrieved from EBI accession no. GSN:AZG25583 Database accession no. AZG25583 the whole document ----- -/--	26-30, 32-36

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/EP2014/065276

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>DATABASE EMBL [Online]</p> <p>1 January 2006 (2006-01-01), "BT0409 Blomia tropicalis cDNA library Blomia tropicalis cDNA, mRNA sequence.", XP55141072, retrieved from EBI accession no. EM_EST:CB282436 Database accession no. CB282436 the whole document</p> <p>-----</p>	26-30, 32-36
X	<p>DATABASE Geneseq [Online]</p> <p>1 November 2007 (2007-11-01), "Dust mite ITS1 DNA fragment, SEQ ID NO:4.", XP55141076, retrieved from EBI accession no. GSN:AJF49793 Database accession no. AJF49793 the whole document</p> <p>-----</p>	26-30, 32-36
A	<p>KIMIKO OKABE ET AL: "Ecological and morphological attributes of parthenogenetic Japanese Schwiebea species (Acari: Acaridae)", EXPERIMENTAL AND APPLIED ACAROLOGY, KLUWER ACADEMIC PUBLISHERS, DO, vol. 44, no. 2, 18 March 2008 (2008-03-18) , pages 77-88, XP019569323, ISSN: 1572-9702 the whole document</p> <p>-----</p>	1-57
A	<p>P Lava Kumar ET AL: "Identification of Cecidophyopsis mites (Acari: Eriophyidae) based on variable simple sequence repeats of ribosomal DNA internal transcribed spacer-1 sequences via multiplex PCR", Insect Molecular Biology, 1 August 1999 (1999-08-01), pages 347-357, XP055086204, Oxford BSL DOI: 10.1046/j.1365-2583.1999.83123.x Retrieved from the Internet: URL:http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/104 69252 the whole document</p> <p>-----</p>	1-57

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International application No

PCT/EP2014/065276

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
JP 2008035773 A	21-02-2008	JP 5015518 B2 JP 2008035773 A	29-08-2012 21-02-2008
US 2010024048 A1	28-01-2010	AT 511751 T CN 101646338 A DK 2136619 T3 EP 2136619 A1 ES 2366353 T3 HK 1135849 A1 US 2010024048 A1 WO 2008119762 A1	15-06-2011 10-02-2010 03-10-2011 30-12-2009 19-10-2011 30-12-2011 28-01-2010 09-10-2008

フロントページの続き

(81)指定国 AP(BW, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), EA(AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), EP(AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OA(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG), AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IR, IS, JP, KE, KG, KN, KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US

(72)発明者 エルナンデス - クレスポ, ペドロ
スペイン、イー - 28040 マドリード、ラミロ ド マエストゥ、シーノオー シーアイビー
- シーエスアイシー

(72)発明者 ベロイス, ベアトリス
スペイン、イー - 28040 マドリード、ラミロ ド マエストゥ 9、シーノオー シーアイ
ビー - シーエスアイシー

(72)発明者 カスタネラ, ペドロ
スペイン、イー - 28040 マドリード、ラミロ ド マエストゥ 9、シーノオー シーアイ
ビー - シーエスアイシー

(72)発明者 オルテゴ, フェリクス
スペイン、イー - 28040 マドリード、ラミロ ド マエストゥ 9、シーノオー シーアイ
ビー - シーエスアイシー

(72)発明者 チャモロ サリリヤス, マリア ホセ
スペイン、イー - 28037 マドリード、シーノミゲル フレタ 19、シーノオー アルク -
アベッコ エス. エー.

(72)発明者 ロンバルデロ ヴェガ, マヌエル
スペイン、イー - 28037 マドリード、シーノミゲル フレタ 19、シーノオー アルク -
アベッコ エス. エー.

(72)発明者 アルテアガ バスケス, カルメン
スペイン、イー - 28037 マドリード、シーノミゲル フレタ 19、シーノオー アルク -
アベッコ エス. エー.

Fターム(参考) 4B063 QA01 QA18 QQ42 QR55 QR62 QS16 QS25 QS34 QS36 QX02